

09 de mayo de 2022

## 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 la infección natural o la vacunación con variantes previas.
- La variante Ómicron es la dominante en estos momentos en España tras haber desplazado a la variante Delta.
- Las medidas de prevención (mascarilla, distancia interpersonal, higiene de manos y ventilación) son eficaces para todas las variantes, incluidas las VOC.

#### Variante Ómicron:

- Mayor capacidad de escape inmune que variantes previas, incremento en transmisibilidad y menor gravedad de los casos.
- Rápida expansión a nivel global. Actualmente predominante en España.
- De acuerdo con los datos de secuenciación y PCR específica el linaje BA.2 es el predominante.
- Mediante secuenciación de muestras aleatorias, en la semana 16 de 2022 (17 a 24 de abril) el porcentaje se sitúa en 100%.
- Respecto a los diferentes linajes: los cribados aleatorios mediante PCR específica para el linaje **BA.2** han detectado en la semana 17 de 2022 (25 de abril a 1 de mayo), porcentajes que oscilan en las diferentes CCAA entre el 83,8% y el 99,4%. Esta misma semana, para el resto de linajes de Ómicron, el rango entre CCAA oscila entre 0,6% y 10%.

#### Otras variantes:

- De acuerdo con los datos de secuenciación asociados a muestreos aleatorios, el resto de variantes del virus (incluida la variante Delta) se mantienen en niveles muy bajos de circulación. En las últimas cuatro semanas analizadas las otras variantes, en conjunto, alcanzan el 0,2% del total.

## 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 (RELECOV) 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.

La variante Ómicron es la variante dominante en España en el momento actual. Comprende cinco linajes (BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 y BA.5) y los sublinajes derivados de éstos. Esta variante presenta un alto número de mutaciones, algunas de las cuales estaban presentes en variantes ya detectadas previamente y varias que se han relacionado con un aumento de la transmisibilidad o con un cierto grado de escape a la respuesta inmune. Entre las mutaciones descritas para los linajes BA.1, BA.3, BA.4 y BA.5 se encuentra la delección 60-70, que produce el fallo de la amplificación del gen S con algunas técnicas de PCR. Esta mutación no está presente en el linaje BA.2. Es considerada como VOC por parte de la OMS, el ECDC y el Comité Técnico Coordinador de RELECOV. BA.1 fue el linaje mayoritario durante la primera fase de expansión y, por tanto, las características descritas para la variante se corresponden con las de este linaje. BA.2, que presenta numerosas diferencias respecto a BA.1, ha ido aumentando hasta convertirse en el linaje predominante a nivel global. No se han encontrado diferencias en el riesgo de hospitalización o en la efectividad de las vacunas entre ambos linajes. Los primeros estudios *in vitro* indican que la infección previa por BA.1 podría ofrecer un grado de protección menor frente a BA.4 y BA.5 que el observado frente a BA.2.

