

03 de enero de 2023

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.
- Las medidas de prevención (mascarilla, distancia interpersonal, higiene de manos y ventilación) son eficaces para todas las variantes, incluidas las VOC.

Variante Ómicron:

- Presenta una mayor capacidad de escape inmune que variantes previas, incremento en transmisibilidad y menor gravedad de los casos.
- Se ha expandido rápidamente a nivel global. Actualmente predominante en todo el mundo, incluyendo España.
- Mediante secuenciación de muestras aleatorias, en la semana 49 de 2022 (3 a 11 de diciembre) el porcentaje de Ómicron se sitúa en el 100%.
- Los linajes de Ómicron BQ.1 y derivados de este, incluyendo BQ.1.1, que han demostrado un rápido ritmo de crecimiento en otros países europeos y presentan mutaciones clave en la espícula adicionales a las de BA.4/5, suponen el 79,4% de todas las muestras secuenciadas de manera aleatoria en la semana 49.
- En los análisis en aguas residuales, se encontró un predominio de BA.4/BA.5 a nivel nacional.

Dada la situación actual, en la que existen una gran variedad de linajes circulantes, la mayoría de las técnicas de PCR específicas (capaces de detectar una o un número limitado de mutaciones) no ofrecen la posibilidad de discriminar entre unos y otros. Por este motivo, tanto esta como las próximas actualizaciones no incluyen datos derivados de los cribados mediante PCR.

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 de 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.

La información sobre la prevalencia de las distintas variantes se obtiene a partir la secuenciación del genoma de una selección aleatoria de muestras y su asignación a un determinado linaje. Dada la situación actual, en la que existen una gran variedad de linajes circulantes, la mayoría de las técnicas de PCR específicas (capaces de detectar una o un número limitado de mutaciones) no ofrecen la posibilidad de discriminar entre unos y otros. Por este motivo, tanto esta como las próximas actualizaciones no incluyen datos derivados de los cribados mediante PCR.

Además, esta información se complementa con la derivada de los análisis de aguas residuales del proyecto VATar-COVID-19. Este proyecto está desarrollado por el MITERD y el Ministerio de Sanidad, con el apoyo del Consejo Superior de Investigaciones Científicas, adscrito al Ministerio de Ciencia e Innovación, el CEDEX y las Comunidades Autónomas. Para la detección de las variantes de preocupación se emplea la técnica de RT-PCR cuantitativa en tiempo real dúplex, que permite la detección y estimación de proporciones de mutaciones específicas de las principales variantes de preocupación, presentes concretamente en la diana S. En el caso de no ser posible el análisis de mutaciones específicas para una sola variante o sublinaje (en la mayoría de los casos debido a que dos o más variantes comparten las mutaciones presentes en el gen S), se realiza el análisis por RT-qPCR dúplex de la mutación presente en el menor número de variantes.

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. BA.1 fue el linaje mayoritario durante la primera fase de expansión. BA.2, que presenta numerosas diferencias respecto a BA.1, fue aumentando hasta convertirse en el linaje predominante a nivel global desde marzo hasta junio de 2022.

Posteriormente, los linajes BA.2.12.1, BA.4 y BA.5, que mostraban una ventaja de crecimiento sobre BA.2, fueron aumentando progresivamente su prevalencia a nivel global. Las mutaciones presentes en estos linajes suponen un importante cambio antigénico (particularmente frente a BA.1) lo cual les otorga un mayor escape inmune. Con un mayor ritmo de crecimiento, BA.5 se impuso finalmente como linaje dominante desde el mes de julio. En España, este reemplazo de BA.2 por BA.5 se produjo a mediados del mes de junio coincidiendo con un aumento en la incidencia.

En estos momentos, se han detectado numerosos linajes, derivados de BA.2, BA.4 y BA.5 o recombinantes, con mutaciones que podrían relacionarse con un mayor escape a la respuesta inmune frente a variantes previamente circulantes. El hecho de que compartan una o varias mutaciones clave indica que, muy probablemente, son fruto de la presión selectiva ejercida por los niveles actuales de inmunidad en la población. Entre ellos destacan algunos con pocas diferencias pero que se han detectado en niveles significativos como son BA.4.6 o BF.7. Y otros, detectados en porcentajes mucho menores, pero con muchas más diferencias en su perfil de mutaciones respecto a los linajes dominantes que, *in vitro*, demuestran una

capacidad mayor de evasión de la respuesta inmune (desarrollada por infección previa, vacuna, infección de brecha o anticuerpos monoclonales). Entre estos destacan: BA.2.3.20, BA.2.75.2, CA.1, BR.2, BN.1, BM.1.1.1, BU.1, BQ.1, BQ.1.1, y XBB y linajes derivados de todos ellos.

El 20 de octubre de 2022, el ECDC designó el linaje BQ.1 y sus sublinajes, incluyendo BQ.1.1, como variantes de interés. Actualmente estos linajes son los dominantes en nuestro país y en los países de nuestro entorno. El 8 de diciembre se designó también como variante de interés al linaje recombinante XBB. Por el momento no existen indicios de que ninguno de estos linajes se relacione con una mayor gravedad de los casos.

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.sanidad.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/Nueva_estrategia_vigilancia_y_control.pdf).

