



GRUPO PARLAMENTARIO VOX

PREGUNTA CON RESPUESTA POR ESCRITO

A LA MESA DEL CONGRESO DE LOS DIPUTADOS

DON JUAN LUIS STEEGMANN OLMEDILLAS, DON ANTONIO SALVÁ VERD, DON IGNACIO GARRIGA VAZ DE CONCICAO, DON ANDRÉS ALBERTO RODRÍGUEZ ALMEIDA, y DOÑA MERCEDES JARA MORENO, en su condición de **Diputados del Grupo Parlamentario VOX (GPVOX)**, al amparo de lo establecido en los artículos 185 y siguientes del vigente Reglamento del Congreso de los Diputados, presentan la siguiente **pregunta, para la que solicitan respuesta por escrito.**

EXPOSICIÓN DE MOTIVOS

En el informe "Actualización de la situación epidemiológica de la variante B.1.1.7 de SARS-CoV-2 y otras variantes de interés"¹, del Ministerio de Sanidad, de fecha 8 de febrero de 2021, se nos indica en su página 3, que "(...) *Hasta la fecha de este informe se han notificado a nivel nacional más de 470 casos confirmados de esta variante (la B.1.1.7.) en 14 Comunidades Autónomas: Madrid, Andalucía, Cantabria, Baleares, Comunidad*

¹ 2021.02.08_Variantes de SARS-CoV-2 en España (mscbs.gob.es)



Valenciana, Asturias, Murcia, Castilla-La Mancha, Castilla y León, País Vasco, Galicia, Extremadura, Navarra, y Cataluña. Asimismo, Islandia ha comunicado a través del EWRS la detección de 4 casos positivos con esta variante en turistas procedentes de Canarias. Además, se están analizando muestras de otros casos sospechosos en el Centro Nacional de Microbiología y los laboratorios designados de las CCAA”.

Así mismo indica que “(...) Además, varias comunidades han comunicado casos en los que no se ha podido establecer vínculo epidemiológico con Reino Unido”.

Por otra parte, se afirma que: “(...) La distribución de la variante, a fecha de este informe, en España es muy variable. La prevalencia estimada a través del marcador (fallo en la detección del gen S) en la semana 4 de 2021 en cribados aleatorios en laboratorios de distintas CCAA se sitúa en un amplio rango entre el 0,4% y el 53,3%.” Y, asimismo, que “(...) También es desigual la correlación entre muestras en las que falla la detección del gen S y la confirmación por secuenciación”

Concluyen que “(...) Además, hay datos disponibles de algunas CCAA de evolución de las muestras en las que falla la detección del gen S en las últimas semanas que podrían reflejar la expansión de la variante en dichas comunidades” y se ofrece una figura en la que constan sólo cuatro autonomías.

En base a estos motivos, instamos al Gobierno para que responda, por escrito, la siguiente



CONGRESO DE LOS DIPUTADOS

XIV LEGISLATURA

VOX

GRUPO PARLAMENTARIO

PREGUNTA

1.- ¿Cuál es la proporción de casos en los que se ha podido determinar el origen importado?

Palacio del Congreso de los Diputados, a 10 de febrero de 2021

D. Juan Luis Steegmann Olmedillas.

Diputado GPVOX.

D. Antonio Salvá Verd.

Diputado GPVOX.

D. Ignacio Garriga Vaz de Concicao.

Diputado GPVOX.

D. Andrés Alberto Rodríguez Almeida.

Diputado GPVOX.

D^a Mercedes Jara Moreno

Diputada GPVOX.

D^a Macarena Olona Choclán.

Portavoz Adjunta GP VOX