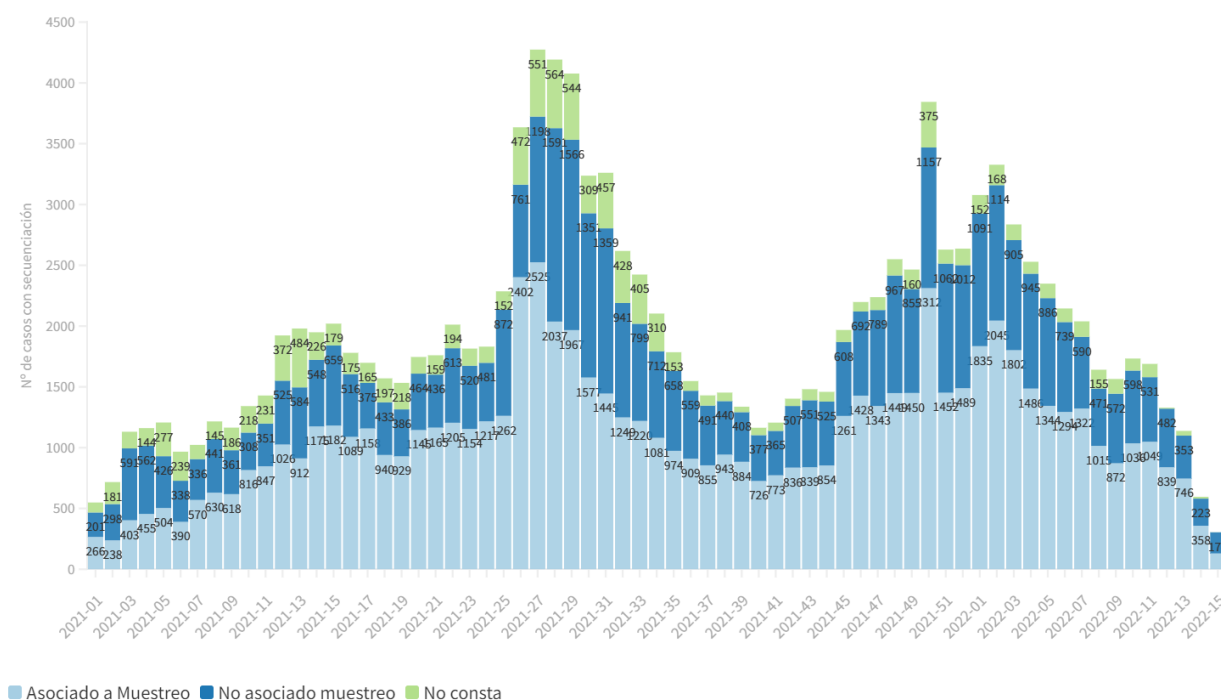
En el momento actual circulan también varios linajes recombinantes que combinan en su genoma fragmentos de otros linajes de las variantes Delta y Ómicron o de diferentes linajes de Ómicron. Entre ellos destaca el linaje XE, recombinante de BA.1 y BA.2 que comparte el gen de la espícula con este último y que, de acuerdo con los últimos informes de Reino Unido, crece en las últimas semanas a un ritmo superior al de BA.2.

## 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.mscbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/Integracion\\_de\\_la\\_secuenciacion\\_genomica-en\\_la\\_vigilancia\\_del\\_SARS-CoV-2.pdf](https://www.mscbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/Integracion_de_la_secuenciacion_genomica-en_la_vigilancia_del_SARS-CoV-2.pdf)).

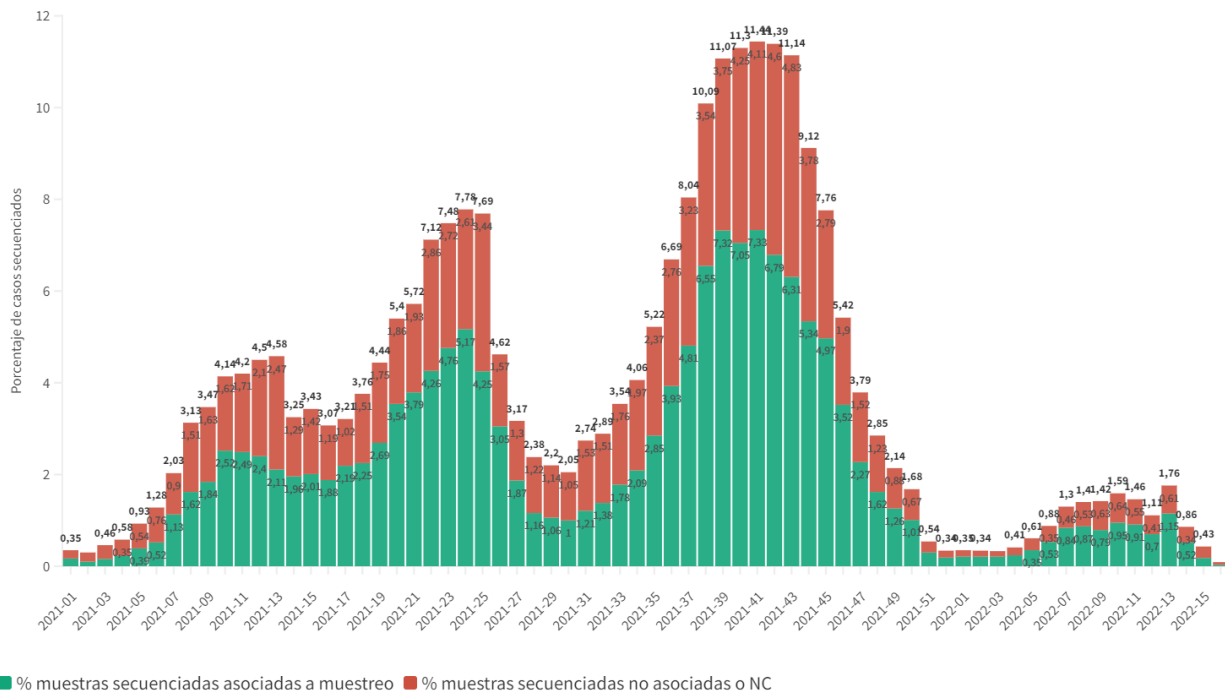
La información disponible en el Sistema de Vigilancia en España (SiViEs) se analiza de forma semanal. Dado que las técnicas de secuenciación completa son laboriosas, los resultados presentan mayor retraso que los cribados con PCR. Desde la semana 1 a la 16 de 2022 (03.01.2022 a 24.04.2022) un promedio de 1774 casos semanales (1075 asociadas a muestreo aleatorio, 609 no asociadas a muestreo aleatorio y 90 en las que no consta esta información) cuenta con información derivada de la secuenciación (Figura 1, tablas 3 y 4). 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 1,3% (con un rango entre 0,3% y 3,1%) (Figura 2).