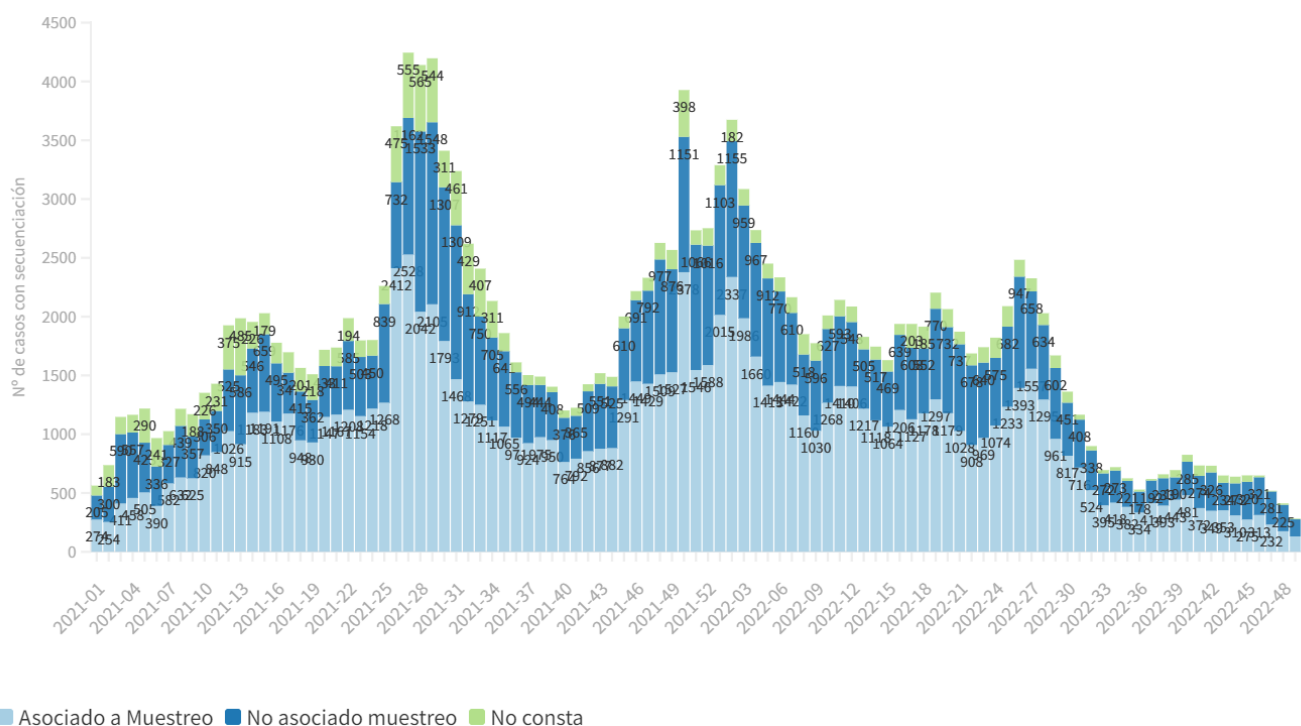
La información disponible en el Sistema de Vigilancia en España (SiViEs) se analiza de forma semanal. Dado el tiempo requerido para la secuenciación así como para la transmisión de la información, los resultados presentan cierto retraso.

Entre las semanas 35 y 50 de 2022 (29.08.2022 a 18.12.2022) un total de 9263 casos disponen de información de secuenciación en SiViEs, con un promedio de 578 casos semanales (figuras 1). Esta cifra supone un 3,2% del total de casos de COVID-19 detectados en ese periodo (figura 2). Las figuras 3 y 4 muestran el número y porcentaje de casos con información de secuenciación por semana y comunidad autónoma.

En cuanto a la prevalencia de las diferentes variantes, se analizan, para cada semana, los datos disponibles a partir de muestras secuenciadas aleatoriamente. 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 tiempo necesario para poder disponer de la información, las semanas recientes son siempre menos valorables.

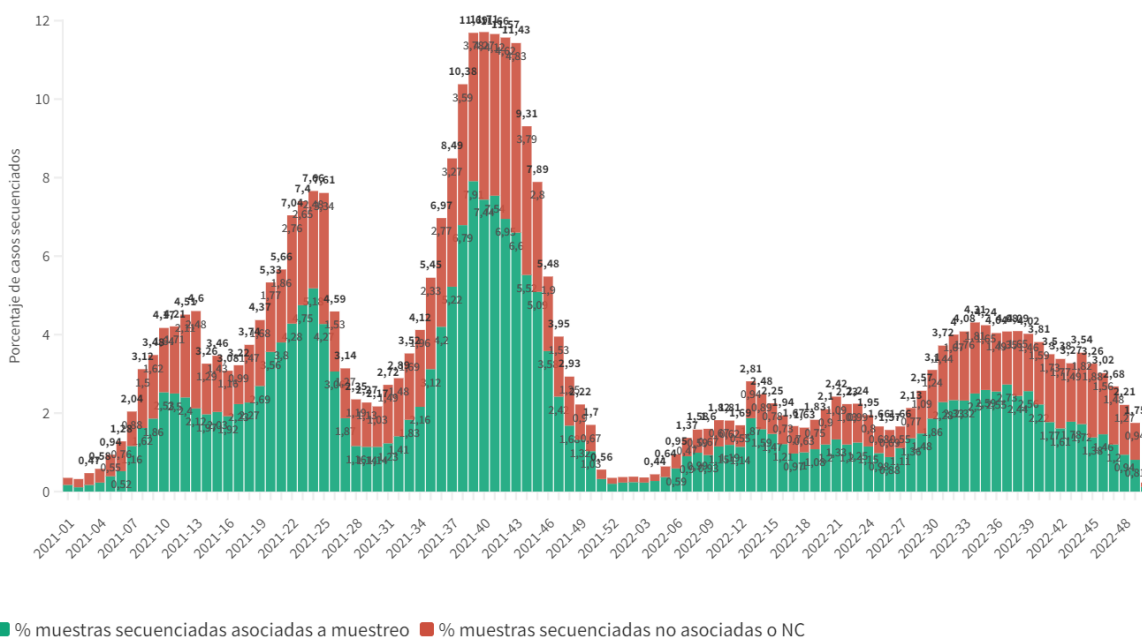
Dado el escaso número de muestras secuenciadas aleatoriamente con información disponible en la semana 50, se analizan los datos hasta la semana 49 (05.12.2022 a 11.12.2022), en la que se dispone de un mayor número de datos (131 secuencias de 10 comunidades autónomas). El 100% de los casos en esa semana corresponden a la variante Ómicron (figura 5). Dentro de los linajes de esta variante, predominan BQ.1 y los linajes derivados del mismo (incluyendo BQ.1.1) que suponen el 79,4% (Figura 6). 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 4 y 5.

