



SECRETARÍA DE ESTADO DE  
SANIDAD

DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD  
PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y  
Emergencias Sanitarias

1 de marzo de 2021

## Actualización de la situación epidemiológica de las variantes 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. Actualmente las de mayor importancia son tres: B.1.1.7 (británica), B.1.351 (Sudafricana) y P.1 (brasileña).
- Las mutaciones más relevantes que se están vigilando en estos momentos 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 pueden utilizarse también 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 e Israel y se observa una rápida sustitución de las otras variantes circulantes en otros.
- 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 (entre el 4% y el 64% según los datos disponibles en la semana 8 de 2021) de unas comunidades a otras y se observa un aumento rápido de su distribución en las últimas semanas.

#### Variante B.1.351:

- Extendida en Sudáfrica y países vecinos. Aumento progresivo en Europa aunque todavía supone un porcentaje pequeño de los casos.
- 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 más de 50 casos (1 caso esporádico y 6 brotes, 5 de ellos sin vínculo conocido con los países más afectados).

#### Variante P.1:

- Extendida en la región amazónica de Brasil. Escasos casos comunicados en otros países.
- Transmisibilidad y virulencia en estudio. Posible escape a la respuesta inmune.
- En España se han detectado dos casos vinculados con viaje a Brasil y tres brotes (en dos de ellos no se ha encontrado antecedente de viaje y en el tercero sí).



## Introducción

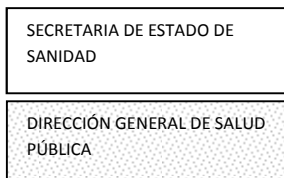
Continuamente se van describiendo nuevas variantes. En la tabla 1 se resumen las características de las consideradas en estos momentos como principales variantes de mayor importancia para la salud pública o VOC (de sus siglas en inglés, *variants of concern*). En la tabla 2 se recogen otras variantes que están suscitando un interés creciente (VUI, 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.** Principales variantes de importancia para 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 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 y otros países del cono sur africano; 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 con Brasil.

**Tabla 2.** Otras variantes de interés (VUI).

Variante	Mutaciones más relevantes	Impacto potencial para la salud pública	Dispersión geográfica
P.2	E484K	Posible escape a la respuesta inmune.	Brasil (Río de Janeiro). Casos aislados en otros países, relacionados con viajes



## Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias

B.1.525	E484K, F888L, 69-70 del, Q677H	Posible escape a la respuesta inmune.	Dinamarca, RU, Países Bajos, Noruega, EEUU, Canadá. Relacionados con Nigeria
B.1.429	L425R, S13I, W152C	Posible aumento de la transmisión.	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

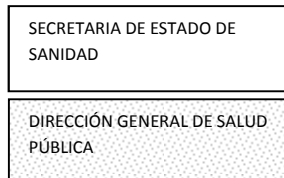
Actualmente se han detectado casos confirmados mediante secuenciación en todas las comunidades y ciudades autónomas. El número de casos secuenciados depende en gran medida de la capacidad de secuenciación de cada una de ellas por lo que no representan la prevalencia en las distintas regiones. La integración 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 no permite conocer con precisión la prevalencia general, cuya estimación se realizará en breve con los datos de los muestreos aleatorios secuenciados.

### 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).

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

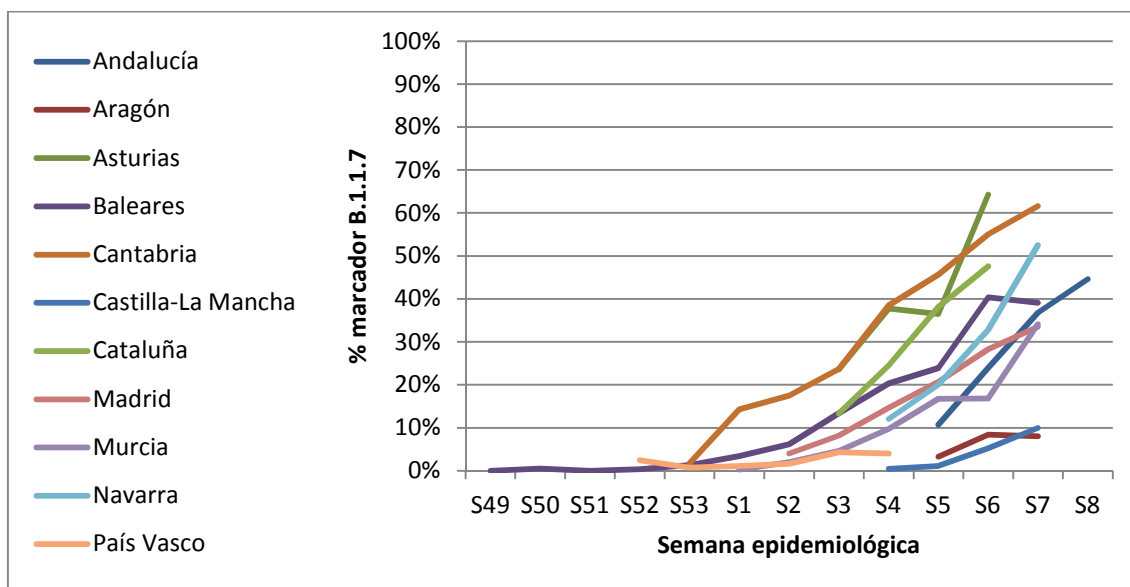


**Tabla 3.** Porcentaje de B.1.1.7 estimado mediante marcador SGTF o PCR específica N501Y y número de muestras realizadas con esta técnica durante las semanas epidemiológicas a las que se hace referencia

Fecha 19/02/2021	Última semana epidemiológica con datos disponibles	% SGTF o N501Y (n)	% semana previa (n)
Andalucía	8	44,6(804)	36,8 (962)
Aragón	7	8 (448)	8,4 (509)
Asturias	6	64,3 (568)	36,5 (931)
Baleares	7	39,1 (1032)	40,4 (678)
Canarias	-	-	-
Cantabria	7	61 (237)	55 (229)
Castilla-La Mancha	7	10 (392)	5,2 (251)
Castilla y León	53 (2020)	14,3 (519)	
Cataluña	6	47,6 (1070)	38,1 (896)
Ceuta	-	-	-
C. Valenciana	7	19,7 (452)	-
Extremadura	-	-	-
Galicia	4	53,3 (60)	56,2 (48)
Madrid	7	33,5 (805)	28,3 (1108)
Melilla	4	1,9 (904)	-
Murcia	7	34 (508)	16,8 (927)
Navarra	8	58,5 (229)	32,9 (274)
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.

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



## B.1.351

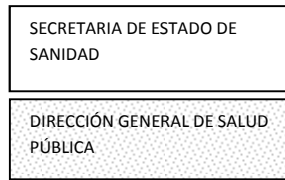
Hasta la fecha se han detectado 54 casos de los cuales se han confirmado 15 casos por secuenciación y 4 mediante una PCR específica. Se trata de un caso esporádico y 6 brotes. El caso esporádico corresponde a un viajero procedente de Sudáfrica. Uno de los brotes está relacionado con un viaje a Tanzania y los casos se encuentran repartidos en distintas comunidades autónomas. En otro de los brotes, con 7 casos positivos, no se identificó ningún vínculo con las zonas de alta prevalencia de la variante. Los cuatro brotes restantes han sido detectados en misma ciudad y en ninguno de ellos se ha encontrado antecedente de viaje a Sudáfrica u otros países de la región.

## P.1

Se han detectado dos casos aislados (ambos vinculados con Brasil) y tres brotes. El primero de los brotes incluye dos casos positivos (uno de los cuales fue confirmado por secuenciación). El segundo incluye once casos (tres de ellos secuenciados). En ninguno de ellos pudo encontrarse un vínculo con Brasil. Cabe destacar además que uno de los pacientes incluido en el segundo brote es un caso de reinfección probable. El tercero de los brotes está relacionado con un viaje a Brasil y hay dos casos afectados.

## Otras variantes

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.



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

P.2: Se han detectado dos casos esporádicos en viajeros procedentes de Brasil (ambos confirmados mediante secuenciación), 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).

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