

8 de noviembre de 2021

Actualización de la situación epidemiológica de las variantes de SARS-CoV-2 en España

Resumen ejecutivo de la situación e implicaciones para la salud pública

- Las variantes de mayor impacto para la salud pública (VOC) son aquellas más transmisibles, más virulentas o que pueden escapar, total o parcialmente, al efecto de los anticuerpos adquiridos tras infección natural o vacunación con variantes previas.
- En el momento actual la variante Delta representa casi el 100% de las variantes detectadas mediante la secuenciación integrada en la vigilancia y el resto de variantes descritas hasta ahora no suponen un motivo particular de preocupación.
- No obstante, la vigilancia basada en los datos de la secuenciación permitirá seguir detectando cambios en la situación epidemiológica de las demás variantes.
- El análisis de la diversidad de los linajes que constituyen la variante Delta cobra interés para alertar sobre la aparición de nuevas variantes de interés o de preocupación.
- Las medidas de prevención (mascarilla, distancia interpersonal, higiene de manos y ventilación) son eficaces para todas las variantes, incluidas las VOC.

Variante Delta:

- Predominante a nivel global. Más transmisible que la variante Alfa y ligera disminución de la efectividad de la vacuna.
- En España, en estos momentos, es la variante claramente dominante. De acuerdo con los muestreos aleatorios de casos compatibles estimado por PCR: en la semana 43 (25 a 31 de octubre), con datos de 14 CCAA, el porcentaje se encuentra entre 94,5% y 100%. Mediante secuenciación integrada en el sistema de vigilancia, en la semana 42 (18 a 24 de octubre) el porcentaje alcanzó 100%.

Otras variantes:

- De acuerdo con los datos de secuenciación asociada a muestreos aleatorios, el resto de variantes del virus se mantienen en niveles muy bajos de circulación. En las últimas cuatro semanas el conjunto de otras variantes no alcanza el 1% del total.



SECRETARÍA DE ESTADO DE SANIDAD
DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD PÚBLICA

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

1. Introducción

Continuamente se van describiendo nuevas variantes de SARS-CoV-2. Desde el punto de vista de la vigilancia consideramos variantes de preocupación para la salud pública (VOC, por sus siglas en inglés, *Variant of Concern*) aquellas que pueden tener un impacto significativo en la situación epidemiológica de nuestro país y para las que existen evidencias de un posible incremento en la transmisibilidad, la gravedad de la enfermedad y/o el escape a la respuesta inmune. Consideramos variantes de interés (VOI, por sus siglas en inglés, *Variant of Interest*) aquellas que, con una probabilidad menor, podrían también tener un impacto en la situación epidemiológica en España o para las que existen indicios de un incremento en la transmisibilidad, la gravedad y/o el escape a la respuesta con un grado menor de certeza. El Comité Técnico Coordinador de la Red Nacional de Laboratorios de Secuenciación de SARS-CoV-2 revisa periódicamente la clasificación de una variante como VOC o VOI para nuestro país. No obstante, a través la implementación de la secuenciación de muestras aleatorias se busca hacer una vigilancia integral tanto de las variantes conocidas como de la aparición de nuevas variantes que puedan representar un aumento del riesgo.