Figura 1. Número de casos con información de secuenciación en España, en las semanas 1 de 2021 a 50 de 2022 (04.01.2021 a 18.12.2022).



Fuente: SiViEs a 30.12.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

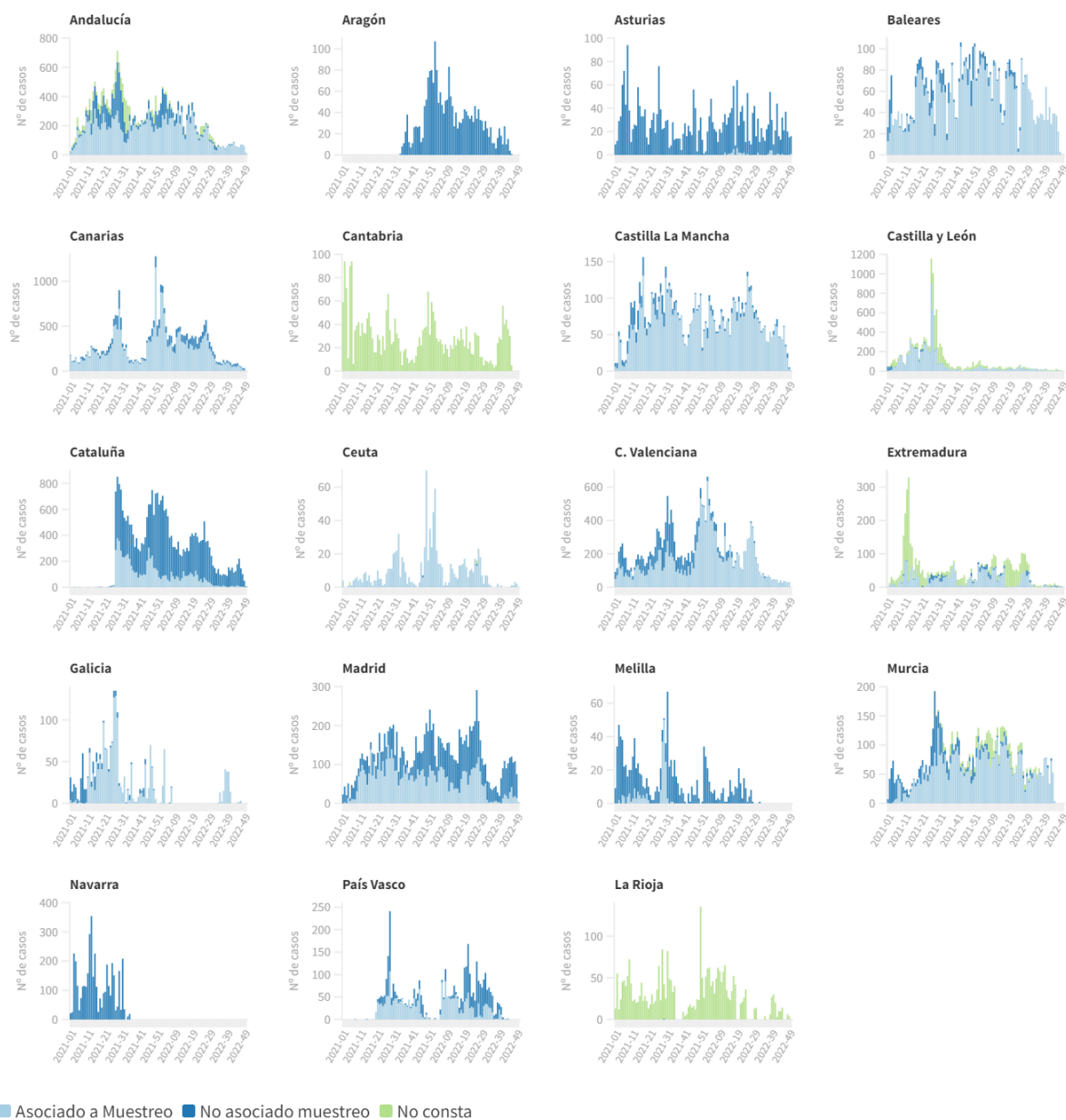
Figura 2. Porcentaje de casos con información de secuenciación respecto del total de casos en cada comunidad (de aquellas para las que hay información disponible) en las semanas 1 de 2021 a 50 de 2022 (4.01.2021 a 18.12.2022).



Fuente: SiViEs a 30.12.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Figura 3. Número de casos con información de secuenciación por semana epidemiológica secuencias totales por tipo de variante y semana para cada Comunidad Autónoma en función de si están asociados a muestreo aleatorio entre las semanas 1 de 2021 a 50 de 2022 (4.01.2021 a 18.12.2022).

Nº de casos con resultado de secuenciación por semana epidemiológica de diagnóstico en función de si el análisis está asociado a muestreo o no



