



SECRETARIA DE ESTADO DE  
SANIDAD

DIRECCIÓN GENERAL DE  
SALUD PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y  
Emergencias Sanitarias

26 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 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 son a la fecha de este informe 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:

- 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.
- En todas las CCAA, en la semana 15, se identifica (mediante marcador SGTF o PCR específica) en más del 70% de los casos (rango entre el 74,6% y el 99,2%).

#### Variante B.1.351:

- Extendida en Sudáfrica y países vecinos. En Europa representa 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.

#### Variante P.1:

- 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 la semana 15, 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 4,1%. Sin embargo no se puede valorar la representatividad de estas muestras respecto al total de casos (datos disponibles de 6 CCAA).

## 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 actualiza de acuerdo a las nuevas evidencias en cuanto a impacto sobre la salud pública. En esta actualización se han eliminado del listado de principales variantes de interés las variantes C.16 y B.1.258Δ para las que no parece haber evidencia de expansión en estos momentos. *La variante recientemente detectada en India, perteneciente al linaje B.1.617, ha suscitado interés debido a la presencia de mutaciones posiblemente relacionadas con el escape a la inmunidad como E484Q y L452R (esta última implicada también posiblemente en un aumento de la transmisibilidad) y a su rápida expansión en ese país (si bien el número de casos secuenciados es muy pequeño en comparación con el número total de casos). Sin embargo, todavía no existen evidencias respecto a que la variante haya contribuido al aumento de la incidencia en India ni sobre su posible impacto real sobre la inmunidad. Sería necesario contar con una mayor proporción de casos secuenciados para conocer verdadera incidencia así como con estudios in vitro y en el mundo real sobre su posible efecto en la inmunidad natural o adquirida.*

**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>B.1.1.7</b>	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>B.1.351 (501.V2)</b>	E484K, N501Y, K417N, L18F, A701V, del ORF1b	Probable aumento de transmisibilidad. Reducción de efectividad de algunas vacunas.	Sudáfrica, Zambia, Botswana y otros países del cono sur africano; casos en numerosos países europeos. Importante presencia en Tirol (Austria) y en algunas regiones de Francia.
<b>P.1</b>	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.** Principales variantes de interés (VOI).

Variante	Mutaciones más relevantes	Impacto potencial para la salud pública	Dispersión geográfica
<b>P.2</b>	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>B.1.525</b>	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>B.1.427/B.1.429</b>	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>B.1.526</b>	E484K, A701V D253G	Mutaciones compatibles con escape a la respuesta inmune a variantes previas.	Rápida expansión en área metropolitana de Nueva York
<b>A.23.1</b>	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>B.1.1.7 con E484K</b>	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.

## 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. Aunque la información disponible en SIVIes es todavía incompleta, contamos con datos pertenecientes a la semana 12 (la semana más reciente con suficientes datos como para ser considerada representativa) de 10 comunidades y las dos ciudades autónomas. Debido al tiempo de respuesta de las técnicas de secuenciación, la información de las últimas semanas es poco representativa. Los datos confirman el predominio de la variante B.1.1.7 (>90%) con las otras variantes de impacto en salud pública por debajo del 1%.

A medida que se disponga de información más completa en SiViEs, los resultados se irán detallando en las próximas actualizaciones.