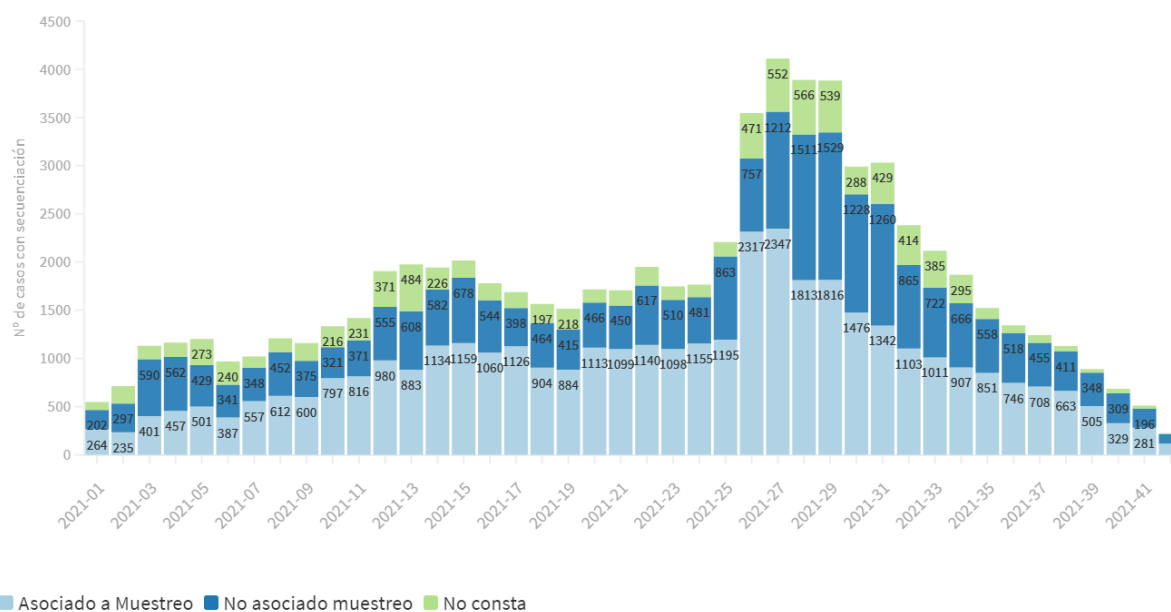
La información sobre la prevalencia de las distintas variantes se obtiene a partir de dos fuentes. Por un lado, se lleva a cabo la secuenciación del genoma que permite el análisis completo de todas las posibles mutaciones presentes y su asignación a un determinado linaje. Por otro, se realizan pruebas de cribado mediante PCR capaces de detectar una o varias mutaciones específicas que permiten hacer una identificación presuntiva de las variantes que comparten esa mutación o conjunto de mutaciones. A lo largo de las últimas semanas el porcentaje de variantes diferentes a Delta detectables mediante PCR específica ha ido disminuyendo a niveles muy bajos de circulación. Por otra parte, el retraso en los datos provenientes de la secuenciación es cada vez menor. Por estos motivos, en esta actualización el único cribado por PCR incluido en el informe es el de la variante Delta.

2. Información derivada de la secuenciación e integrada en el Sistema de Vigilancia de España

Desde el inicio de 2021, la vigilancia del SARS-CoV-2 en España incluye información genómica para la confirmación de la presencia de variantes mediante técnicas de secuenciación. Para conocer la incidencia de cada uno de los tipos de variantes VOC y VOI, se lleva a cabo la secuenciación de un muestreo aleatorio de los casos en cada comunidad de acuerdo a los procedimientos acordados (https://www.msccbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/Integracion_de_la_secuenciacion_genomica-en_la_vigilancia_del_SARS-CoV-2.pdf). La información disponible en el Sistema de Vigilancia en España (SiViEs) se analiza de forma semanal. En las semanas más recientes hay información disponible de 15 comunidades y las dos ciudades autónomas. Dado que las técnicas de secuenciación completa son laboriosas, los resultados presentan mayor retraso que los cribados con PCR. Entre las semanas 30 a 42 (26 de julio a 24 de octubre) se han integrado en SiViEs, un promedio de 1534 secuencias semanales (772 asociadas a muestreo aleatorio y 587 no asociadas a

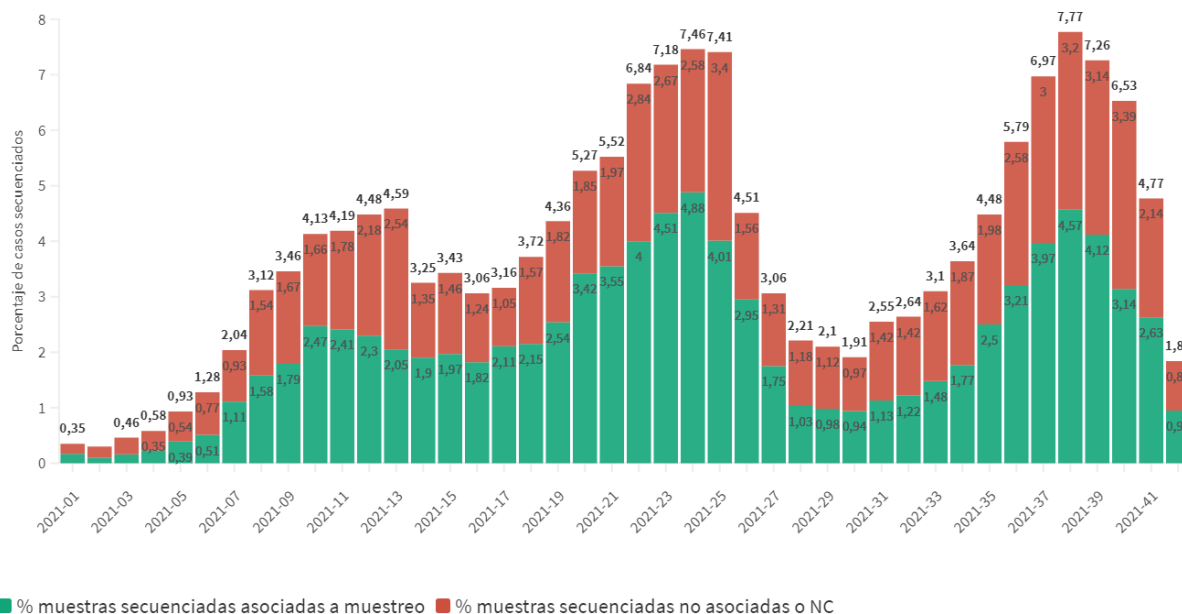
muestreo aleatorio y 175 en las que no consta esta información) (Figura 1, tablas 5 y 6). En estas mismas semanas, el porcentaje medio de muestras secuenciadas, de las que se dispone de información en SiViEs, sobre el total de casos detectados en España, ha sido 4,5% (con un rango entre 1,8% y 7,8%) (Figura 2).