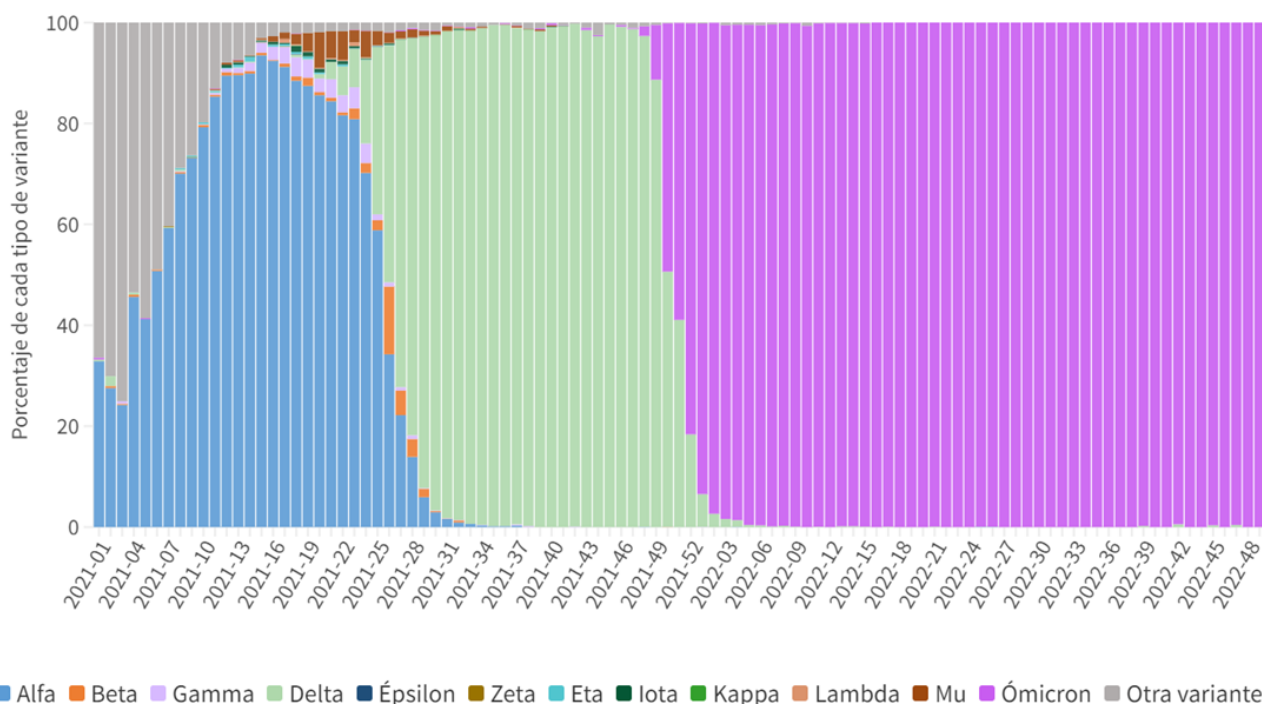
Fuente: SiViEs a 30.12.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Figura 4. Porcentaje de casos con información de secuenciación por semana epidemiológica secuencias totales por tipo de variante y semana para cada Comunidad Autónoma en función de si están asociados a muestreo aleatorio entre las semanas 1 de 2021 a 50 de 2022 (4.01.2021 a 18.12.2022).



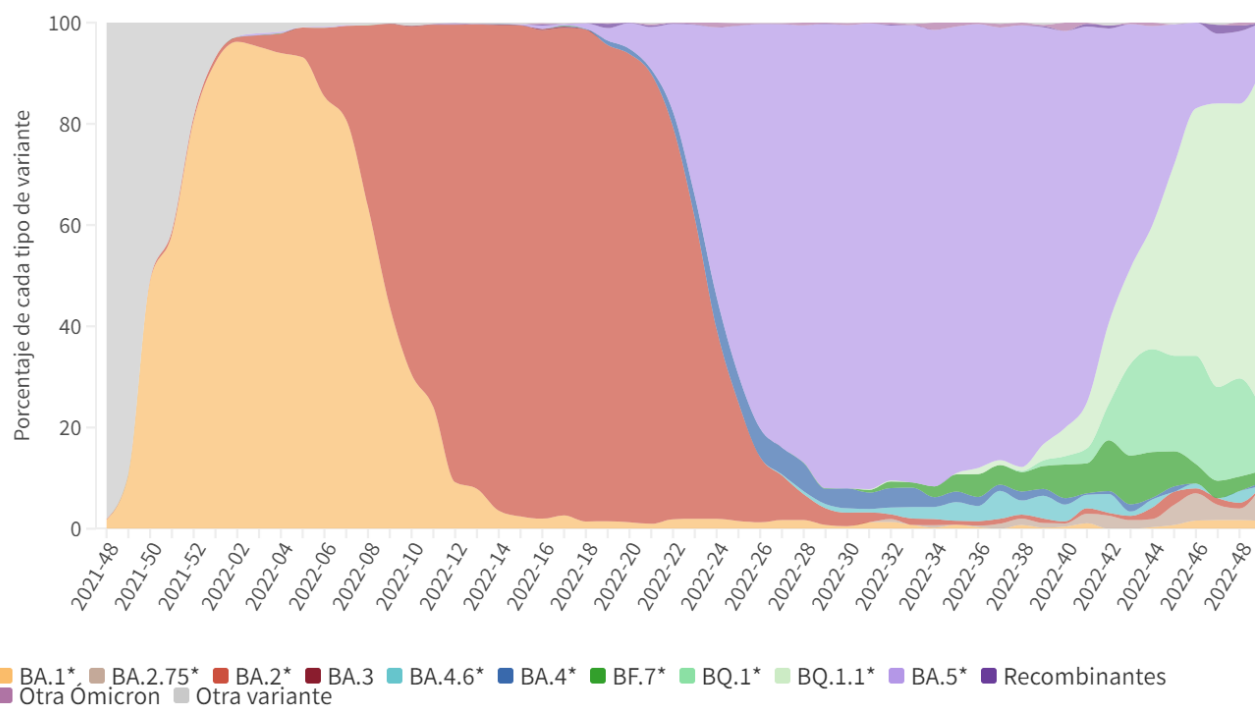
■ % muestras secuenciadas asociadas a muestreo ■ % muestras secuenciadas no asociadas o NC

Figura 5. Evolución de las variantes de SARS-CoV-2 entre las semanas 1 de 2021 a 49 de 2022 (04.01.2021 a 11.12.2022)



Fuente: SiViEs a 30.12.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Figura 6. Evolución de los linajes de Ómicron entre las semanas 48 de 2021 y 49 de 2022 (29.11.2021 a 11.12.2022) y entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria.



