



SECRETARÍA DE ESTADO DE
SANIDAD

DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD
PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y
Emergencias Sanitarias

22 de febrero de 2021

Informe sobre la situación epidemiológica de la variante B.1.1.7 de SARS-CoV-2 y otras variantes de interés

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 la vacuna. Actualmente las de mayor importancia son tres: B.1.1.7 (británica), B.1.351 (Sudafricana) y P.1 (brasileña).
- Las medidas de prevención (mascarilla, distancia interpersonal, higiene de manos y ventilación) son eficaces para todas las variantes.
- Pueden detectarse mediante secuenciación o PCRs específicas y se puede realizar un cribado previo mediante PCR taqPath (sólo válido para B.1.1.7) o PCR frente a N501Y (detecta cualquiera de las tres variantes pero no discrimina entre ellas).
- En España se está integrando la secuenciación en la vigilancia epidemiológica.

Variante B.1.1.7:

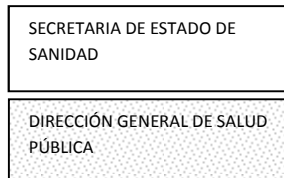
- Dominante en Reino Unido, Irlanda y se observa una rápida sustitución de las otras variantes circulantes en otros países (más de 8600 casos confirmados en 31 países europeos).
- Más transmisible, probablemente más letal y no parece que escape a la inmunidad (adquirida tras infección natural o vacunación con variantes previas) sea importante.
- La detección en España es muy variable de unas comunidades a otras y los datos indican un aumento rápido de su distribución en las últimas semanas.

Variante B.1.351:

- Extendida en Sudáfrica y países vecinos. Casos puntuales en Europa (alta prevalencia en Tirol, Austria a partir de un brote epidémico).
- Probablemente más transmisible y posibilidad de escape a la respuesta inmune adquirida tras infección natural o generada por algunas vacunas.
- En España se han detectado 15 casos (9 de ellos pertenecen a un mismo brote y otros cuatro están posiblemente relacionados entre sí).

Variante P.1:

- Extendida en la región amazónica de Brasil. Escasos casos comunicados en otros países, principalmente en viajeros.
- Pocos datos aún sobre transmisibilidad y virulencia. Posible escape a la respuesta inmune adquirida tras infección natural o generada por algunas vacunas.
- En España se ha confirmado un caso en un viajero procedente de Brasil.



Introducción

A lo largo del curso de la pandemia se han descrito numerosas variantes del SARS-CoV-2 que muestran diferencias genéticas con la secuencia original del virus. Algunas mutaciones parecen haber surgido de manera independiente en distintas variantes lo que podría indicar que confieren alguna ventaja adaptativa.

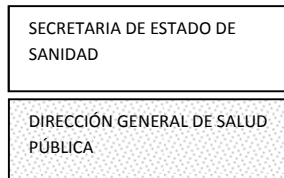
Las diferentes mutaciones presentes en las variantes pueden atribuirles un mayor impacto potencial en la salud pública a través de varios aspectos:

- Aumento en la transmisibilidad: puede suponer un aumento en el número de casos y por lo tanto en la presión sobre el sistema asistencial.
- Aumento en la gravedad y/o letalidad
- Escape a la respuesta inmune adquirida tras infección natural o generada por algunas vacunas y respuesta a anticuerpos monoclonales.

Continuamente se van describiendo nuevas variantes. En la tabla 1 se resumen las características de las consideradas en estos momentos como principales variantes de interés. En la tabla 2 se recogen otras variantes que están suscitando un interés creciente.

Tabla 1. Principales variantes de interés.

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 Reino Unido, Irlanda, Israel y rápida progresión en otros países (especialmente países europeos)
B.1.351 (501.V2)	E484K, N501Y, K417T, L18F, del ORF1b	Probable aumento de transmisibilidad Reducción de neutralización de sueros mono y policlonales. Reducción de efectividad vacunal entre moderada y alta	Sudáfrica, Zambia, Botswana; casos en numerosos países europeos. Importante presencia en Tirol (Austria).
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 en otros países, la mayoría con vínculo conocido con Brasil.



Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias

Tabla 2. Otras variantes de interés

Variante	Mutaciones más relevantes	Impacto potencial para la salud pública	Dispersión geográfica
P.2	E484K	En estudio	Brasil (Río de Janeiro). Casos aislados en otros países, relacionados con viajes
B.1.525	E484K, F888L, 69-70 del, Q677H	En estudio	Dinamarca, RU, Países Bajos, Noruega, EEUU, Canadá. Relacionados con Nigeria
B.1.429	L425R, S13I, W152C	En estudio	Aumento en noviembre-diciembre en California
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	23 casos en Inglaterra, un caso en Países Bajos

Situación en España

El total de casos confirmados mediante secuenciación de las variantes de interés en cada Comunidad Autónoma se recoge en la tabla 3. Se trata de un dato dependiente de la capacidad de secuenciación que no refleja la prevalencia de la variante en España.

Tabla 3. Casos de cada variante confirmados mediante secuenciación.

Fecha 19/02/2021	Casos variante B.1.1.7 (VOC202012/01) *	Casos variante B.1.351 (Sudáfrica) *	Casos variante P.1 *	Otras variantes	
				P.2	B.1.525
Andalucía	59 (129)				
Aragón	1(20)				
Asturias	71				
Baleares	117				
Canarias	3(46)			9	
Cantabria	145				
Castilla-La Mancha	22				
Castilla y León	72(4)				
Cataluña	4(13)	1			(1)
Ceuta	0 (1)				
C. Valenciana	64	4			
Extremadura	9(18)				
Galicia	12(2)	1			
Madrid	130		1(2)	2	
Melilla	9				
Murcia	76				
Navarra	90				
País Vasco	9(231)				
La Rioja	5				
ESPAÑA	898(183)	6	1(2)	11	(1)

*Entre () los casos detectados a través de fuentes informales (prensa o similar) no incluidos en la cifra

B.1.1.7

Esta variante da negativo a la detección del gen S (SGTF) en las pruebas diagnósticas PCR que incluyen dicha diana, por lo que el uso de estas pruebas puede servir de cribado para valorar la evolución de la presencia de la variante B.1.1.7 en un territorio. También se pueden usar como medida indirecta de la presencia de esta variante PCRs específicas dirigidas frente a la



mutación N501Y, si bien esta mutación también se observa en las otra dos variantes de interés (B.1.351 y P.1)

En el caso de 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 algunas zonas de nuestro país, de las que se dispone de datos, esta correlación es superior al 90% en las últimas semanas.

En la tabla 4 se muestran los datos más recientes de cada una de las Comunidades.

Tabla 4. Porcentaje de B.1.1.7 estimado mediante marcador SGTF o PCR específica N501Y

Fecha 19/02/2021	Semana epidemiológica	% SGTF o N501Y (n)	% semana previa (n)
Andalucía	6	36,8 (962)	10,7 (1515)
Aragón	6	8,4 (509)	3,3 (637)
Asturias	5	36,5 (931)	37,8 (616)
Baleares	5	23,9 (1245)	20,3 (1483)
Canarias	-	-	-
Cantabria	5	45,7 (243)	38,5 (499)
Castilla-La Mancha	6	5,2 (251)	1,1 (356)
Castilla y León	53 (2020)	14,3 (519)	
Cataluña	6	47,6 (1070)	38,1 (896)
Ceuta	-	-	-
C. Valenciana	-	-	-
Extremadura	-	-	-
Galicia	4	53,3 (60)	56,2 (48)
Madrid	6	28,3 (1108)	20,7 (1909)
Melilla	-	-	-
Murcia	6	16,8 (927)	16,7 (1142)
Navarra	6	20 (459)	12,1 (459)
País Vasco	4	4 (1480)	4,4 (1586)
La Rioja	3	0 (300)	-