**Figura 1.** Número de casos secuenciados en España, en las semanas 1 de 2021 a 16 de 2022 (4.01.2021 a 24.04.2022).



Fuente: SiViEs a 06.05.2022. 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 de 2021 a 16 de 2022 (4.01.2021 a 24.04.2022).



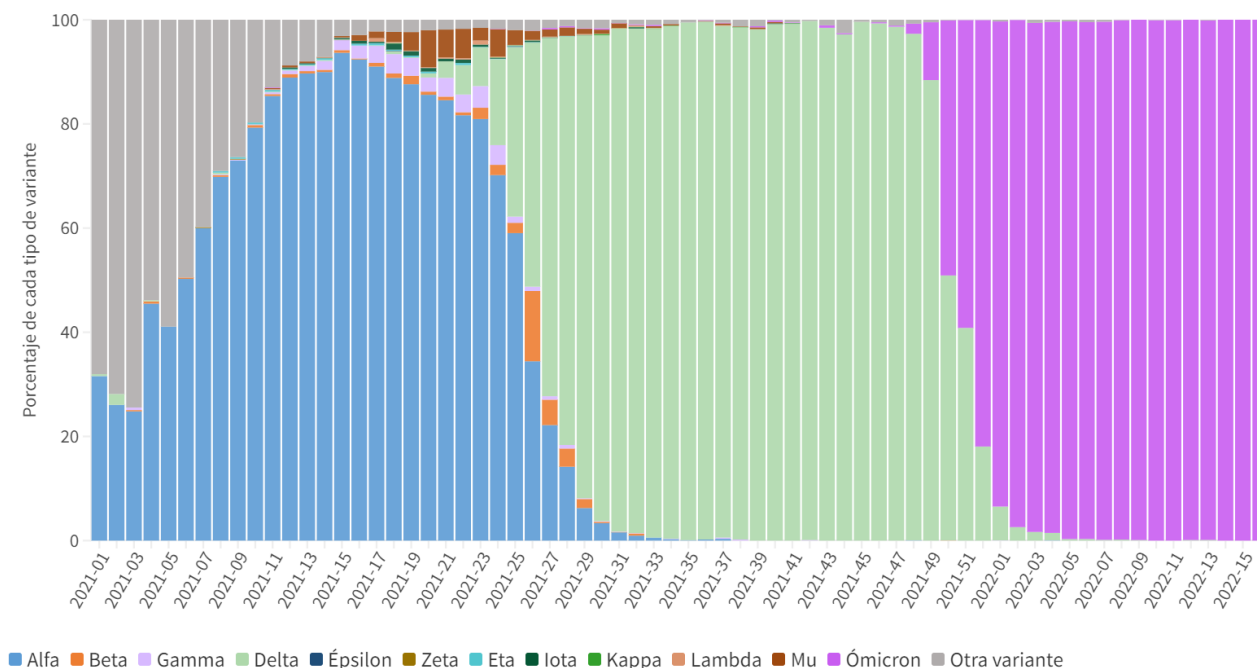
Fuente: SiViEs a 06.05.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

La distribución de variantes respecto al total de muestras aleatorias secuenciadas se representa en la Figura 3. Estos porcentajes no son totalmente 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 la interpretación de esta información. Además, hay que tener en cuenta que, debido al retraso de la información, las últimas semanas son menos valorables.