Figura 1. Número de casos secuenciados en España, en las semanas 1 a 42 (4 de enero a 24 de octubre) de 2021.



Fuente: SiViEs a 5 de noviembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Figura 2. Porcentaje de casos secuenciados respecto del total de casos en cada comunidad (de aquellas para las que hay información disponible) en las semanas 1 a 42 (4 de enero a 24 de octubre) de 2021.



Fuente: SiViEs a 5 de noviembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

La distribución de variantes respecto al total de muestras aleatorias secuenciadas se representa en la Figura 3. Estos porcentajes no son representativos a nivel nacional ya que, a pesar de que los muestreos se realizan de forma aleatoria, la ausencia de datos de algunas comunidades (especialmente en las semanas más recientes) y la diferente proporción en la que contribuye cada una de ellas, limitan, por el momento, la interpretación de esta información. Además, hay que tener en cuenta que, debido al retraso de la información, las últimas semanas son menos valorables. El porcentaje de Delta para la semana 42 (con datos preliminares de 5 comunidades autónomas a fecha de 5 de noviembre) es 100% (Figura 3).

Como se observa en las figuras 4 y 5 el predominio de Delta continúa siendo prácticamente absoluto en todas las comunidades y ciudades autónomas en las últimas semanas para las que se dispone de datos tanto en muestreos aleatorios como en el total de casos secuenciados.

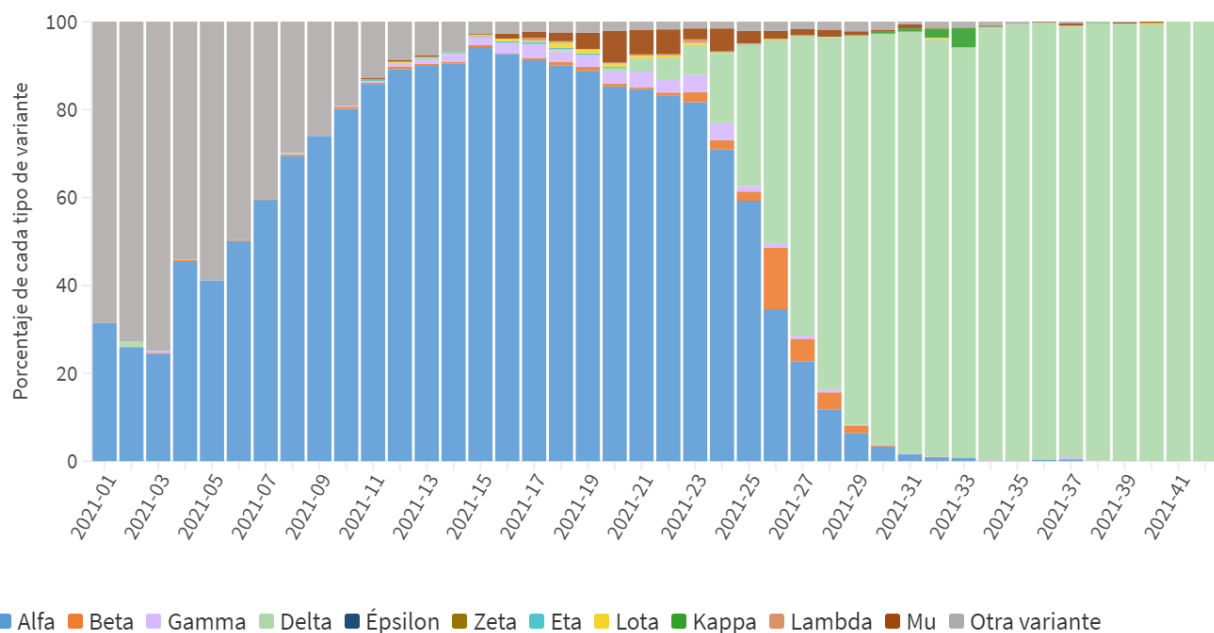
La variante Delta incluye tanto al linaje B.1.617.2 como a los linajes derivados de éste. Un incremento mantenido de alguno de estos linajes podría deberse tanto a circunstancias epidemiológicas como a factores intrínsecos del virus por lo que monitorizar la frecuencia de cada uno de ellos puede ser de utilidad para detectar una nueva variante de interés o de preocupación. En la figura 6 se muestra el porcentaje de los linajes más frecuentes de Delta por semana epidemiológica entre las muestras analizadas por muestreo aleatorio. El **linaje AY.4.2**, considerado como VUI (*variant under investigation*) por la UKHSA de Reino Unido desde el 20 de octubre se observa por primera vez en estos muestreos en la semana 38 y, a fecha de hoy, se ha detectado en 6 ocasiones entre las secuencias asociadas a muestreo aleatorio (26 entre el total de secuencias asociadas o no a muestreo aleatorio). A 5 de noviembre no se ha detectado ninguna secuencia correspondiente a AY.4.2 en la