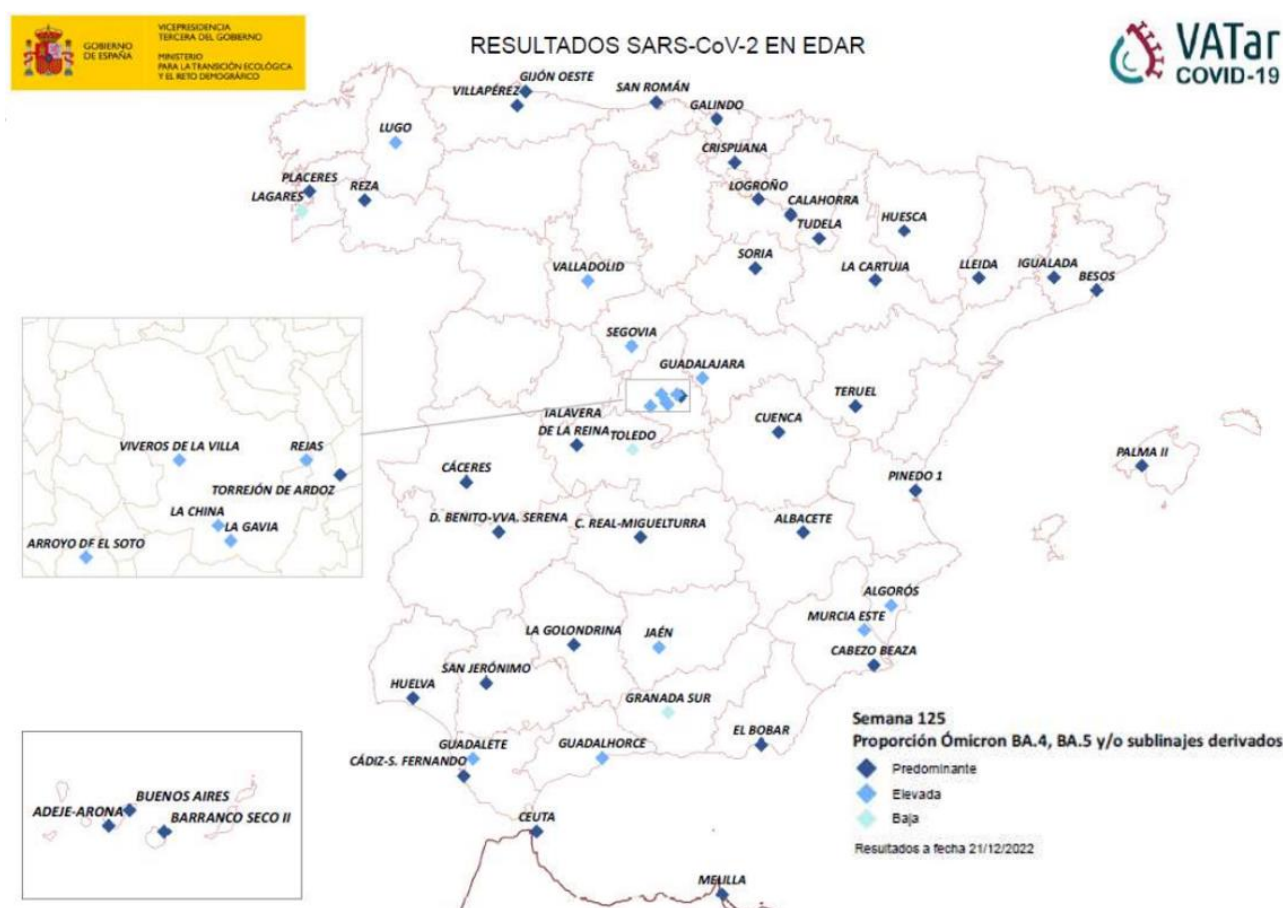
Fuente: SiViEs a 30.12.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

2. Información derivada del análisis de aguas residuales (proyecto VATar-COVID-19)

En la semana del 11 al 17 de diciembre de 2022 (última semana con información disponible), la variante Ómicron se detecta en las 54 estaciones depuradoras de aguas residuales (EDAR) que participan en el proyecto VATar-COVID-19.

Los resultados de las RT-PCR dúplex son compatibles con un predominio de los linajes BA.4/BA.5 (y sublinajes derivados). De las 54 estaciones depuradoras de aguas residuales (EDAR), en 51 la proporción de estos linajes es elevada o dominante (Figura 7).

Figura 7. Variantes dominantes en cada una de las EDAR analizadas mediante RT-PCR dúplex entre el 04.12.2022 y el 11.12.2022



Fuente: Ministerio de Transición Ecológica y Reto Demográfico.

Más información sobre estos resultados y sobre el proyecto VATar-COVID-19 se encuentra disponible en: <https://www.miteco.gob.es/es/agua/temas/concesiones-y-autorizaciones/vertidos-de-aguas-residuales/alerta-temprana-covid19/>

Anexo 1

Tabla 4. Número de muestras secuenciadas en España por linaje y por semana epidemiológica entre las semanas 35 y 50 de 2022 (29.08.2022 a 18.12.2022) notificadas a SiViEs.

	S-35	S-36	S-37	S-38	S-39	S-40	S-41	S-42	S-43	S-44	S-45	S-46	S-47	S-48	S-49	S-50
B.1.617.2	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
AY.4	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
AY.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
AY.33	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
AY.43	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.45	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.73	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
AY.126	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.7	2	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.519	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.160	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.177	0	0	1	3	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.177.32	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.560	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A.2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.529	0	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	2	1	3	3	0
BA.1	3	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
BA.1.1	0	0	0	1	1	1	5	0	0	0	1	2	3	0	0	0
BA.1.1.1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.15	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.17	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.2	6	1	4	7	13	3	7	2	5	2	2	1	0	3	0	0
BA.2.3	1	1	0	0	0	0	2	2	0	1	0	0	1	0	0	0
BA.2.3.15	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.3.20	0	0	1	0	1	0	4	1	1	4	5	1	1	0	0	0
BA.2.9	1	2	1	2	0	0	3	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.2.10.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	2	0	0	0
BA.2.12.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.34	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.38	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.54	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.56	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.65	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.75	0	1	2	2	3	2	2	4	8	6	9	4	5	3	7	1
BA.2.75.1	0	0	2	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0