La información relativa a la semana 16, del 11.04.2022 al 17.04.2022, debe interpretarse con cautela debido al escaso número de muestras secuenciadas aleatoriamente con información disponible (28 muestras de 4 CCAA). La variante **Ómicron** supone un porcentaje de 100% de dichas muestras. Entre los distintos linajes de esta variante, BA.2 se sitúa como el más frecuente (Figura 4). Aunque en niveles muy bajos (inferiores al 2%) en las últimas semanas se han notificado algunas secuencias correspondientes al linaje recombinante XE y al linaje BA.5. 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, en las tablas 3 y 4.

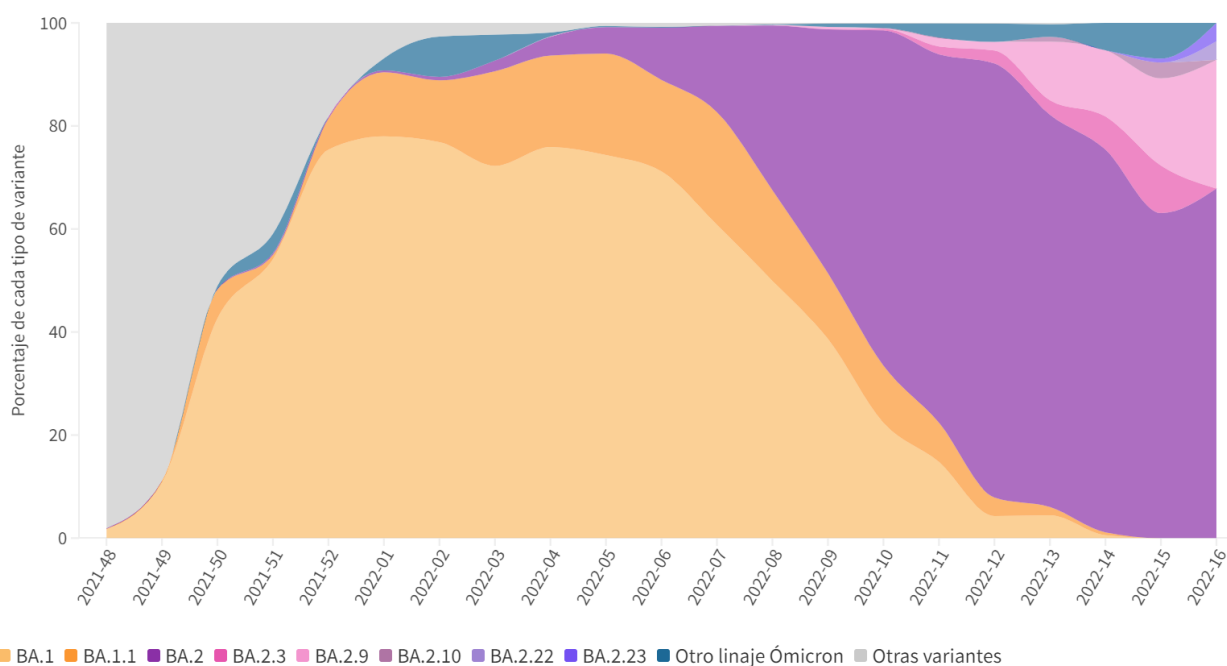
El resto de variantes continúa detectándose a niveles muy bajos. En las últimas 4 semanas analizadas, de las 1262 muestras aleatorias secuenciadas, 2 corresponde a linajes diferentes a los de Ómicron (incluyendo Delta).

**Figura 3.** Porcentaje de cada tipo de variante por semana epidemiológica entre las 1 de 2021 a 16 de 2022 (4.01.2021 a 24.04.2022) entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria



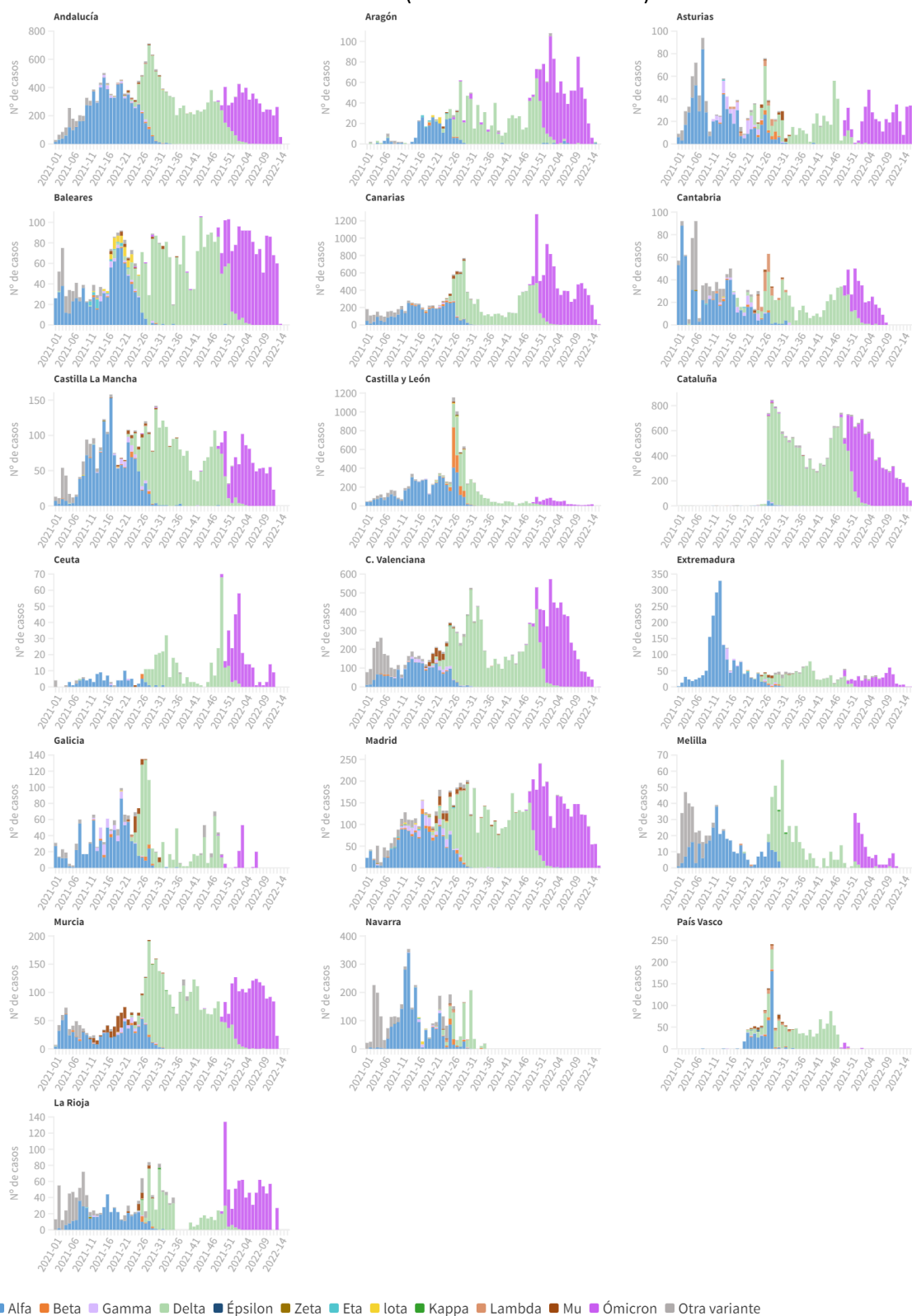
Fuente: SiViEs a 06.05.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

**Figura 4.** Evolución de los linajes de Ómicron entre las semanas 48 de 2021 y 16 de 2022 (29.11.2021 a 24.04.2022) y entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria.