semana 42 aunque hay que tener en cuenta que el número de secuencias en las semanas más recientes es todavía pequeño. Por el momento no hay datos que sugieran una mayor gravedad o una menor efectividad vacunal asociadas a este linaje.

El resto de variantes continúa detectándose a niveles muy bajos. En las últimas 4 semanas sólo 4 de 1227 muestras aleatorias secuenciadas corresponden a linajes diferentes a los de la variante Delta.

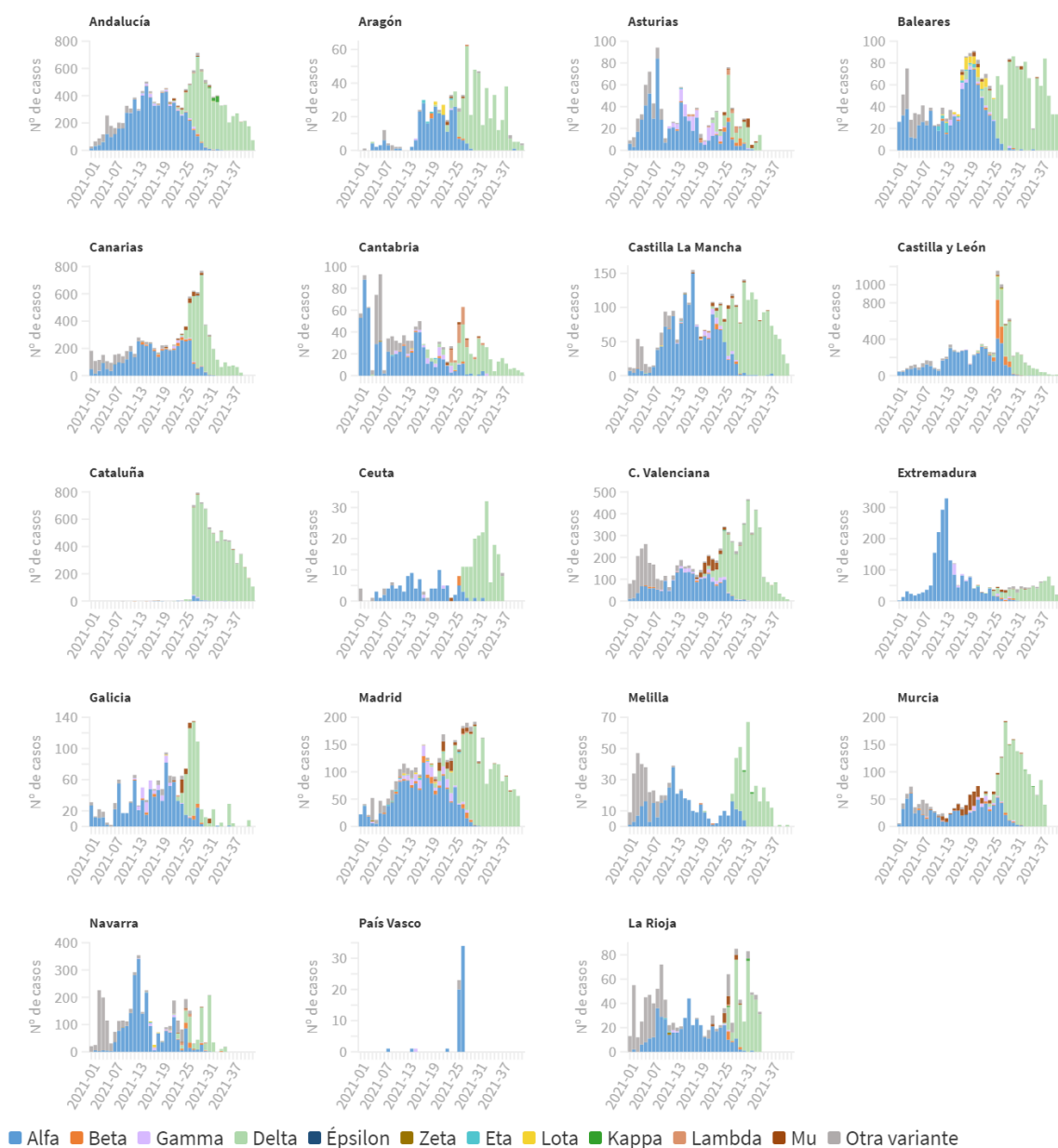
La información detallada del número de secuencias correspondiente a cada linaje entre las totales secuenciadas y entre las secuenciadas por muestreo aleatorio se puede encontrar en el anexo 1, tablas 3 y 4.