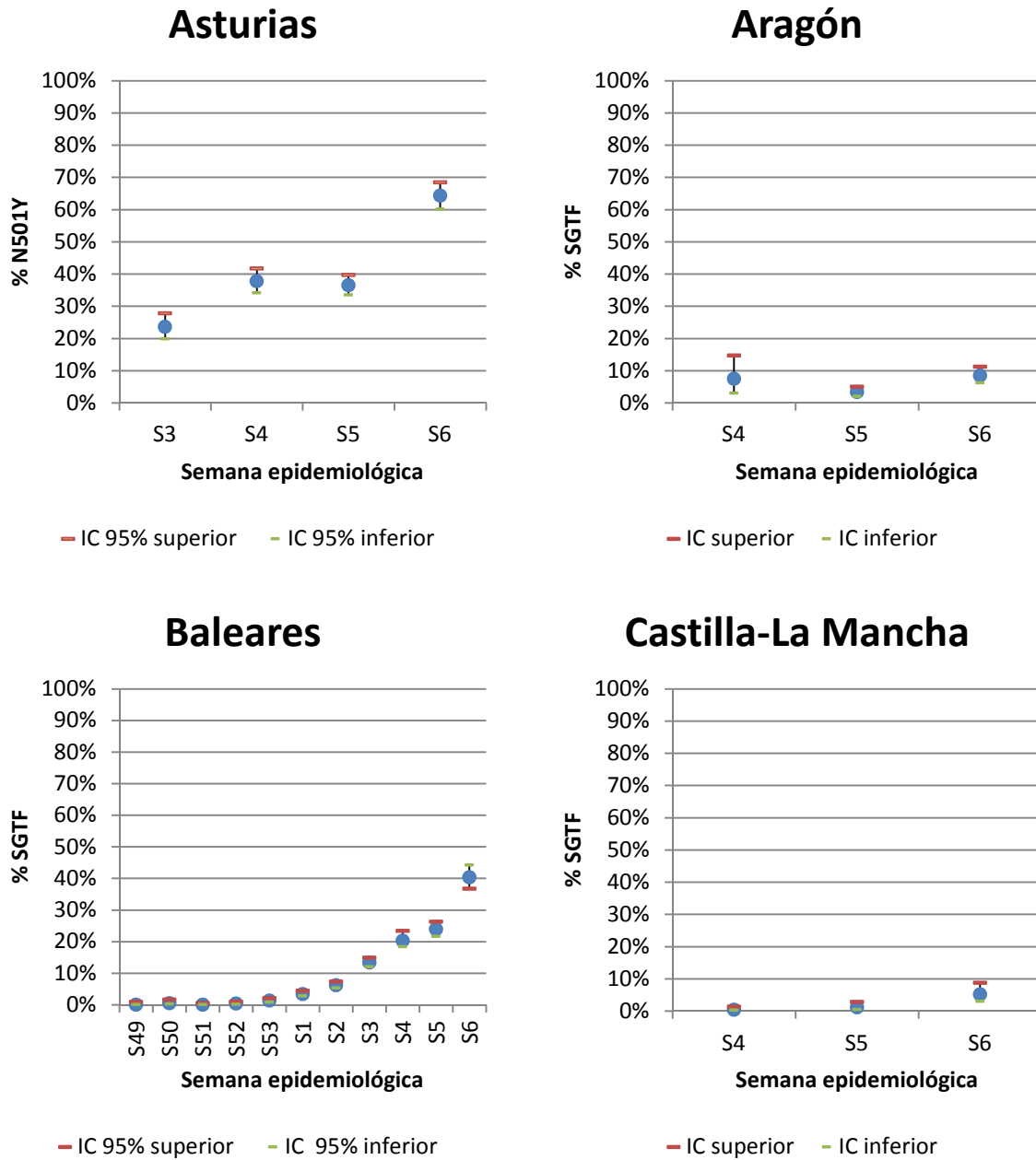
Estas series de datos nos permiten observar la evolución de la variante en distintas comunidades a lo largo de las últimas semanas (Figura 1). Es importante destacar que en aquellas comunidades en las que se dispone datos desglosados para cada laboratorio se observan importantes diferencias regionales. Los datos considerados poco representativos (por proceder de un número reducido de laboratorios en comunidades pluriprovinciales) han sido excluidos del gráfico.



SECRETARÍA DE ESTADO DE SANIDAD
DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias

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

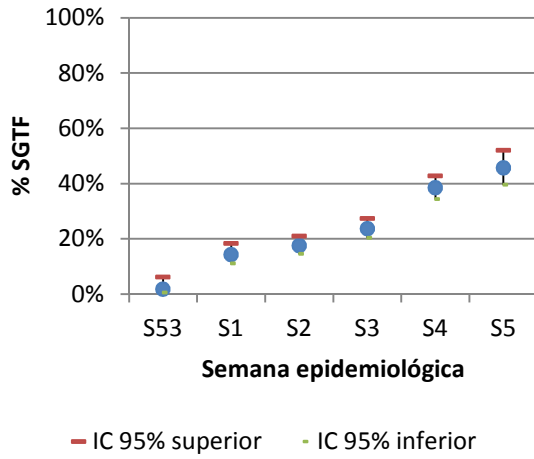




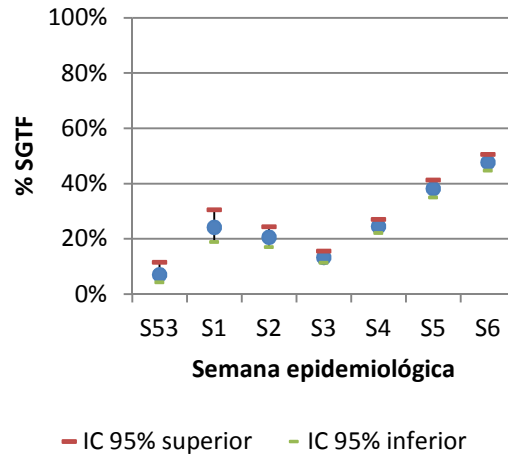
SECRETARIA DE ESTADO DE SANIDAD
DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias

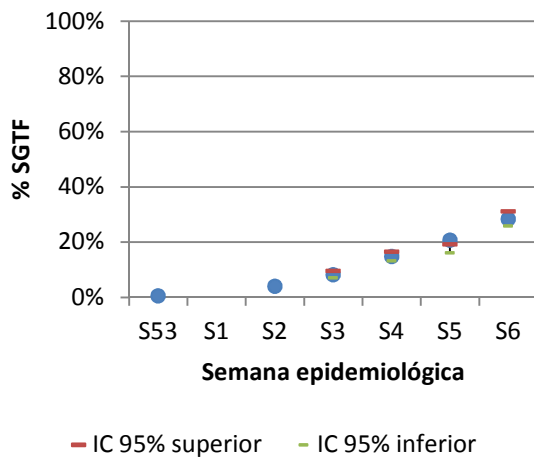
Cantabria



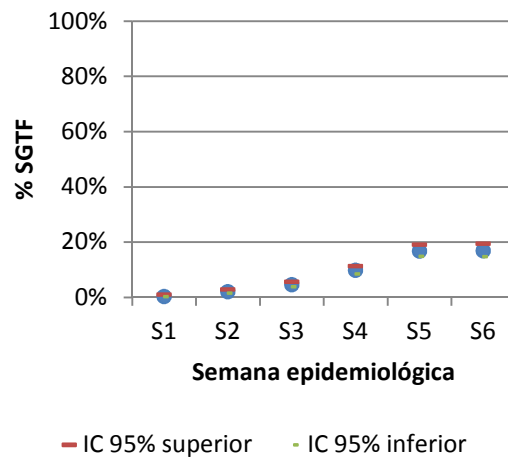
Cataluña



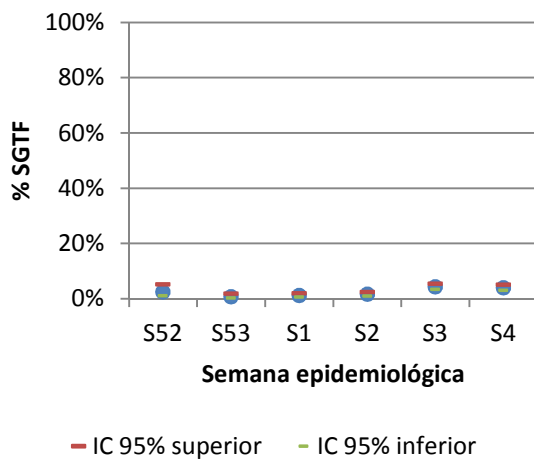
Madrid



Murcia



País Vasco





SECRETARIA DE ESTADO DE
SANIDAD

DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD
PÚBLICA

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

B.1.351

Se han detectado hasta la fecha 15 casos de esta variante: 6 se han confirmado por secuenciación (de ellos, 4 podrían estar relacionados), los otros 9, pertenecen a una misma agrupación relacionada con un viaje a Tanzania y 4 de ellos han sido detectados mediante una PCR específica y están pendientes de secuenciación.

P.1

Hasta ahora se ha detectado un único caso de esta variante en un viajero procedente de Brasil.

Otras variantes

Se han detectado 11 casos de P.2, dos de ellos en viajeros. Los restantes nueve pertenecen a la misma comunidad y todavía no se dispone de datos epidemiológicos.

Un caso de la variante B.1.525 fue secuenciado en nuestro país en enero de 2021.