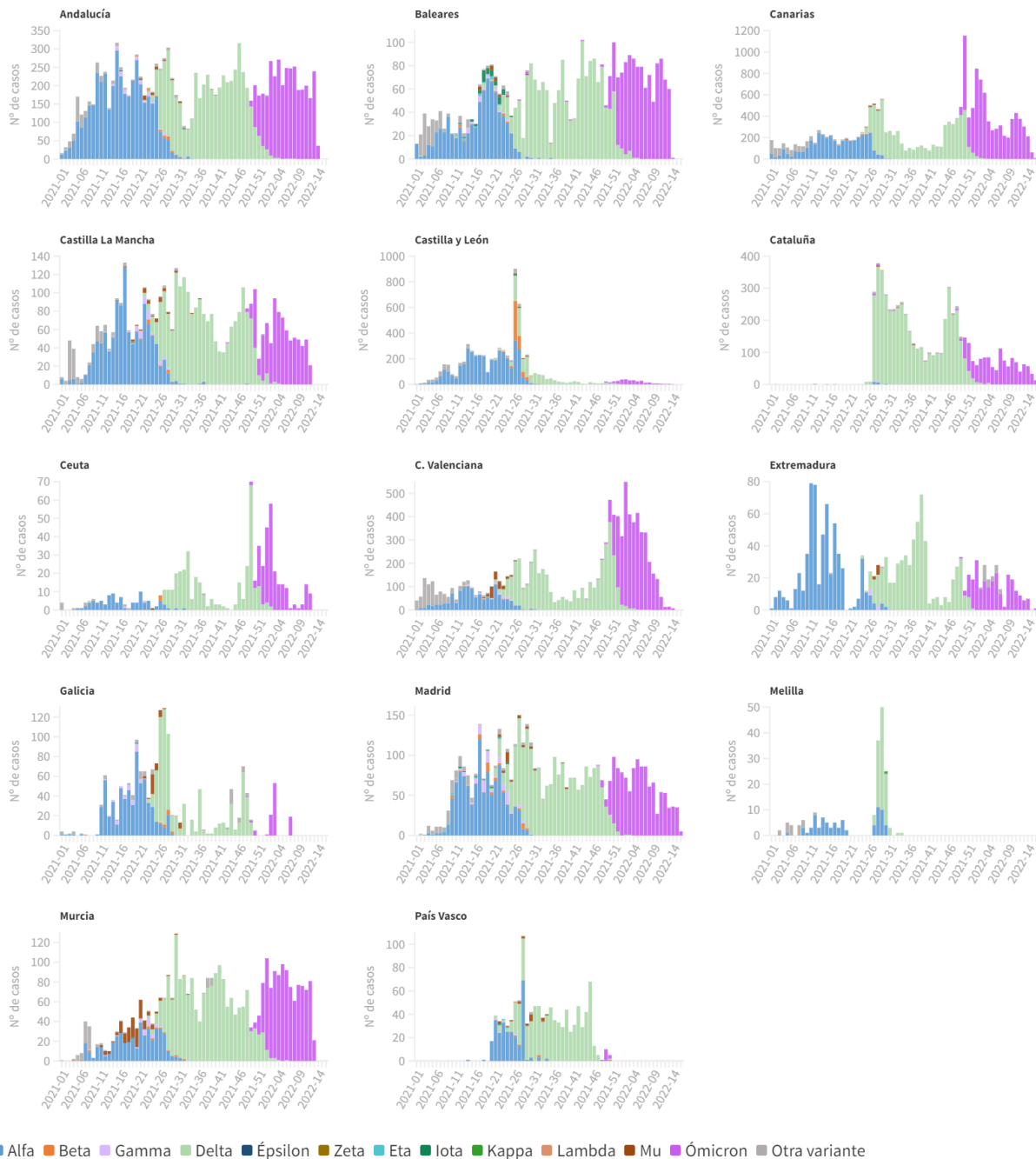
Fuente: SiViEs a 06.05.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

**Figura 5.** Número de secuencias totales por tipo de variante y semana para cada Comunidad Autónoma entre las semanas 1 de 2021 a 16 de 2022 (4.01.2021 a 24.04.2022).



Fuente: SiViEs a 06.05.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

**Figura 6.** 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 de 2021 a 16 de 2022 (4.01.2021 a 24.04.2022).



Fuente: SiViEs a 06.05.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

### 3. Información derivada de los cribados mediante PCR específicas

Los cribados mediante PCR permiten detectar cambios en la frecuencia de estas variantes más rápidamente que la secuenciación. En las tablas 1 y 2 se muestran los resultados de las últimas semanas para el cribado de Ómicron (BA.2) y Ómicron (resto de linajes) <sup>1</sup>.