Figura 3. Porcentaje de cada tipo de variante por semana epidemiológica entre las semanas 1 y 42 (4 de enero a 24 de octubre) de 2021 entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria.



Fuente: SiViEs a 5 de noviembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación. Falta información de 6 comunidades autónomas.

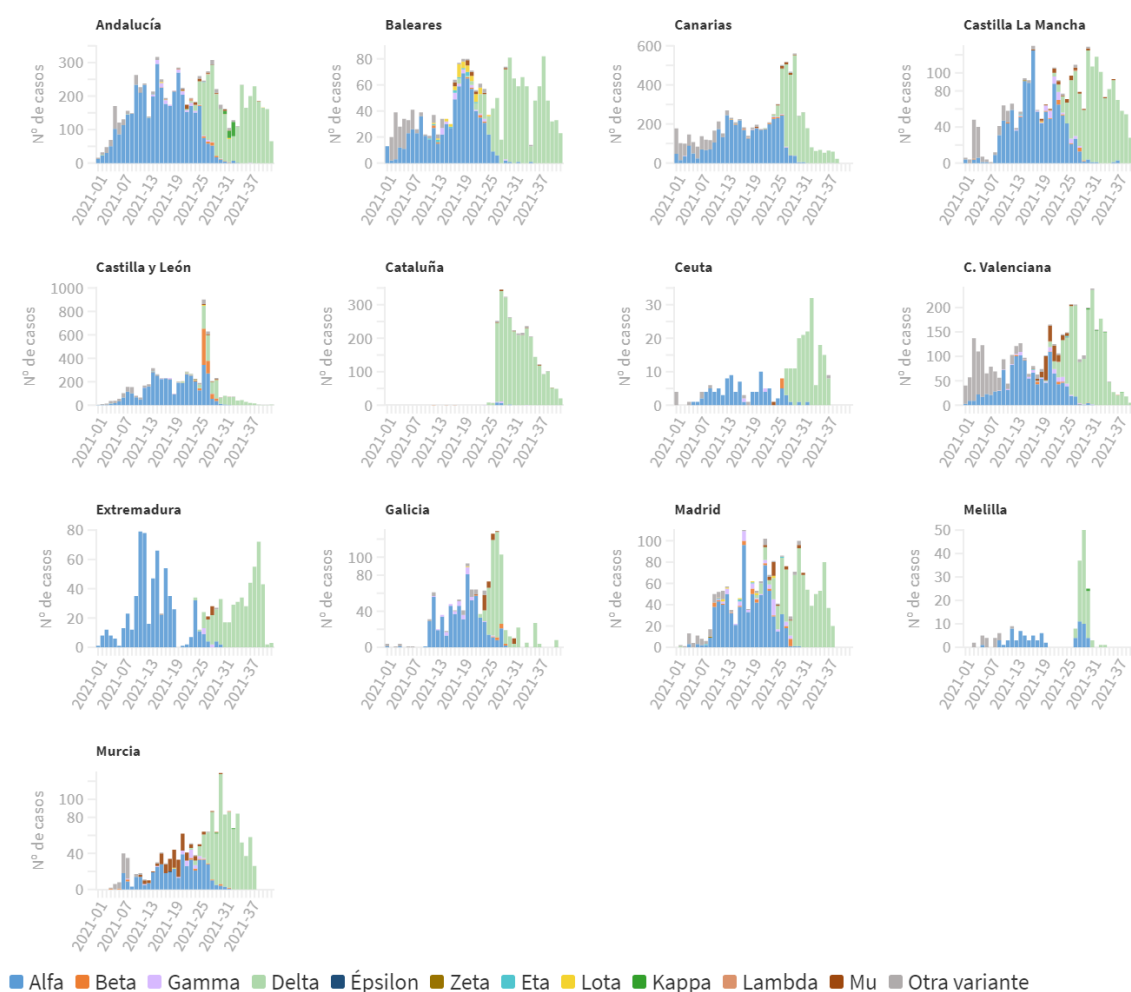
Figura 4. Número de secuencias totales por tipo de variante y semana para cada Comunidad Autónoma de la que se dispone de datos entre las semanas 1 y 42 (4 de enero a 24 de octubre) de 2021.



Actualizado: 05.11.2021

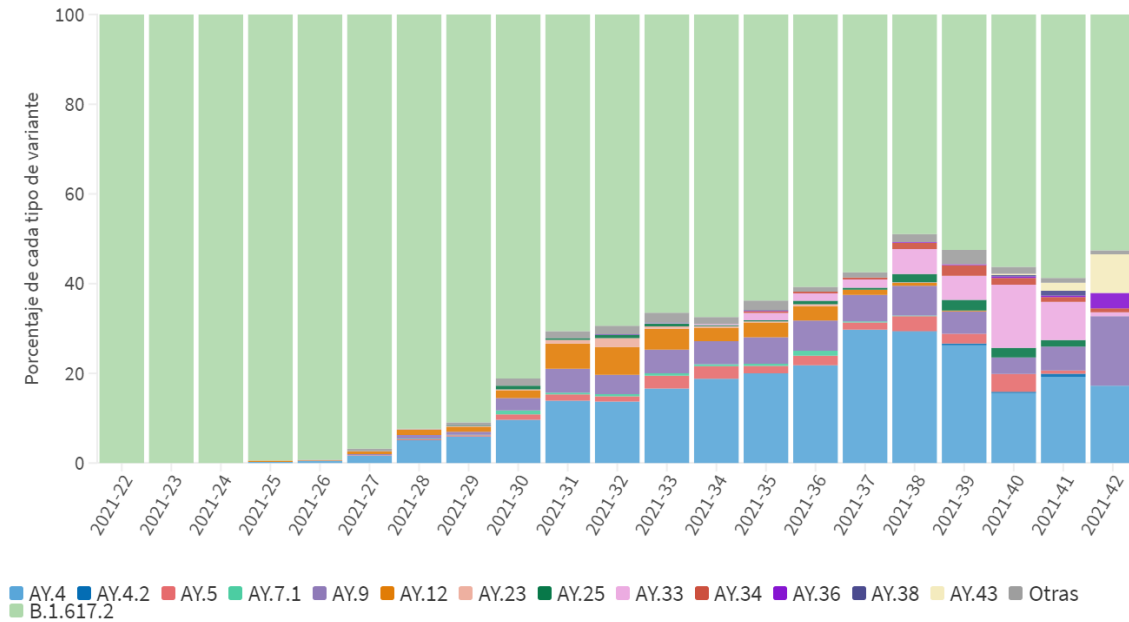
Fuente: SiViEs a 5 de noviembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Figura 5. Número de secuencias asociadas a muestreo aleatorio por tipo de variante y semana para cada Comunidad Autónoma de la que se dispone de datos entre las semanas 1 y 42 (4 de enero a 24 de octubre) de 2021.



Fuente: SiViEs a 5 de noviembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación. Falta información de 6 comunidades autónomas.

Figura 6. Porcentaje de los diferentes linajes de la variante Delta en muestreos aleatorios entre las semanas 22 y 42 (4 de enero a 24 de octubre) de 2021.