BA.2.75.2	0	0	0	1	0	2	5	2	4	0	0	1	0	0	1	0
BA.2.75.4	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.75.5	0	1	0	0	1	1	2	1	1	1	0	0	0	1	0	0
BA.4	8	4	6	11	7	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.1	3	5	2	1	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	1	0
BA.4.1.6	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.1.8	0	1	0	0	0	0	0	0	3	0	2	0	0	0	0	0
BA.4.1.9	0	0	0	0	2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.4.1.10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.4.2	0	0	1	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.6	27	30	36	25	28	26	26	19	4	5	2	5	1	4	0	0
BA.4.6.1	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.6.2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.6.3	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.6.4	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.6.5	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.7	0	0	3	3	0	5	2	0	1	1	0	0	0	0	0	0
BA.5	58	16	34	59	47	63	20	10	5	5	2	3	3	2	0	0
BA.5.1	204	149	189	172	160	156	128	85	53	42	21	36	8	3	2	0
BA.5.1.1	3	2	1	1	2	1	2	0	2	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.2	2	10	4	1	2	0	2	2	1	2	1	0	0	1	0	0
BA.5.1.3	3	6	2	5	2	6	5	10	1	2	2	2	0	0	0	0
BA.5.1.5	3	4	7	11	9	12	11	13	7	9	10	4	5	3	0	1
BA.5.1.9	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.10	1	4	9	4	5	7	7	5	2	5	3	1	1	0	0	0
BA.5.1.12	1	1	2	3	5	1	1	1	2	0	1	1	0	0	0	0
BA.5.1.15	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.17	0	0	0	0	2	1	3	2	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.19	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.5.1.21	0	0	0	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.22	0	3	5	4	4	4	2	2	2	1	0	1	0	0	0	0
BA.5.1.23	3	6	7	10	7	7	13	8	8	11	2	0	1	0	0	0
BA.5.1.24	1	1	0	1	2	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.25	0	0	1	0	0	2	0	0	0	1	1	1	2	0	0	0
BA.5.1.26	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.27	0	0	0	0	0	0	1	1	2	2	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.28	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.30	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.31	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.5.2	104	100	101	78	93	96	85	78	53	36	28	12	6	2	2	0
BA.5.2.1	80	64	70	73	78	70	52	51	25	20	11	14	6	3	0	0
BA.5.2.2	1	2	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0

BA.5.2.3	9	2	8	6	3	8	8	1	2	3	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.4	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.5.2.6	0	0	3	1	6	2	17	6	10	6	3	3	1	3	0	1
BA.5.2.7	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0
BA.5.2.9	0	0	0	2	1	3	0	1	0	3	1	0	0	0	0	0
BA.5.2.12	0	0	0	0	1	0	0	1	8	0	1	0	1	0	0	0
BA.5.2.13	0	0	0	0	0	1	0	3	5	0	6	2	0	3	0	0
BA.5.2.16	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.5.2.18	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0
BA.5.2.20	2	0	4	5	16	26	9	9	4	6	3	1	0	0	0	0
BA.5.2.21	0	0	0	1	2	6	2	4	1	2	0	0	1	0	0	0
BA.5.2.22	0	0	1	2	3	1	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.23	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.5.2.24	0	0	0	1	2	5	7	6	7	1	0	0	1	0	0	0
BA.5.2.25	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.5.2.26	0	3	1	1	1	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.27	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.28	0	0	1	5	1	0	4	1	1	1	0	0	0	0	1	0
BA.5.2.29	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.5.2.33	0	0	0	1	0	0	0	2	2	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.35	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	1	0	2	1	0
BA.5.3	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0
BA.5.3.1	2	3	1	3	3	1	6	2	4	1	2	0	1	1	0	0
BA.5.3.2	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.3.3	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.5	2	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.6	4	3	5	4	2	6	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0
BA.5.6.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.5.8	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.9	4	13	11	9	11	10	8	11	10	6	7	2	0	1	0	0
BA.5.10.1	0	0	0	2	0	0	0	0	1	0	2	0	0	0	0	0
BE.1	7	11	3	7	1	6	4	3	4	1	1	1	0	0	2	1
BE.1.1	30	26	22	28	29	32	18	15	9	11	8	3	5	3	4	0
BE.1.1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
BE.1.1.2	4	1	1	2	1	4	4	2	3	1	0	0	0	0	0	0
BE.1.2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BE.1.2.1	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	3	1	0	0
BE.1.3	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BE.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BE.4.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

BE.4.2	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	1	1	1	2	1	0
BE.7	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.1	2	2	2	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.2	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	2	0	0	0
BF.4	1	0	1	3	1	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.5	9	8	13	23	12	9	11	12	12	12	6	0	0	0	0	0
BF.6	0	4	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
BF.7	22	25	24	31	39	65	51	86	48	45	31	20	14	13	5	1
BF.7.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BF.7.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	2	2	0
BF.7.4.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0
BF.7.5	0	0	0	0	0	2	0	1	4	2	3	2	1	0	0	0
BF.7.6	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	1	1	1	0	0	0
BF.7.7	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0
BF.7.8	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
BF.8	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.10	0	1	2	1	3	3	3	1	5	1	0	0	0	0	0	0
BF.11	0	2	2	3	6	6	7	5	4	6	2	1	0	0	0	0
BF.11.1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.11.5	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	1	0	0	0	0	0
BF.13	0	0	0	0	0	2	0	3	1	0	1	1	0	0	0	0
BF.14	1	1	4	4	3	9	9	3	3	5	1	0	2	0	0	0
BF.24	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BF.26	0	0	0	1	0	2	7	4	1	0	0	1	0	0	0	0
BF.28	0	0	1	1	4	8	2	5	2	0	0	0	0	0	0	0
BF.32	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BL.1	0	0	1	2	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BM.1.1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0
BM.1.1.1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	1	0
BM.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BM.4.1.1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0
BN.1	0	0	0	1	0	1	0	3	3	0	2	2	0	0	0	0
BN.1.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	4	3	1	0
BN.1.2.1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	4	1	1	0	0	1
BN.1.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	4	1	3	3	1	0
BN.1.3.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
BN.1.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	2
BN.1.5	0	0	0	0	0	0	0	2	1	3	3	2	1	1	2	1
BN.1.8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0
BN.3.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	4	1	1	1	0	0
BN.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0

BQ.1	0	0	0	2	8	13	21	37	37	32	62	61	49	35	18	4
BQ.1.1	1	4	5	11	40	67	88	137	126	163	185	222	186	139	113	20
BQ.1.1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	5	1	2	1	2
BQ.1.1.2	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
BQ.1.1.3	0	0	0	0	0	0	0	2	2	0	1	4	0	0	0	0
BQ.1.1.4	0	0	0	0	0	0	0	0	3	7	7	3	8	8	7	1
BQ.1.1.5	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	2	8	2	2	2	1
BQ.1.1.6	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0
BQ.1.1.7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1	2	1	1	1	0
BQ.1.1.8	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	1	1	1	0	1	0
BQ.1.1.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
BQ.1.1.12	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2	2	0	0	0
BQ.1.1.13	0	0	0	0	0	1	0	1	5	10	28	35	36	33	32	4
BQ.1.1.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	2	0	0
BQ.1.1.15	0	0	0	0	1	7	5	9	19	34	37	29	27	26	13	3
BQ.1.1.17	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	2	2	0	0	0
BQ.1.1.18	0	0	0	0	0	0	1	1	4	10	7	13	10	15	8	0
BQ.1.1.19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BQ.1.1.21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0
BQ.1.1.22	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	3	1	2	0
BQ.1.1.24	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
BQ.1.1.28	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
BQ.1.2	0	0	0	0	0	0	0	1	5	3	2	5	2	7	1	0
BQ.1.3	0	0	0	0	0	4	1	2	4	3	10	8	4	3	3	0
BQ.1.4	0	0	0	2	3	1	0	1	2	1	0	0	0	1	1	0
BQ.1.5	0	0	0	0	0	0	0	0	1	4	4	1	6	2	5	0
BQ.1.8	0	0	0	0	0	0	1	3	3	9	7	7	4	4	3	0
BQ.1.8.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BQ.1.8.2	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	1	1	0	3	0	0
BQ.1.9	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BQ.1.10	0	0	0	0	0	0	1	2	1	2	7	8	11	8	4	0
BQ.1.10.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
BQ.1.11	0	0	0	0	0	0	1	0	2	5	11	2	10	1	1	0
BQ.1.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	4	1	0
BQ.1.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	2	1	0	2	0
BQ.1.14	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	4	6	1	1	0	0
BQ.1.15	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	2	2	2	0	0
BQ.1.16	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	2	1	3	0	1	0
BQ.1.18	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	6	10	6	2	0	0
BQ.1.19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
BQ.1.22	0	0	0	0	0	0	3	6	33	33	11	10	5	3	0	0
BQ.1.23	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	1	2	1	1	0

BQ.1.25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
BQ.1.26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	4	0	0
BS.1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BU.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BV.1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BY.1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BY.1.1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
BY.1.1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
CG.1	0	0	0	1	0	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
CH.1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0
CK.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
CK.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
CK.2.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	1	0	0	0
CK.2.1.1	0	0	0	0	0	0	0	2	8	4	11	8	5	4	3	0
CQ.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
CA.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0
CA.7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	6	7	3	0	4	0
CE.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
CJ.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0
CL.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
CM.2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	2	0	0	0	0
CN.1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	3	0
CP.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
CR.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	6	11	1	0
CR.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
DB.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
XAZ	0	0	0	1	2	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0
XBB	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	3	2	0	0
XBB.1	0	0	0	0	0	0	0	2	1	1	0	4	2	2	3	0
XBB.2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	2	1	0
Otros Ómicron	3	1	4	2	1	8	3	2	3	3	2	2	3	3	0	0
Otros	2	0	0	0	0	1	2	3	1	1	1	1	1	1	0	0

Fuente: SiViEs a 30.12.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Tabla 5. Número de muestras seleccionadas de forma aleatoria secuenciadas, por linaje y por semana epidemiológica entre las semanas 35 y 50 de 2022 (29.08.2022 a 18.12.2022) notificadas a SiViEs

	S-35	S-36	S-37	S-38	S-39	S-40	S-41	S-42	S-43	S-44	S-45	S-46	S-47	S-48	S-49	S-50
B.1.617.2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
AY.4	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.43	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
B.1.177	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.560	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.529	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	2	1	3	2	0
BA.1	3	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.1.1	0	0	0	1	1	1	4	0	0	0	1	2	3	0	0	0
BA.2	2	1	1	3	3	2	2	0	2	2	2	1	0	2	0	0
BA.2.3	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0
BA.2.3.20	0	0	1	0	1	0	1	1	1	3	5	1	0	0	0	0
BA.2.9	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.10.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0
BA.2.34	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.38	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.75	0	0	1	2	3	1	2	4	2	1	3	3	0	1	2	1
BA.2.75.1	0	0	2	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.75.2	0	0	0	0	0	0	3	1	2	0	0	1	0	0	0	0
BA.2.75.4	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.75.5	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0
BA.4	5	1	3	4	5	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.1	3	4	2	0	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	1	0
BA.4.1.8	0	1	0	0	0	0	0	0	3	0	2	0	0	0	0	0
BA.4.1.9	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.1.10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.4.2	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.6	14	10	23	11	20	15	10	9	3	5	0	3	0	4	0	0
BA.4.6.1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.6.2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.6.4	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.6.5	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.7	0	0	0	3	0	3	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0
BA.5	26	7	22	28	37	41	9	3	4	3	2	3	3	2	0	0
BA.5.1	131	101	131	119	124	111	83	38	38	23	9	10	4	2	2	0
BA.5.1.1	2	1	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.2	2	10	3	1	2	0	1	2	0	2	1	0	0	0	0	0

BA.5.1.3	1	3	1	4	1	3	2	5	0	1	1	0	0	0	0	0
BA.5.1.5	3	3	1	4	7	8	2	6	4	7	2	3	2	3	0	1
BA.5.1.10	1	4	9	4	3	1	4	2	1	3	1	0	1	0	0	0
BA.5.1.12	1	1	2	2	3	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0
BA.5.1.15	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.17	0	0	0	0	1	1	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.19	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.5.1.21	0	0	0	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.22	0	2	3	3	2	2	0	2	0	1	0	1	0	0	0	0
BA.5.1.23	2	6	6	9	5	4	7	4	5	4	1	0	1	0	0	0
BA.5.1.24	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.25	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0
BA.5.1.27	0	0	0	0	0	0	1	1	2	2	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.28	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.30	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2	62	64	70	42	52	57	46	51	28	18	14	9	3	1	2	0
BA.5.2.1	45	29	41	47	44	39	30	23	15	12	7	9	3	2	0	0
BA.5.2.2	1	2	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.3	7	1	5	4	3	5	7	0	1	1	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.6	0	0	3	1	2	0	10	2	1	1	0	0	0	2	0	1
BA.5.2.7	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0
BA.5.2.9	0	0	0	1	1	2	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.12	0	0	0	0	1	0	0	1	8	0	1	0	0	0	0	0
BA.5.2.13	0	0	0	0	0	0	0	2	3	0	6	2	0	3	0	0
BA.5.2.19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.5.2.20	1	0	3	5	8	13	5	7	2	6	1	1	0	0	0	0
BA.5.2.21	0	0	0	1	2	3	1	3	1	1	0	0	1	0	0	0
BA.5.2.22	0	0	1	1	2	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.23	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.24	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.25	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.5.2.26	0	3	1	1	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.28	0	0	1	5	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.33	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.35	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	2	1	0
BA.5.3	2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0
BA.5.3.1	1	2	1	1	1	0	3	2	4	1	1	0	1	1	0	0
BA.5.5	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.6	3	3	4	1	1	3	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
BA.5.8	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.9	3	13	8	7	8	6	7	8	7	2	4	0	0	1	0	0
BA.5.10.1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0

BE.1	6	6	1	5	1	4	1	2	4	1	1	1	0	0	1	1
BE.1.1	21	14	14	14	21	26	12	8	5	7	8	2	3	3	3	0
BE.1.1.2	2	1	1	1	1	3	3	0	1	1	0	0	0	0	0	0
BE.1.2.1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
BE.4.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BE.4.2	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	1	1	0
BE.7	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.1	2	2	1	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.2	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.4	1	0	1	2	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.5	6	6	11	17	8	7	5	7	7	9	3	0	0	0	0	0
BF.6	0	3	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BF.7	13	15	16	15	20	31	22	35	29	24	15	10	6	5	3	1
BF.7.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
BF.7.4.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0
BF.7.5	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1	3	1	0	0	0	0
BF.7.6	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	1	1	0	0	0
BF.7.7	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.7.8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BF.8	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.10	0	0	1	1	3	1	1	1	4	1	0	0	0	0	0	0
BF.11	0	2	2	1	5	3	5	1	4	4	1	1	0	0	0	0
BF.11.1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.11.5	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0
BF.13	0	0	0	0	0	2	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0
BF.14	1	1	4	2	3	8	8	3	1	3	1	0	2	0	0	0
BF.24	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BF.26	0	0	0	1	0	0	6	3	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.28	0	0	0	0	4	8	2	4	2	0	0	0	0	0	0	0
BL.1	0	0	0	2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BM.1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
BM.1.1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
BM.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BM.4.1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BN.1	0	0	0	1	0	1	0	2	1	0	1	0	0	0	0	0
BN.1.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	1	1	0
BN.1.2.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BN.1.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0
BN.1.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2
BN.1.5	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0
BN.3.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0

BN.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BQ.1	0	0	0	1	5	6	6	14	17	15	19	23	19	14	6	2
BQ.1.1	1	4	4	3	13	27	33	51	54	59	77	108	94	60	59	11
BQ.1.1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	0	1	0
BQ.1.1.2	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
BQ.1.1.3	0	0	0	0	0	0	0	2	1	0	0	2	0	0	0	0
BQ.1.1.4	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	2	1	4	3	5	1
BQ.1.1.5	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	2	0	0	2	0
BQ.1.1.6	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BQ.1.1.7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	2	0	1	1	0
BQ.1.1.8	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	1	0	0	0	0
BQ.1.1.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BQ.1.1.12	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2	2	0	0	0
BQ.1.1.13	0	0	0	0	0	0	0	1	2	4	13	15	14	10	11	2
BQ.1.1.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0
BQ.1.1.15	0	0	0	0	0	0	0	0	3	4	6	6	7	8	5	0
BQ.1.1.17	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	2	1	0	0	0
BQ.1.1.18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	2	5	3	9	4	0
BQ.1.1.21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0
BQ.1.1.22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	1	0	0
BQ.1.1.24	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BQ.1.2	0	0	0	0	0	0	0	1	4	2	1	3	0	6	1	0
BQ.1.3	0	0	0	0	0	2	0	0	3	1	3	7	2	1	1	0
BQ.1.4	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	1	0
BQ.1.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	1	1	1	2	0
BQ.1.8	0	0	0	0	0	0	0	3	2	6	3	6	3	3	2	0
BQ.1.8.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	2	0	0
BQ.1.9	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BQ.1.10	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	3	3	2	1	1	0
BQ.1.11	0	0	0	0	0	0	1	0	2	4	10	1	7	1	1	0
BQ.1.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	1	0	0
BQ.1.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
BQ.1.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	6	1	0	0	0
BQ.1.15	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
BQ.1.16	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0
BQ.1.18	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	5	0	0	0	0
BQ.1.22	0	0	0	0	0	0	3	6	29	31	8	7	3	2	0	0
BQ.1.23	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	2	0	0	0
BQ.1.25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
BQ.1.26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
BS.1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BY.1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

CG.1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CK.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
CK.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
CK.2.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
CK.2.1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	3	1	1	2	0
CA.7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	7	2	0	3	0
CE.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
CJ.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
CL.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
CM.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
CN.1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0
CR.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
XAZ	0	0	0	0	1	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0
XBB	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0
XBB.1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	2	0	0
XBB.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Otros Ómicron	3	1	3	2	1	8	1	0	1	2	0	0	0	1	0	0
Otros	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Fuente: SiViEs 30.12.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones.