

21 de junio 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.
- Mediante secuenciación de muestras aleatorias, en la semana 22 de 2022 (30 de mayo a 5 de junio) el porcentaje de Ómicron se sitúa en 100% y el linaje predominante es BA.2.
- Los cribados aleatorios mediante PCR específica para el linaje **BA.2** han detectado en la semana 23 de 2022 (6 a 12 de junio), porcentajes que oscilan en las diferentes CCAA entre el 33,2% y el 73,8%. Esta misma semana, para los linajes **BA.4 y BA.5** se encuentra entre el 5,4% y el 64,9%.

#### Otras variantes:

- De acuerdo con los datos de secuenciación asociados a muestreos aleatorios, el resto de variantes del virus 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.

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. 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, fue aumentando hasta convertirse en el linaje predominante a nivel global en marzo de 2022.

A lo largo de los últimos dos meses, los linajes BA.2.12.1, BA.4 y BA.5, que han mostrado una ventaja de crecimiento sobre BA.2, han ido 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. Hasta el momento no se han observado diferencias en la gravedad de los casos para ninguno de ellos.

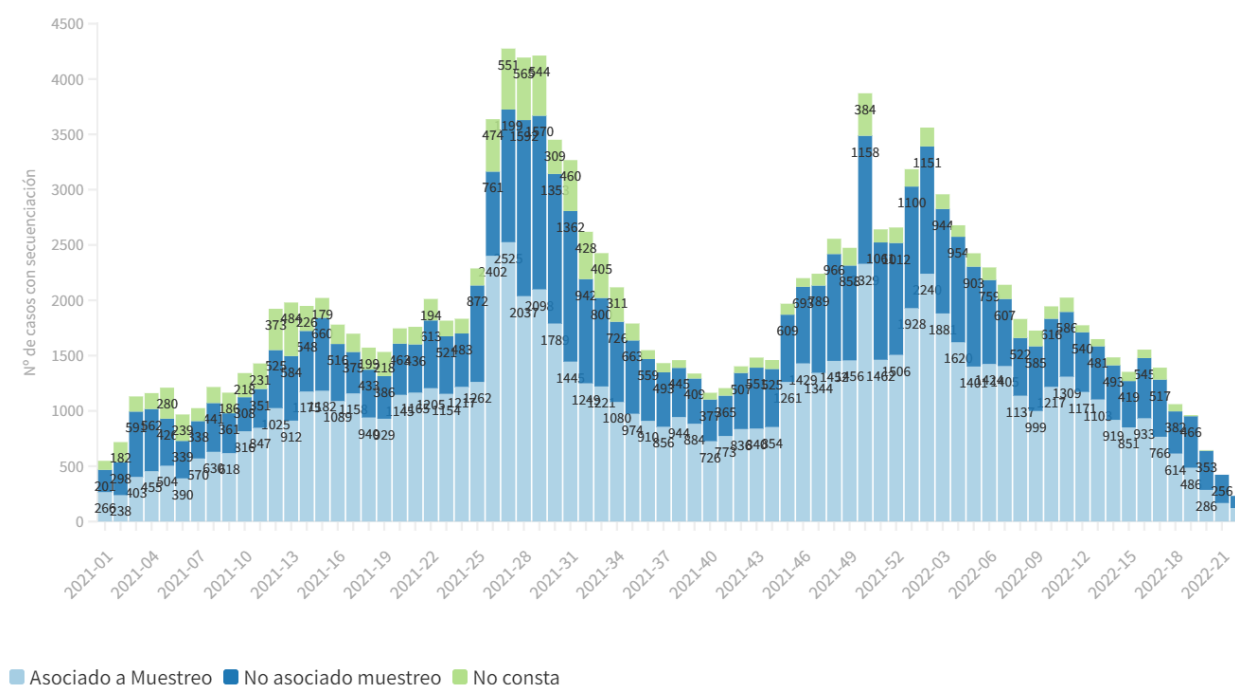
Portugal fue el primer país de nuestro entorno en el que se detectó un aumento del linaje BA.5 que llegó a convertirse en el linaje dominante en el mes de mayo coincidiendo con un aumento en la incidencia de casos de COVID-19. En estos momentos son varios los países, incluido España, en los que uno o varios de estos linajes están desplazando a 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)).