Fuente: SiViEs a 5 de noviembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación. Falta información de 6 comunidades autónomas.

3. Información derivada de los cribados mediante PCR específicas

Delta (B.1.617.2)

La variante Delta se ha hecho dominante en todas las CCAA. La monitorización mediante técnicas de PCR capaces de detectar alguna de sus mutaciones más relevantes en muestras aleatorias proporciona una información rápida sobre los niveles a los que esta variante está circulando. Los datos se resumen en la tabla 2.

Tabla 2. Porcentaje de probables Delta estimado mediante marcador PCR específica y número de muestras analizadas (n) durante las semanas epidemiológicas a las que se hace referencia

Comunidad autónoma	Última semana epidemiológica con datos disponibles	% Probable Delta (n)	% semana previa (n)
Andalucía	44	94,5 (363)	94,1 (390)
Aragón	43	100 (71)	100 (22)
Baleares	43	100 (371)	100 (279)
Canarias	43	97,9 (236)	97,7 (258)
Cantabria	43	100 (57)	100 (51)
Castilla-La Mancha	43	98,51 (132)	100 (114)
Castilla y León	43		88,4 (147)
Cataluña	43	99,5 (185)	99,3 (148)
Comunidad Valenciana	43	100 (39)	100 (53)
Extremadura	43	97,2 (36)	100 (56)
Galicia	43	99,5 (187)	100 (156)
Madrid	43	100 (166)	100 (175)
Navarra	43	100 (241)	99,6 (274)
País Vasco	43	98,8 (564)	96,1 (588)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

Anexo 1

Tabla 3. Número de muestras secuenciadas en España por linaje y por semana epidemiológica entre las semanas 27 y 42 (5 de julio a 24 de octubre) de 2021 notificadas a SiViEs.

	S-27	S-28	S-29	S-30	S-31	S-32	S-33	S-34	S-35	S-36	S-37	S-38	S-39	S-40	S-41	S-42
B.1.617.2	2684	2936	3008	2245	1977	1588	1382	1252	972	842	600	524	411	382	326	124
AY.1	0	0	0	0	2	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.2	0	0	0	0	0	8	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.3	8	3	10	13	1	1	0	1	1	0	1	3	1	3	2	0
AY.3.1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4	31	116	160	234	449	328	320	293	273	284	473	350	274	124	77	27
AY.4.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	1	5	2	7	8
AY.4.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
AY.4.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
AY.5	3	5	13	29	59	34	40	40	30	30	19	42	20	21	3	0
AY.5.1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
AY.6	0	1	1	7	5	7	10	8	1	4	5	5	2	2	0	1
AY.7	1	0	0	8	12	7	3	2	4	2	1	1	0	1	0	0
AY.7.1	1	3	4	23	25	17	23	23	30	14	4	13	4	3	0	1
AY.7.2	0	0	0	1	1	0	1	1	4	2	4	3	1	0	3	2
AY.9	4	28	45	97	155	118	118	118	80	67	59	63	42	23	18	22
AY.10	0	0	0	1	0	1	2	0	1	0	0	0	0	0	2	0
AY.11	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.12	14	31	60	77	151	117	81	55	50	33	12	6	2	0	0	0
AY.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
AY.16	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
AY.17	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
AY.19	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
AY.20	0	0	1	2	2	4	4	1	3	1	2	9	2	0	2	1
AY.21	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.22	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0
AY.23	3	3	3	10	13	23	13	5	6	4	4	3	0	1	0	0
AY.23.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
AY.24	1	0	3	3	6	3	4	4	3	0	0	2	0	0	0	0
AY.25	0	3	5	19	6	9	12	10	3	6	3	12	12	8	4	0
AY.26	0	0	0	1	5	0	2	1	3	2	1	5	8	6	0	0
AY.27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
AY.29	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	2	0	0	0	0	0
AY.29.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
AY.30	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
AY.32	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
AY.33	0	1	1	1	4	6	3	16	21	18	23	57	53	65	30	4
AY.34	0	0	0	0	0	1	0	1	3	3	5	12	20	22	8	1
AY.36	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	2	5	5	3	4
AY.37	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	0	2	1	0	0	0
AY.38	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	3	0
AY.39	1	0	4	4	2	1	2	5	0	1	3	3	10	9	7	1
AY.39.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0
AY.40	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0
AY.43	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	7	27
AY.44	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
B.1.1.7	879	418	301	105	40	19	10	4	4	3	4	0	0	1	0	0
B.1.351	230	145	101	22	5	6	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.351.2	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
P.1	41	25	15	7	4	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0
P.1.2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
P.1.4	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
P.1.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
C.37	25	15	5	2	2	3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
C.37.1	1	1	2	2	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.621	68	58	37	13	26	10	5	3	1	2	0	0	3	1	1	0
B.1.621.1	2	5	0	0	0	1	0	0	0	0	4	1	0	0	0	0
B.1.525	2	7	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.526	8	3	3	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
B.1.617	4	19	24	27	23	13	5	2	2	5	5	0	0	1	1	0
B.1.617.1	7	4	2	6	12	24	44	1	1	0	0	1	0	0	0	0
B.1.617.3	0	2	1	3	0	0	3	1	1	0	0	0	0	0	0	0
B.1.575	4	2	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
P.2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A.28	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.318	5	4	8	4	9	2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
B.1.620	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.324.1	1	1	2	2	0	4	3	2	1	0	0	0	0	0	0	0

AZ.5	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otras variantes	81	47	60	23	28	14	18	12	12	11	4	6	5	0	0	1

Fuente: SiViEs a 5 de noviembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Tabla 4. Número de muestras seleccionadas de forma aleatoria secuenciadas, por linaje y por semana epidemiológica entre las semanas 27 y 42 (5 de julio a 24 de octubre) de 2021 notificadas a SiViEs.

	S-27	S-28	S-29	S-30	S-31	S-32	S-33	S-34	S-35	S-36	S-37	S-38	S-39	S-40	S-41	S-42
B.1.617.2	1547	1340	1460	1121	909	727	628	603	539	451	400	323	264	184	165	61
AY.1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.3	8	2	8	4	1	1	0	1	1	0	0	1	0	1	2	0
AY.3.1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4	27	74	95	133	179	144	157	168	169	162	207	193	132	51	54	20
AY.4.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	2	0
AY.4.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
AY.5	2	3	5	17	18	12	27	25	14	16	11	22	11	13	2	0
AY.6	0	0	1	6	5	7	8	4	1	2	3	3	2	0	0	0
AY.7	1	0	0	7	8	5	3	2	3	1	1	1	0	0	0	0
AY.7.1	0	2	1	12	5	5	5	4	4	8	2	1	0	0	0	0
AY.7.2	0	0	0	0	0	0	1	1	4	0	0	1	0	0	0	0
AY.9	3	12	11	38	69	45	50	46	50	50	41	44	25	12	15	18
AY.10	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.12	9	17	18	24	72	65	44	27	28	24	8	4	1	0	0	0
AY.16	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
AY.17	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
AY.19	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.20	0	0	1	2	1	2	1	0	1	0	2	4	0	0	0	0
AY.21	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.23	1	1	2	3	11	21	5	3	2	3	0	1	0	0	0	0
AY.24	0	0	0	1	3	1	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.25	0	0	2	11	5	8	6	2	2	6	3	12	12	7	4	0
AY.26	0	0	0	1	1	0	2	1	3	0	0	1	5	3	0	0
AY.27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
AY.29	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	2	0	0	0	0	0
AY.29.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
AY.30	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
AY.32	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
AY.33	0	0	1	0	0	0	1	2	14	12	13	37	27	46	24	1
AY.34	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	3	9	12	5	3	1
AY.36	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	4
AY.37	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	0	0	1	0	0	0
AY.38	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	3	0
AY.39	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2	1	0	1
AY.39.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0
AY.40	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.43	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	5	10
B.1.1.7	533	213	116	49	21	8	7	1	1	2	3	0	0	0	0	0
B.1.351	121	70	31	4	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.351.2	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
P.1	17	14	3	2	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
P.1.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
C.37	3	0	2	0	0	2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
C.37.1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.621	32	26	15	6	13	1	1	2	0	1	0	0	1	1	0	0
B.1.621.1	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0
B.1.525	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.526	2	1	1	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
B.1.617	2	10	12	10	3	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
B.1.617.1	1	0	1	5	9	23	44	1	0	0	0	1	0	0	0	0
B.1.617.3	0	0	0	2	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
P.2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A.28	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.318	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.620	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.324.1	1	1	1	2	0	4	3	2	1	0	0	0	0	0	0	0
Otra variante	37	18	26	14	5	7	11	5	3	0	2	1	1	0	0	0

Fuente: SiViEs a 5 de noviembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Falta información de 6 CCAA.