

12 de abril de 2021

Actualización de la situación epidemiológica de las variantes de SARS-CoV-2 de importancia en salud pública en España

Resumen ejecutivo de la situación e implicaciones para la salud pública

- Las variantes de interés para la salud pública son aquellas que se transmiten mejor, más virulentas (causan enfermedad más grave o mayor mortalidad) o que pueden escapar al efecto de los anticuerpos adquiridos tras infección natural o vacunación con variantes previas. Actualmente las de mayor importancia son tres: B.1.1.7 (británica), B.1.351 (sudafricana) y P.1 (brasileña). Las mutaciones más relevantes son N501Y (compartida por B.1.1.7, B.1.351 y P.1) y E484K (compartida por B.1.351 y P.1).
- Las medidas de prevención (mascarilla, distancia interpersonal, higiene de manos y ventilación) son eficaces para todas las variantes.
- La confirmación de estas variantes se realiza mediante secuenciación. Para su detección y cribado pueden utilizarse distintas técnicas de PCR.
- En España se está integrando la secuenciación en la vigilancia epidemiológica.

Variante B.1.1.7:

- Sustitución rápida de las variantes previas. Dominante en la mayor parte de los países europeos y en algunas otras localizaciones (Israel).
- Más transmisible, probablemente más letal y no parece que el escape a la inmunidad sea importante.
- La situación en España, estimada mediante marcador SGTF o PCR específica, es de diseminación amplia con aumento rápido hasta hacerse mayoritaria en todo el territorio. El rango en las distintas CCAA en la semana 13 se encuentra entre el 64,3% y el 98,8%.

Variante B.1.351:

- Extendida en Sudáfrica y países vecinos. En Europa, todavía supone un porcentaje pequeño de los casos.
- Probablemente más transmisible y posibilidad de escape a la respuesta inmune adquirida tras la infección natural o la generada por algunas vacunas.
- En España se han detectado 76 casos (30 confirmados): 4 aislados y 9 que forman parte de brotes. En 15 casos se pudo establecer la relación con viajes a África.

Variante P.1:

- Extendida en la región amazónica de Brasil. Alta prevalencia en Umbría (Italia).
- Transmisibilidad y virulencia en estudio. Posible escape a la respuesta inmune.
- En España se han detectado 35 casos: 3 esporádicos y 32 forman parte de 8 brotes. En 15 casos se pudo establecer el vínculo con viajes a América.

Introducción

Continuamente se van describiendo nuevas variantes de SARS-CoV-2. En la tabla 1 se resumen las características de las consideradas en estos momentos como principales variantes de mayor impacto en la salud pública o VOC (de sus siglas en inglés, *variants of concern*). En la tabla 2 se recogen otras variantes denominadas de interés (VOI, por sus siglas en inglés, *variants of interest*). El listado de variantes se irá actualizando de acuerdo a la importancia epidemiológica de cada una en cada momento.

Tabla 1. Variantes de SARS-CoV-2 de mayor impacto en la salud pública (VOC).

Variante	Mutaciones más relevantes	Impacto potencial para la salud pública	Dispersión geográfica
B.1.1.7	N501Y, del 69-70, P681H, Y144 del, A540D	Aumento de transmisibilidad Posible incremento de la letalidad Escaso efecto sobre la inmunidad. Ligera reducción de efectividad vacunal.	Predominante en Europa y otros países como Israel. Rápido aumento a nivel global.
B.1.351 (501.V2)	E484K, N501Y, K417N, L18F, A701V, del ORF1b	Probable aumento de transmisibilidad. Reducción de efectividad de algunas vacunas.	Sudáfrica, Zambia, Botsuana y otros países del cono sur africano; casos en numerosos países europeos. Importante presencia en Tirol (Austria) y en algunas regiones de Francia.
P.1	S: N501Y, E484K, K417T, del ORF1b	Transmisibilidad y escape a la respuesta inmune en estudio. Reducción de títulos de anticuerpos neutralizantes en sueros de vacunados.	Región de Manaus (Brasil). Casos esporádicos y brotes en otros países. Elevada prevalencia en la región de Umbría, Italia.

Tabla 2. Principales variantes de interés (VOI).

Variante	Mutaciones más relevantes	Impacto potencial para la salud pública	Dispersión geográfica
P.2	E484K	Mutaciones compatibles con reducción de la capacidad de neutralización.	Brasil (Río de Janeiro). Casos aislados en otros países, relacionados con viajes

B.1.525	E484K, F888L, 69-70 del, Q677H	Mutaciones compatibles con reducción de la capacidad de neutralización. Puede dar positivo en el cribado para SGTF	Dinamarca, RU, Países Bajos, Noruega, EEUU, Canadá. Relacionados con Nigeria
B.1.427/B.1.429	L425R, S13I, W152C	Mayor transmisibilidad y leve a moderada disminución de la capacidad de neutralización (sueros de pacientes convalecientes y de vacunados).	Aumento en noviembre-diciembre en California. Escasos casos en países europeos.
B.1.526	E484K, A701V D253G	Mutaciones compatibles con reducción de la capacidad de neutralización.	Rápida expansión en área metropolitana de Nueva York
C.16	L425R	Mutaciones compatibles con reducción de la capacidad de neutralización.	Expansión geográfica en Portugal desde noviembre
A.23.1	F157L, V367F, Q613H, P681R	Mutaciones compatibles con aumento de la transmisión	Causante de la mayor parte de casos en Uganda. Escasos casos en otros países.
VOC 202102/02	Similar a B.1.1.7 y E484K	Similar a B.1.1.7 y posible mayor escape a la respuesta inmune	Detectada por primera vez en R.U., casos aislados en otros países. Aumento en Tirol (Austria) en Marzo de 2021.
B.1.258Δ	Del 69-70, G12988T, G15598A G18028T, T24910C, T26972C	Posible aumento de la transmisibilidad. Puede dar positivo en el cribado para SGTF	Importante expansión en República Checa y Eslovaquia. Presente también en otros países vecinos.

Variantes de mayor impacto en la salud pública (VOC)

Actualmente se han detectado casos con las variantes de mayor impacto para la salud pública (VOC) en diversas CCAA. La confirmación de estos casos requiere realizar una secuenciación genómica. El número de casos secuenciados depende en gran medida de la capacidad de secuenciación de cada una de ellas por lo que no representan la prevalencia en las distintas regiones. La integración de la secuenciación en la vigilancia epidemiológica con muestreos poblacionales aleatorios está en proceso de implementación, y los resultados aún son preliminares, por lo que no se muestran en este informe. De forma paralela, se ha establecido un sistema de cribado para poder estimar la prevalencia de las distintas variantes en España. Este sistema está aportando una información muy valiosa, pero aún no permite conocer con precisión la prevalencia general.

B.1.1.7

Disponemos de datos indirectos de su evolución en nuestro territorio por cribados mediante la detección del marcador SGTF o mediante PCR específica dirigida frente a la mutación N501Y. La correlación entre estos marcadores y la variante B.1.1.7 aumenta a medida que va reemplazando a las otras variantes circulantes.

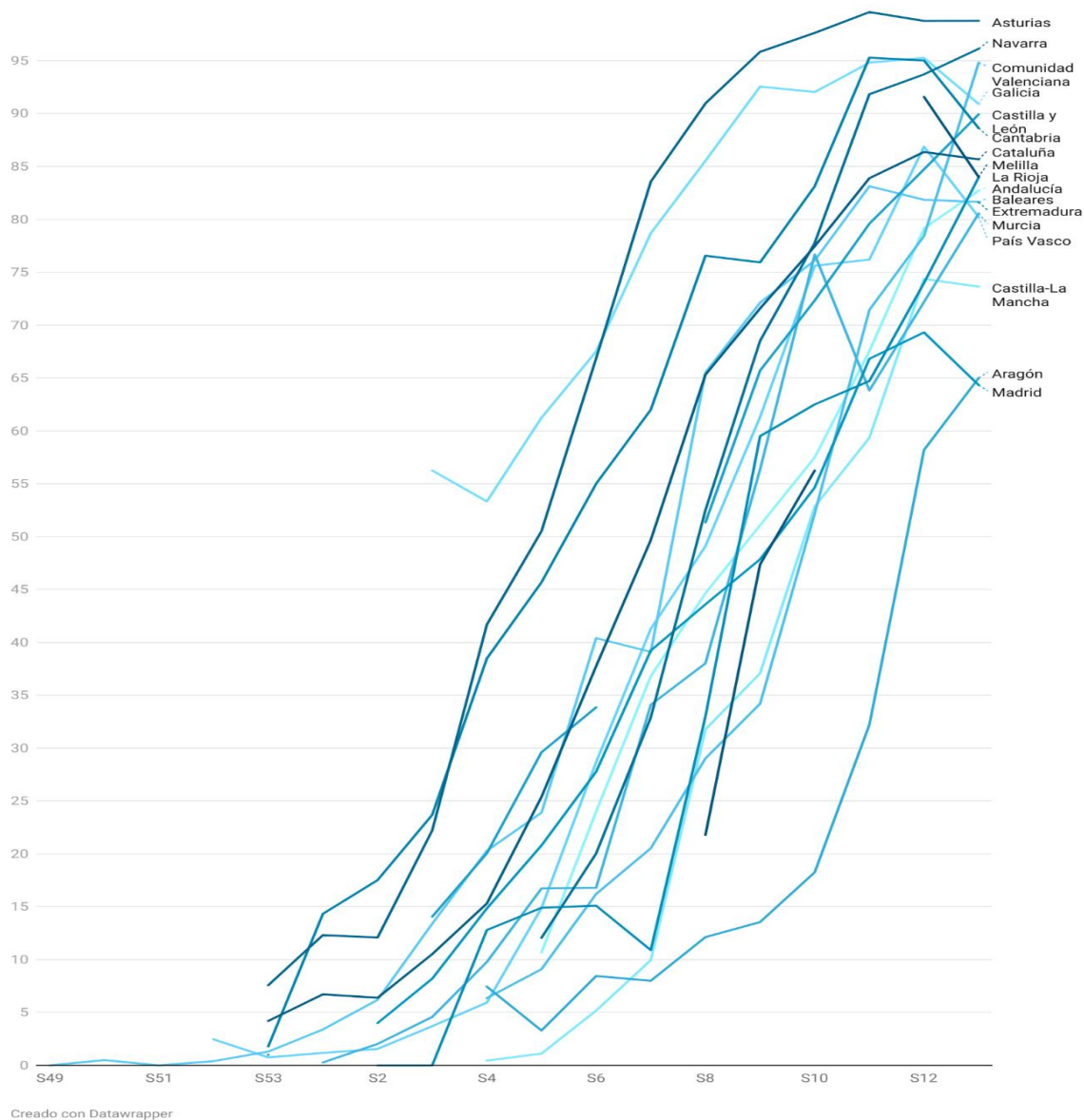
En la tabla 3 se muestran los datos más recientes de cada una de las Comunidades.

Tabla 3. Porcentaje de B.1.1.7 estimado mediante marcador SGTF o PCR específica N501Y y número de muestras realizadas con esta técnica durante las semanas epidemiológicas a las que se hace referencia

Comunidad autónoma	Última semana epidemiológica con datos disponibles	% SGTF o N501Y (n)	% semana previa (n)
Andalucía	13	89,8 (898)	82,7 (683)
Aragón	13	65 (200)	58,2 (232)
Asturias	13	98,8 (329)	98,7 (404)
Baleares	13	81,6 (278)	81,8 (294)
Canarias	-	-	-
Cantabria	13	88,6 (167)	95 (221)
Castilla-La Mancha	13	76,6 (646)	74,4 (558)
Castilla y León	13	89,9 (556)	84,7 (347)
Cataluña	13	85,7 (907)	86,4 (1871)
Ceuta	-	-	-
C. Valenciana	13	94,8 (77)	78,4 (51)
Extremadura	13	81,6 (544)	-
Galicia	13	90,9 (231)	95,3 (253)
Madrid	13	64,3 (328)	69,3 (593)
Melilla	13	84 (50)	78,6 (86)
Murcia	13	80,6 (180)	72,2 (187)
Navarra	13	96,1 (724)	93,7 (429)
País Vasco	13	80,3 (1702)	86,9 (1706)
La Rioja	13	84 (131)	74 (173)

Las series de datos nos permiten observar la evolución de la variante en distintas comunidades a lo largo de las últimas semanas (Figura 1). Actualmente no se observan diferencias importantes intra-comunitarias en las diferentes CCAA. En algunos casos se recogen parte de los datos retrospectivamente de manera que los valores de la serie pueden variar de una semana a otra.

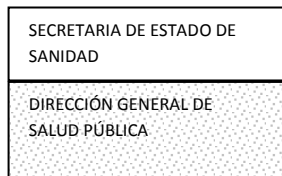
Figura 1. Evolución de los marcadores de B.1.1.7 por comunidades en las últimas semanas



Fuente: elaboración propia con datos aportados por las Comunidades Autónomas

B.1.351

Hasta la fecha se han detectado 4 casos esporádicos y 9 brotes (en los que el total de casos implicados era de 72 personas). Se han confirmado 30 de estos casos mediante secuenciación. Dos brotes y dos casos esporádicos están relacionados con viajes a Tanzania (11 casos), Camerún (2 casos), Sudáfrica (1 caso) y Guinea Ecuatorial (1 caso) respectivamente.



En 7 brotes (59 casos) y 2 casos esporádicos no se ha podido identificar ningún vínculo con las zonas de alta prevalencia. Cuatro de estos brotes han sido detectados en un mismo municipio.

P.1

Se han detectado 35 casos: 3 casos aislados y 8 brotes, con un total de 32 casos.

Un caso esporádico y 3 brotes (con un total de 8 casos) estaban relacionados con viajes a Brasil. Otro de los casos esporádicos lo estaba con un viaje a Venezuela y uno de los brotes (con 5 casos implicados) estaba relacionado con un viaje a Argentina.

En un caso esporádico y 4 brotes con 19 casos en total, no ha podido establecerse vínculo epidemiológico con Brasil u otros países de la región. Uno de los casos incluido dentro de uno de estos brotes es un caso de reinfección probable.

Variantes de interés (VOI)

La repercusión que otras variantes, diferentes a las mencionadas, puedan llegar a tener en la Salud Pública todavía se desconoce. No obstante, la combinación de mutaciones que presentan o su expansión a nivel local en ciertas localizaciones hacen recomendable el seguimiento de su situación epidemiológica en estos momentos.

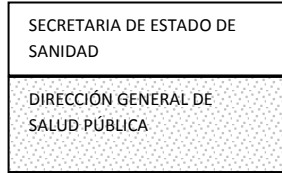
P.2: se han detectado dos casos esporádicos en viajeros procedentes de Brasil (ambos confirmados mediante secuenciación). Por otra parte, se ha detectado un brote familiar con tres casos positivos (de los cuales uno confirmado por secuenciación) y un brote hospitalario con 9 casos (todos confirmados por secuenciación) sin vínculos conocidos con Brasil.

B.1.525: en enero de 2021 se detectó un caso por secuenciación. No se tienen datos epidemiológicos de este caso.

P.1.429: se han detectado 25 casos (6 de ellos confirmados por secuenciación). Se trata de 3 casos esporádicos y tres brotes en una misma comunidad autónoma (con un total de 22 casos implicados). En ninguno de los casos se han identificado antecedentes de viaje.

C.16: se ha detectado un caso confirmado por secuenciación. No se tienen datos epidemiológicos de este caso.

A.23.1: tres casos confirmados en una misma Comunidad. Uno de ellos asociado a otro caso no secuenciado.



**Centro de Coordinación de Alertas y
Emergencias Sanitarias**

B.1.258Δ: 34 casos secuenciados hasta ahora en 5 comunidades autónomas. 16 de ellos en una misma comunidad y 5 de ellos formando parte del mismo brote junto a otros dos casos no secuenciados.

B.1.526: Se ha confirmado un caso mediante secuenciación. No se dispone de datos epidemiológicos sobre dicho caso.