**Tabla 1.** Porcentaje de probables Ómicron (linaje BA.2) 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 Ómicron (BA.2) (n)	% semana previa (n)
Andalucía	18 (2/5 a 8/5)	97,1 (382)	95,2 (602)
Asturias	17 (25/4 a 1/5)	95,1 (1399)	97 (1097)
Baleares	17 (25/4 a 1/5)	96,4 (306)	95,3 (316)
Canarias	17 (25/4 a 1/5)	98 (750)	97,2 (887)
Cantabria	17 (25/4 a 1/5)	99,4 (477)	98,7 (370)
Castilla- La Mancha	17 (25/4 a 1/5)	89,1 (625)	89 (572)
Castilla y León	17 (25/4 a 1/5)	88,4 (199)	89,5 (190)
Cataluña	17 (25/4 a 1/5)	97,3 (511)	95,7 (358)
Comunidad Valenciana	17 (25/4 a 1/5)	96,9 (160)	100 (64)
Extremadura	17 (25/4 a 1/5)	83,8 (130)	61,6 (112)
Galicia	17 (25/4 a 1/5)	97,8 (1254)	97,8 (1361)
Madrid	17 (25/4 a 1/5)	89,7 (301)	78,5 (372)
Navarra	17 (25/4 a 1/5)	98,1 (215)	95,3 (211)
País Vasco	17 (25/4 a 1/5)	88,9 (2263)	94,8 (1684)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

<sup>1</sup> En la comunidad de Aragón se realizó un cribado capaz de detectar Ómicron (cualquiera de los linajes): en la semana 17 el 100% de las muestras probadas (104) resultaron compatibles con esta variante.



**Tabla 2.** Porcentaje de probables Ómicron (resto de linajes) 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 Ómicron (resto de linajes) (n)	% semana previa (n)
Andalucía	18 (2/5 a 8/5)	3,2 (382)	2,9 (602)
Asturias	17 (25/4 a 1/5)	3,2 (1399)	1,6 (1097)
Baleares	17 (25/4 a 1/5)	3,3 (306)	4,3 (447)
Canarias	17 (25/4 a 1/5)	1,1 (750)	0,9 (887)
Cantabria	17 (25/4 a 1/5)	0,6 (474)	1,9 (377)
Castilla- La Mancha	17 (25/4 a 1/5)	3,5 (510)	4,6 (351)
Castilla y León	17 (25/4 a 1/5)	7,1 (379)	2,7 (185)
Cataluña	17 (25/4 a 1/5)	1,9 (788)	1,7 (935)
Comunidad Valenciana	17 (25/4 a 1/5)	3,1 (160)	-
Extremadura	17 (25/4 a 1/5)	10 (130)	34,8 (112)
Galicia	17 (25/4 a 1/5)	2,2 (1254)	2,2 (1361)
Madrid	17 (25/4 a 1/5)	3,7 (301)	18,3 (372)
Murcia	17 (25/4 a 1/5)	5,7 (318)	2 (256)
Navarra	17 (25/4 a 1/5)	1,9 (215)	4,7 (211)
País Vasco	17 (25/4 a 1/5)	1 (2263)	1,2 (1684)

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 1 y 16 de 2022 (03.01.2022 a 24.04.2022) notificadas a SiViEs.

	S-01	S-02	S-03	S-04	S-05	S-06	S-07	S-08	S-09	S-10	S-11	S-12	S-13	S-14	S-15	S-16
B.1.617.2	78	37	21	8	1	1	1	2	1	0	0	0	0	0	0	0
AY.1	2	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
AY.3.1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4	33	12	9	5	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
AY.4.2	7	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4.2.2	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4.2.3	6	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4.4	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4.5	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4.8	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4.9	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.5	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
AY.5.3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.5.4	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.7.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.9	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.9.2	2	2	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.12	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
AY.19	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.20	1	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.25	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.29.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.33	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.34	6	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.34.1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.36	2	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.39	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.42	5	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
AY.43	45	27	15	9	3	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.43.3	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.43.4	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.44	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.46	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.46.6	2	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.50	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.57	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.66	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.72	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.87	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.88	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.93	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.98	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.98.1	3	0	2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
AY.100	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.101	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.102	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.106	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.111	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
AY.112	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.113	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.121	4	1	1	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.122	7	0	3	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.123	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.124	3	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.125	8	3	1	2	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0