### 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.

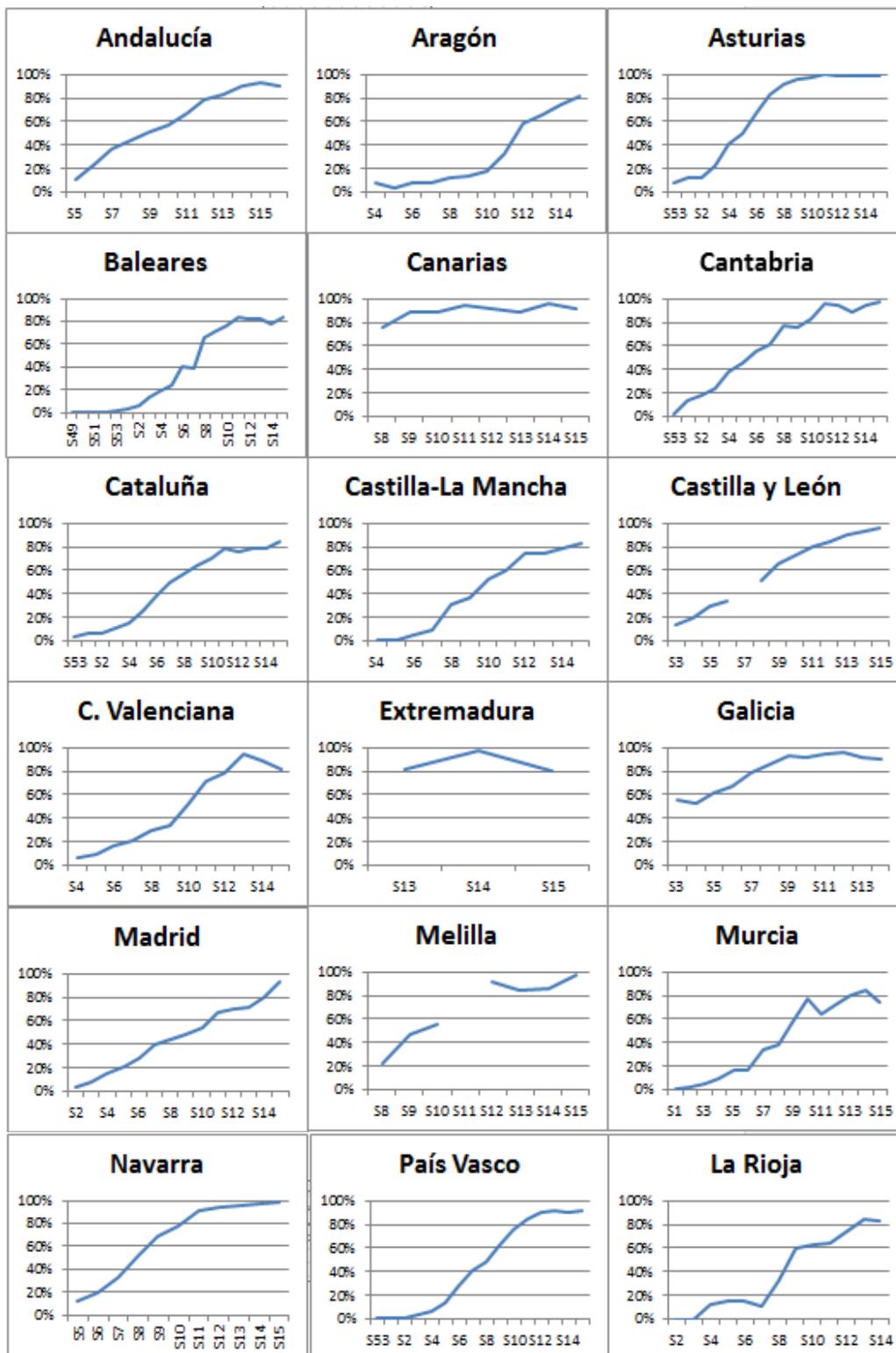
**Tabla 3.** Porcentaje de B.1.1.7 estimado mediante marcador SGTF o PCR específica y número de muestras realizadas con esta técnica durante las semanas epidemiológicas a las que se hace referencia

Comunidad autónoma	Última semana epidemiológica con datos disponibles	% Probable B.1.1.7 (n)	% semana previa (n)
Andalucía	15	89,6 (867)	96 (909)
Aragón	15	81,8 (318)	74,2 (453)
Asturias	15	99,2 (479)	99 (487)
Baleares	15	83,6 (312)	77,8 (311)
Canarias	15	91,5 (130)	88,4 (335)
Cantabria	15	97,9 (426)	95 (242)
Castilla-La Mancha	15	82,6 (1320)	78,6 (1076)
Castilla y León	15	95,2 (608)	93,5 (695)
Cataluña	15	84,8 (1907)	78,7 (1830)
Ceuta	-	-	-
C. Valenciana	15	81,2 (69)	88,7 (72)
Extremadura	15	80 (384)	97,7 (564)
Galicia	14	90,3 (248)	90,9 (231)
Madrid	15	92,5 (550)	79,8 (564)
Melilla	15	96,9 (96)	85,6 (132)
Murcia	15	74,6 (201)	84,4 (205)
Navarra	15	98,7 (564)	96,1 (724)
País Vasco	15	91,8 (2872)	90,9 (2416)
La Rioja	14	82,6 (167)	84 (131)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

La variante B.1.1.7 continúa siendo claramente predominante en todas las CCAA. A pesar de este predominio, 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. La figura 1 muestra la evolución a lo largo del tiempo de la incidencia de B.1.1.7 estimada a partir de PCR para las distintas comunidades.

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



SECRETARIA DE ESTADO DE SANIDAD
DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y  
Emergencias Sanitarias

## 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). Estos datos empiezan a estar disponibles para una serie de comunidades aunque hay que tener en cuenta que no en todos los casos se someten al cribado muestras seleccionadas aleatoriamente de manera que los porcentajes pueden estar sobreestimados en algunas semanas debido a la sobrerrepresentación de muestras en las investigación de brotes. En la semana 15, primera semana en la que se recogen estos datos de forma centralizada, se cuenta con datos disponibles de 6 comunidades autónomas. El porcentaje de resultados compatibles con variantes B.1.351/P.1 está entre el 0,3% y el 4,1%.

## 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:** se han notificado 41 casos, todos ellos sin relación con viajes internacionales.

**P.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:** 8 casos, 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.