



SECRETARÍA DE ESTADO DE  
SANIDAD

DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD  
PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y  
Emergencias Sanitarias

18 de marzo 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 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 y cribado pueden utilizarse distintas técnicas de PCR.
- En España se está integrando la secuenciación en la vigilancia epidemiológica.

#### Variante B.1.1.7:

- Dominante en Reino Unido, Irlanda e Israel. Rápida sustitución de las variantes previas.
- 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 N501Y, de diseminación amplia (13/14 CCAA más del 50% y 6/14 CCAA más de 70% del total de casos) y aumento rápido 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 66 casos (23 confirmados): 3 casos esporádicos y 8 brotes, 6 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 20 casos: 2 esporádicos y el resto forman parte de 4 brotes ( 2 de ellos sin vínculo)

## 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 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 (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.** Principales variantes de SARS-CoV-2 de importancia para 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 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>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	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 (VOI).

Variante	Mutaciones más relevantes	Impacto potencial para la salud pública	Dispersión geográfica
<b>P.2</b>	E484K	Mutaciones compatibles con reducción de la capacidad de neutralización.	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 reducción de la capacidad de neutralización.	Dinamarca, RU, Países Bajos, Noruega, EEUU, Canadá. Relacionados con Nigeria
<b>B.1.429</b>	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>B.1.526</b>	E484K, A701V D253G	Mutaciones compatibles con reducción de la capacidad de neutralización.	Rápida expansión en área metropolitana de Nueva York
<b>C.16</b>	L425R	Mutaciones compatibles con reducción de la capacidad de neutralización.	Expansión geográfica en Portugal desde noviembre
<b>A.23.1</b>	F157L, V367F, Q613H, P681R	Mutaciones compatibles con aumento de la transmisión	Detectada recientemente en RU. Escasos casos en otros países.
<b>VOC 202102/02</b>	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, algún caso aislado en otros países europeos.

## Situación en España

Actualmente se han detectado casos con las variantes de interés 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, cuya estimación se realizará en breve con los datos de los muestreos aleatorios secuenciados.

### 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.

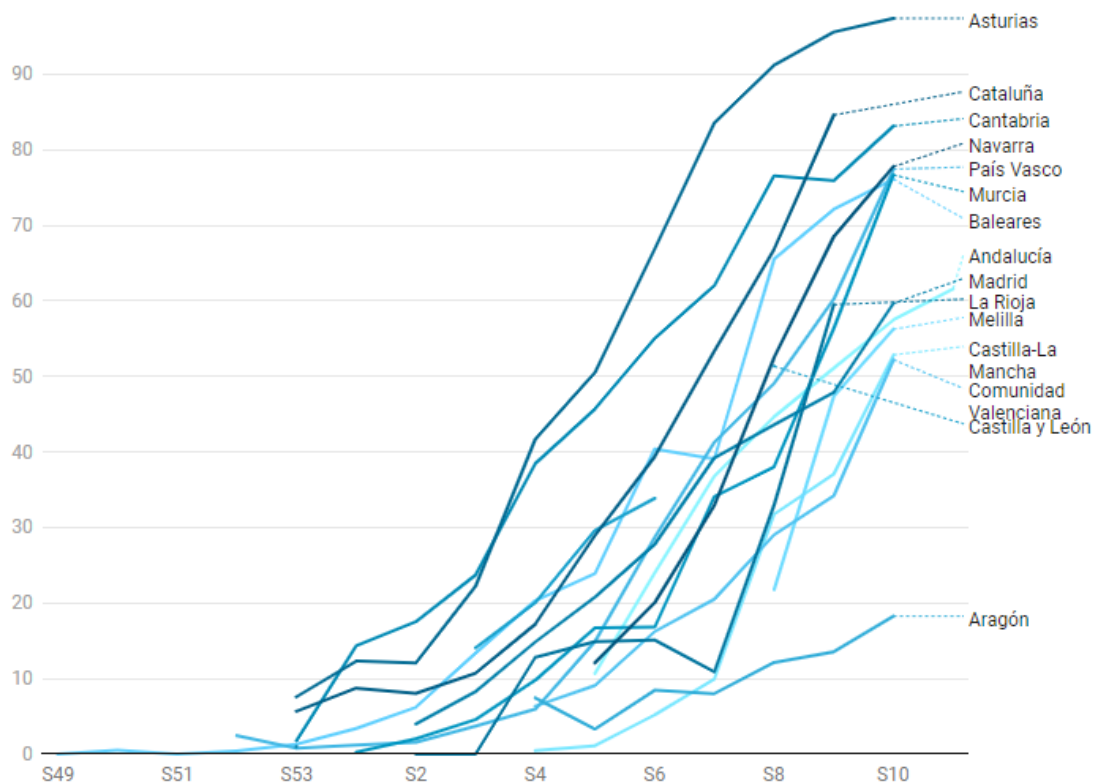
**Tabla 3.** Porcentaje de B.1.1.7 estimado mediante marcador SGTF o PCR específica N501Y y número de muestras realizadas con esta técnica durante las semanas epidemiológicas a las que se hace referencia

Comunidad autónoma	Última semana epidemiológica con datos disponibles	% SGTF o N501Y (n)	% semana previa (n)
Andalucía	11	61,58 (885)	57,5 (814)
Aragón	10	18,3 (230)	13,6 (310)
Asturias	10	97 (270)	96,4 (335)
Baleares	10	76,1 (180)	72,1 (208)
Canarias*	-	-	-
Cantabria	10	83,1 (160)	75,9 (108)
Castilla-La Mancha	10	52,8 (439)	37,1 (356)
Castilla y León	8	51,3 (561)	-
Cataluña	9	84,6 (1091)	66,8 (1777)
Ceuta	-	-	-
C. Valenciana	10	52,2 (69)	34,2 (79)
Extremadura	-	-	-
Galicia	4	53,3 (60)	56,2 (48)
Madrid	10	59,7 (553)	47,9 (794)
Melilla	10	56,2 (32)	47,4 (76)
Murcia	10	76,7 (193)	56,4 (291)
Navarra	10	77,8 (162)	68,5 (181)
País Vasco	10	77,4 (882)	60,2 (817)
La Rioja	9	59,5(121)	33 (106)

\*Se dispone de información sobre la Comunidad de Canarias basada en los resultados de secuenciación de muestras no aleatorias. Según estos datos, el porcentaje de muestras secuenciadas entre la semana 52 de 2020 y la 7 de 2021 correspondiente a la variante fue del 18,28% (en la semana 7, 10 de 37 muestras secuenciadas).

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. 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

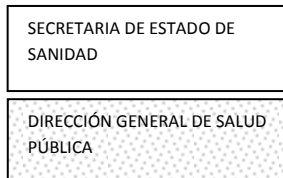
Hasta la fecha se han detectado tres casos esporádicos y 8 brotes (en los que el total de casos implicados era de 63 personas). Se han confirmado 23 de estos casos mediante secuenciación. Dos brotes y dos casos esporádicos están relacionados con viajes a Tanzania, Camerún, Sudáfrica y Guinea Ecuatorial respectivamente.

En 6 brotes y un caso esporádico 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 20 casos: dos casos aislados y cuatro brotes, con un total de 18 casos.

En un caso esporádico y dos brotes con 13 casos en total, no ha podido establecerse vínculo epidemiológico con Brasil. Uno de los casos incluido dentro de uno de estos brotes es un caso de reinfección probable.



## 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.

**P.2:** Se han detectado dos casos esporádicos en viajeros procedentes de Brasil (ambos confirmados mediante secuenciación). Por otra parte se han 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.