AY.126	1	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.127	14	4	2	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
AY.133	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.7	1	1	4	3	0	4	2	0	0	0	0	0	0	0	1	0
B.1.351	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.351.3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
P.1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
P.1.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.575	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.529	47	9	10	16	39	53	84	99	114	123	87	71	29	27	0	1
BA.1	2362	2569	1940	1693	1473	1271	991	569	378	201	136	46	55	13	0	2
BA.1.1	310	405	621	598	615	474	532	362	256	228	130	49	22	4	2	0
BA.1.1.1	3	7	6	7	6	3	8	20	15	20	34	15	2	5	0	0
BA.1.1.4	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.1.1.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
BA.1.1.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.1.1.14	0	2	1	0	0	0	0	0	3	0	2	1	0	0	0	0
BA.1.1.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	1	1	0	0	0
BA.1.1.16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.1.3	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.7	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.1.8	24	85	40	4	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
BA.1.12	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.14	0	0	0	0	0	0	0	3	0	1	0	0	2	0	0	0
BA.1.15	0	1	1	2	0	2	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0
BA.1.15.1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.16	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.17	18	70	45	32	8	13	7	8	7	8	18	9	8	4	2	0
BA.1.17.2	0	3	1	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
BA.1.18	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
BA.2	16	38	74	116	183	298	403	563	748	1092	1188	1037	807	394	192	65
BA.2.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	9	6	3	3	0
BA.2.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
BA.2.3	0	0	0	0	1	0	1	3	5	6	25	36	42	38	25	3
BA.2.3.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	4	0
BA.2.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	3	0	4	4	0
BA.2.6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0
BA.2.7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	3	0	0
BA.2.8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
BA.2.9	0	0	1	1	1	2	0	6	29	29	55	35	132	88	63	14
BA.2.10	0	0	0	0	0	0	0	1	1	3	2	1	8	0	4	0
BA.2.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
BA.2.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	5	3	0	4
BA.2.22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
BA.2.23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
BA.2.31	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
BA.3	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	1	3	2	0	0
BA.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
XE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	2	2	0	0	0
Otros	17	12	21	19	12	13	7	2	4	11	5	3	2	1	0	0

Fuente: SiViEs a 06.05.2022. 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 1 de y 16 de 2022 (03.01.2022 a 24.04.2022) notificadas a SiViEs.

	S-01	S-02	S-03	S-04	S-05	S-06	S-07	S-08	S-09	S-10	S-11	S-12	S-13	S-14	S-15	S-16
B.1.617.2	44	21	7	4	0	1	1	2	1	0	0	0	0	0	0	0
AY.4	18	8	7	2	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
AY.4.2	5	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4.2.2	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4.4	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4.8	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.5	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
AY.5.4	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.9	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.9.2	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.12	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.19	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.20	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.29.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.34	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.34.1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.36	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.39	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.42	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.43	16	8	8	6	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.43.4	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.44	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.46	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.46.6	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.50	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.93	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.98	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.98.1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.102	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.111	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.121	2	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.122	4	0	2	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.124	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.125	4	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.126	1	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.127	3	3	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.133	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.7	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
P.1.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.529	43	6	10	14	34	38	72	86	93	110	60	13	0	0	0	0
BA.1	1388	1566	1292	1114	965	883	732	421	244	122	95	23	33	2	0	0
BA.1.1	228	245	331	264	265	230	289	178	111	115	80	30	12	2	0	0
BA.1.1.1	3	5	6	1	2	0	0	1	5	6	17	7	0	4	0	0
BA.1.1.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.1.1.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.1.1.14	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	2	1	0	0	0	0
BA.1.1.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
BA.1.8	24	84	40	2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
BA.1.15	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.15.1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.17	16	65	40	7	1	2	0	0	1	3	6	6	5	3	1	0
BA.1.17.2	0	3	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.18	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.2	7	14	37	54	69	131	222	325	413	674	750	707	568	266	82	19
BA.2.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	8	5	3	3	0
BA.2.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.2.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	16	21	21	23	12	0
BA.2.3.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0
BA.2.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	4	0	0

BA.2.8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
BA.2.9	0	0	0	1	0	0	0	1	4	1	17	14	85	46	22	7
BA.2.10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	7	0	4	0
BA.2.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
BA.2.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	4	3	0	0
BA.2.22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
BA.2.23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
BA.3	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
XE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	0	0	0
Otros	6	1	11	6	4	6	5	1	0	1	1	0	1	0	0	0

Fuente: SiViEs 06.05. 2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones.