



SECRETARÍA DE ESTADO DE
SANIDAD

DIRECCIÓN GENERAL DE
SALUD PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y
Emergencias Sanitarias

4 de mayo 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 más transmisibles, más virulentas o que pueden escapar al efecto de los anticuerpos adquiridos tras infección natural o vacunación con variantes previas. Las de mayor impacto para la salud pública actualmente 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 preliminar y cribado pueden utilizarse distintas técnicas de PCR.
- En España se está en proceso de integrar la secuenciación en la vigilancia epidemiológica.

Variante B.1.1.7:

- Ha sustituido a las variantes previas y es 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.
- En todas las CCAA, en la semana 16 (del 19 al 25 de abril), se identifica mediante marcador SGTF o PCR específica en la gran mayoría de los casos, con un rango entre el 79,5% y el 99,5% entre las diferentes CCAA. También en las muestras secuenciadas se encuentra esta variante en más del 90% de las analizadas.

Variantes B.1.351 y P1:

- **B.1.351:** Extendida en Sudáfrica y países vecinos. En Europa representa un porcentaje pequeño de los casos. Es probablemente más transmisible y posibilidad de escape a la respuesta inmune adquirida tras la infección natural o la generada por algunas vacunas.
- **P1:** Extendida en la región amazónica de Brasil. Alta prevalencia en Umbría (Italia) pero con extensión limitada a otros territorios. Transmisibilidad y virulencia en estudio. Posible escape a la respuesta inmune.
- En España, en la semana 16 (del 19 al 25 de abril), el porcentaje de casos compatibles con las variantes B.1.351 o P.1 estimados por PCR se encuentra en un rango entre 0,3% y 3,8%. Debido a que sólo 9 CCAA han aportado datos, aún no se puede valorar la representatividad de estas muestras respecto al total de casos.



1. 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 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 las nuevas evidencias en cuanto a impacto sobre la salud pública. En esta actualización se incluye la variante B.1.617 como una nueva variante de interés debido a su expansión en la India, su reciente detección en diversos países y la presencia de varias mutaciones con posible impacto a nivel fenotípico. Se han identificado tres sublinajes pertenecientes a B.1.617. B.1.617.1 ha experimentado una importante expansión en los últimos meses y entre las mutaciones que presenta a nivel de la espícula destacan particularmente E484Q y L452R. Aunque esta combinación de mutaciones podría relacionarse con una mayor capacidad de transmisión (L452R) y un posible escape inmunitario (tanto E484Q como L452R), no hay información suficiente para saber el impacto que pudiera estar teniendo en el aumento de la incidencia en India y los primeros estudios parecen indicar que la reducción en la capacidad de neutralización por anticuerpos sería leve. El sublinaje B.1.617.2, cuya frecuencia también ha aumentado, no presenta la mutación E484Q. Por último, el sublinaje B.1.617.3 presenta ambas mutaciones pero no parece haberse expandido geográficamente.

Se incluye también la variante B.1.621 descrita recientemente como un nuevo linaje que comparte las mutaciones N501Y y E484K con las variantes B.1.351 y P.1. Todavía no se dispone de datos sobre su repercusión aunque se sabe que la mayor parte de las muestras de este linaje almacenadas en GISAID proceden de Colombia.

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 gravedad y la letalidad Escaso efecto sobre la inmunidad previa.	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. Prevalencia algo más elevada en algunos departamentos de Francia.
P.1	S: N501Y, E484K, K417T, del ORF1b	Probable aumento de la transmisibilidad y escape a la respuesta inmune.	Región de Manaus (Brasil). Casos esporádicos y brotes en otros países. Elevada prevalencia en la región de Umbría, Italia.



Tabla 2. Variantes de interés SARS-CoV-2 (VOI).

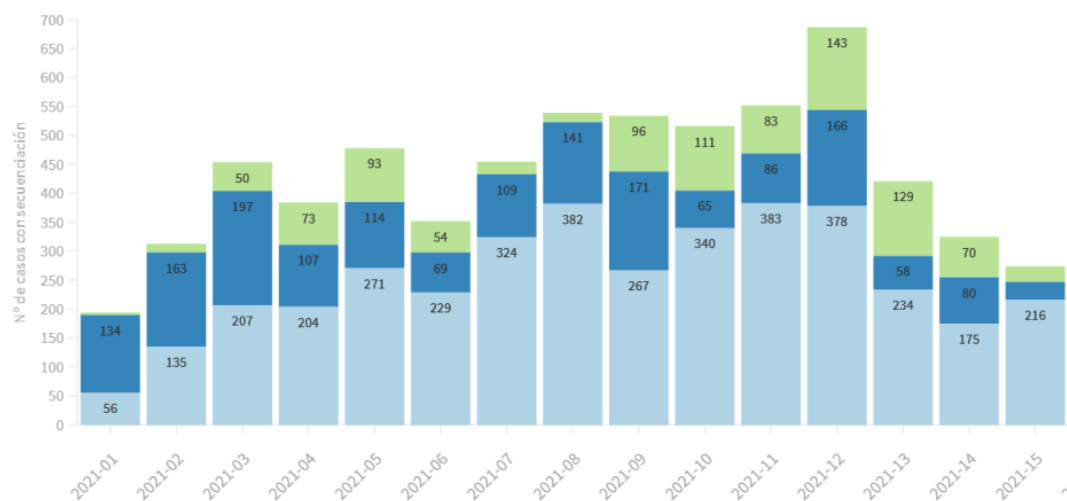
Variante	Mutaciones más relevantes	Impacto potencial para la salud pública	Dispersión geográfica
P.2	E484K	Mutaciones compatibles con escape a la respuesta inmune a variantes previas.	Brasil (Río de Janeiro). Casos aislados en otros países, relacionados con viajes
B.1.525	E484K, F888L, 69-70 del, Q677H	Mutaciones compatibles con escape a la respuesta inmune a variantes previas. 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 moderado escape a la respuesta inmune a variantes previas.	Aumento en noviembre-diciembre en California. Escasos casos en países europeos.
B.1.526	E484K, A701V D253G	Mutaciones compatibles con escape a la respuesta inmune a variantes previas.	Rápida expansión en área metropolitana de Nueva York
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.
B.1.1.7 con E484K	Similar a B.1.1.7 y E484K	Similar a B.1.1.7 y escape a la respuesta inmune	Detectada por primera vez en Reino Unido; casos aislados en otros países.
B.1.617	L452R, P618R, +/- E484Q	Mutaciones compatibles con posible escape a la inmunidad y con moderado aumento de transmisibilidad	Reciente expansión en la India coincidiendo con aumento de la incidencia. La mayoría de casos detectados en otros países, son importados.
B.1.621	R346K, E484K, N501Y	Mutaciones compatibles con aumento de la transmisibilidad y escape a la respuesta inmune a variantes previas.	La mayor parte de las secuencias proceden de Colombia.

2. Variantes de mayor impacto en la salud pública (VOC)

Información derivada de la secuenciación e integrada en SiViEs

Desde el inicio de 2021, se ha realizado en España un esfuerzo para la confirmación de la presencia de variantes de SARS-CoV-2 mediante técnicas de secuenciación. La realización de esta técnica es laboriosa, por lo que los resultados presentan mayor retraso que los cribados con PCR. Para conocer la incidencia de cada uno de los tipos de variantes de impacto para la salud pública, se lleva a cabo la secuenciación de un muestreo aleatorio de los casos en cada comunidad. Aunque todas las comunidades están llevando a cabo estas actividades de vigilancia basadas en la secuenciación, la información disponible en el Sistema de Vigilancia en España (SiViEs) es todavía limitada (figuras 1 y 2). En las semanas de la 9 a la 12, que corresponden al mes de marzo, en las que la información está más consolidada, los datos preliminares indican que el porcentaje de B.1.1.7 supera el 90% mientras que los de P.1 y B.1.351 están por debajo del 1% en 9 CCAA y dos ciudades autónomas.

Figura 1. Número de casos secuenciados asociados a muestreo aleatorio y totales en las semanas 9 a 15 en España registrados en SiViEs.



Azul claro: asociado a muestreo aleatorio; azul oscuro: no asociado a muestreo; verde: no consta

Fuente: SiViEs. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Figura 2. Número de casos secuenciados disponibles asociados a muestreo aleatorio y totales en las semanas 9 a 15 por Comunidades registradas en SiViEs.



Azul claro: asociado a muestreo aleatorio; azul oscuro: no asociado a muestreo; verde: no consta

Fuente: SiViEs. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Información derivada de los cribados mediante PCR específicas

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 alguna de sus mutaciones. 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 y número de muestras realizadas con esta técnica durante las semanas epidemiológicas a las que se hace referencia

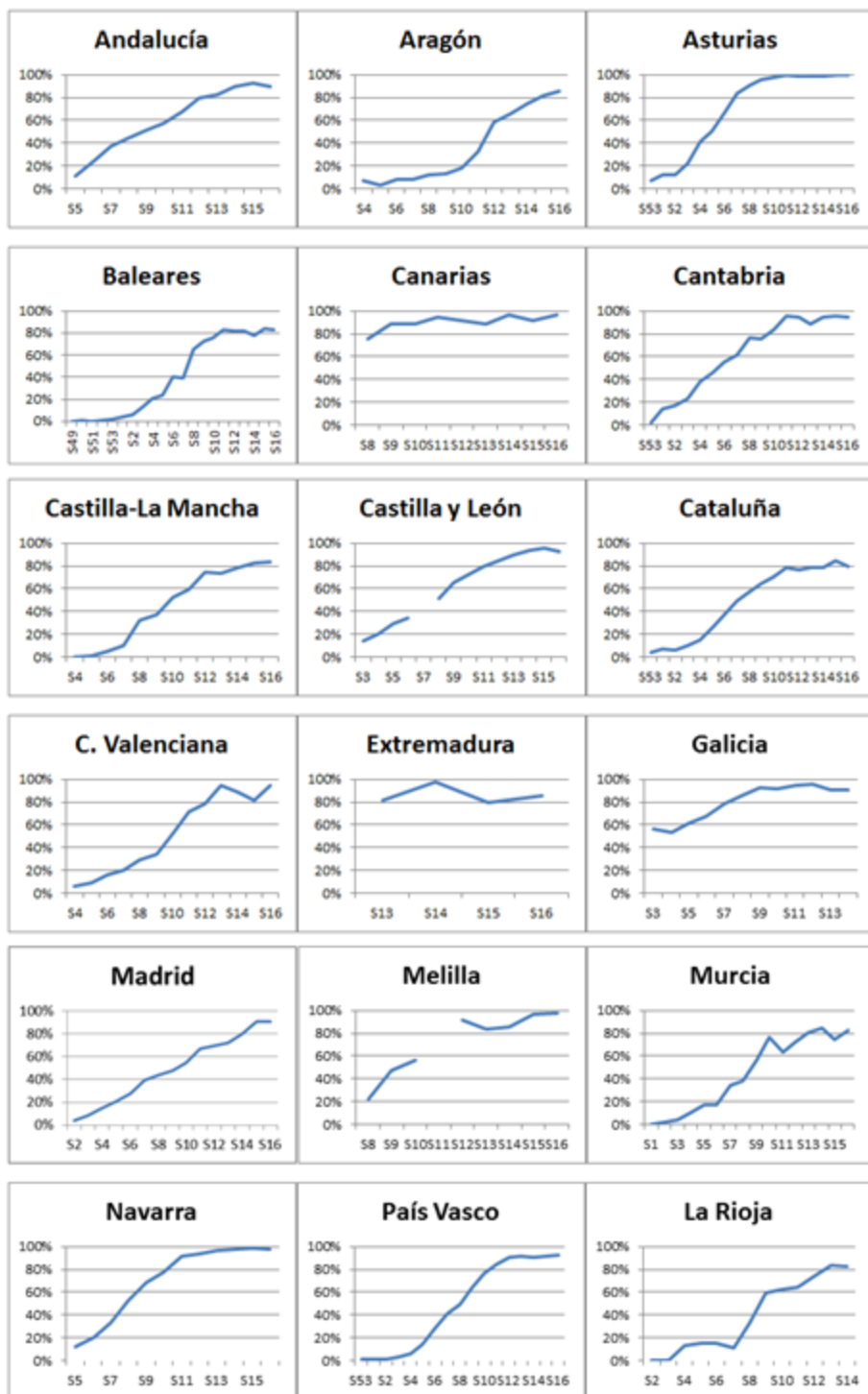
Comunidad autónoma	Última semana epidemiológica con datos disponibles	% Probable B.1.1.7 (n)	% semana previa (n)
Andalucía	16	89,7 (747)	89,6 (867)
Aragón	16	85,3(489)	81,8 (318)
Asturias	16	99,5 (425)	99,6 (516)
Baleares	16	83,1 (332)	83,6 (312)
Canarias	16	96,1 (411)	96,1 (311)
Cantabria	16	94,4 (556)	95,3 (448)
Castilla-La Mancha	16	83,5 (1388)	82,6 (1320)
Castilla y León	16	92,4 (565)	95,2 (608)
Cataluña	16	79,5 (1666)	73,7 (2305)
Ceuta*	-	-	-
C. Valenciana	16	95 (198)	81,2 (69)
Extremadura	16	85,1 (463)	80 (384)
Galicia	16	95,8 (476)	90,3 (248)
Madrid	16	90,6 (319)	90,9 (848)
Melilla	16	97,4 (116)	96,9 (96)
Murcia	16	82,6 (155)	74,6 (201)
Navarra	16	97,8 (507)	98,7 (564)
País Vasco	16	92,8 (3069)	91,8 (2896)
La Rioja	14	82,6 (167)	84 (131)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

*Los datos más completos para Ceuta son los de secuenciación. Desde enero de 2021 se han secuenciado 65 muestras, 46 de las cuales correspondían a la variante B.1.1.7.

Durante los primeros meses de 2021 todas las comunidades registraron una progresiva expansión hasta alcanzar los niveles actuales en los que se mantiene estable (figura 3). A pesar del predominio observado desde hace semanas, es importante continuar vigilando la prevalencia de B.1.1.7 mediante este método hasta disponer de información representativa de la secuenciación en todas las comunidades ya que un descenso en su prevalencia podría ser un marcador indirecto de la expansión de otras variantes.

Figura 3. 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 y P.1

Un número cada vez mayor de laboratorios está empezando a utilizar pruebas de PCR capaces de identificar muestras compatibles con variantes B.1.351 o P.1 (aunque en la mayoría de los casos no es posible diferenciar entre ambas). Los datos disponibles corresponden a 9 CCAA en las semanas 15 y 16 (tabla 4). Hay que tener en cuenta que no en todas las muestras analizadas corresponden a casos seleccionados aleatoriamente, sino en el contexto de la investigación de brotes. Por esta razón y por disponer datos de pocas CCAA, los resultados no pueden considerarse representativos a nivel nacional.

Tabla 4. Porcentaje de probables B.1.351/P.1 estimado mediante marcador PCR específica 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	% Probable B.1.351/P.1	% semana previa (n)
Aragón	16	0,3 (315)	-
Asturias	16	2,7 (259)	1,6 (351)
Canarias	16	2 (101)	-
Cantabria	16	0,4 (556)	0,4 (448)
Cataluña	16	0,1 (1666)	0,3 (2305)
Galicia	16	1,7 (354)	-
Madrid	16	3,8 (319)	2,1 (848)
Navarra	16	1,6* (507)	0,3 (564)
País Vasco	16	3,6* (3069)	4,1 (2896)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

*Navarra: 1,6% Compatible con P.1; País Vasco: 0,6% compatible con B.1.351 y 3% compatible con P.1

3. 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. A continuación, se resumen los casos y brotes notificados acumulados hasta la fecha.

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.



SECRETARÍA DE ESTADO DE
SANIDAD

DIRECCIÓN GENERAL DE
SALUD PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y
Emergencias Sanitarias

B.1.525: desde la última actualización se ha notificado un nuevo caso de esta variante. En total 41 casos acumulados, todos ellos sin relación con viajes internacionales.

B.1.429: el número de casos acumulados es de 26, la mayoría de ellos sin relación conocida con viajes.

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

B.1.526: desde la actualización se ha comunicado una nueva agrupación de tres casos sin vínculo conocido con viajes internacionales. 11 casos acumulados hasta ahora, 8 de ellos vinculados todos a viajes a países americanos.

B.1.1.7 con mutación E484K: se ha notificado un caso esporádico sin antecedente de viaje internacional.

B.1.617: Se está estudiando un brote con cuatro casos hasta el momento (2 confirmados por secuenciación pertenecientes al sublinaje B.1.617.1) que afecta a distintas CCAA y está relacionado con un caso importado de la India.

Además, se ha detectado un brote con 7 casos en el que se ha implicado el sublinaje B.1.617.2 en un barco con varios tripulantes procedentes de la India.

B.1.621: diez casos pertenecientes a este linaje han sido secuenciados en una comunidad autónoma. Todavía no se dispone de datos epidemiológicos sobre los mismos.