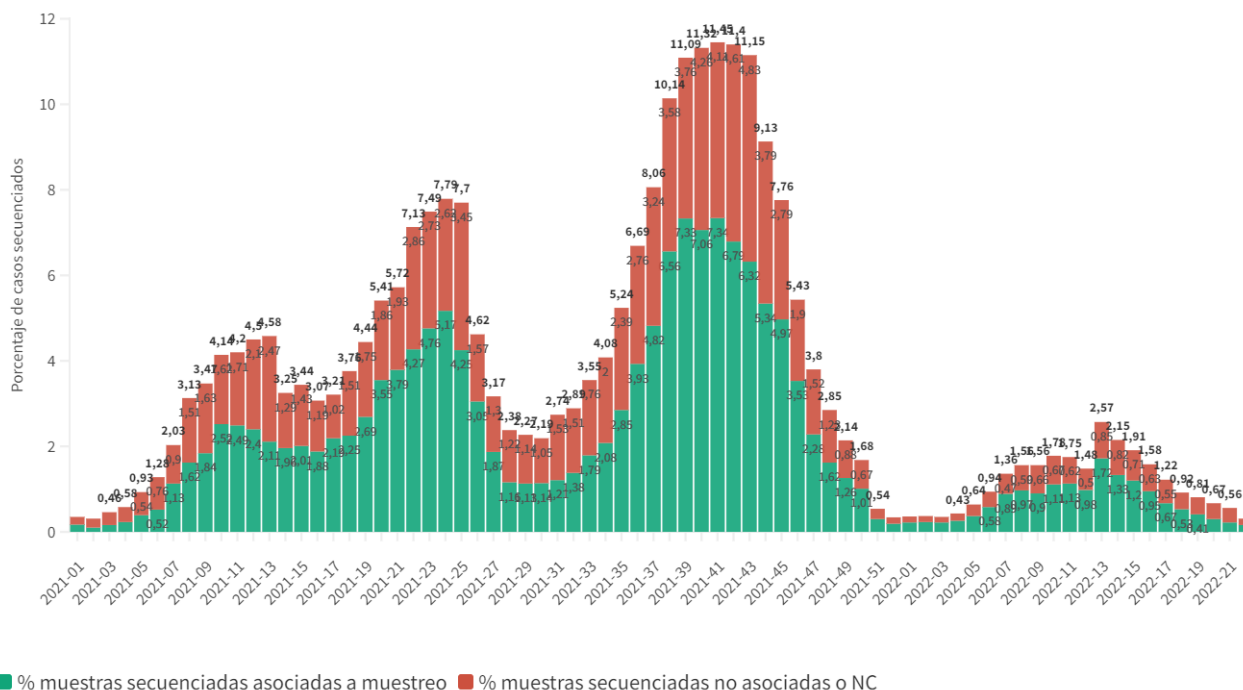
La información disponible en el Sistema de Vigilancia en España (SiViEs) se analiza de forma semanal. Dado que las técnicas de secuenciación completa son laboriosas, los resultados presentan mayor retraso que los cribados con PCR. Desde la semana 7 a la 22 de 2022 (14.02.2022 a 05.06.2022) un promedio de 1387 casos semanales (843 asociadas a muestreo aleatorio, 467 no asociadas a muestreo aleatorio y 77 en las que no consta esta información) cuenta con información derivada de la secuenciación (Figura 1, tablas 4 y 5). 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 1,6% (con un rango entre 1,2% y 2,6%) (Figura 2).

**Figura 1.** Número de casos secuenciados en España, en las semanas 1 de 2021 a 22 de 2022 (04.01.2021 a 05.06.2022).



Fuente: SiViEs a 17.06.2022. 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 22 de 2022 (4.01.2021 a 05.06.2022).



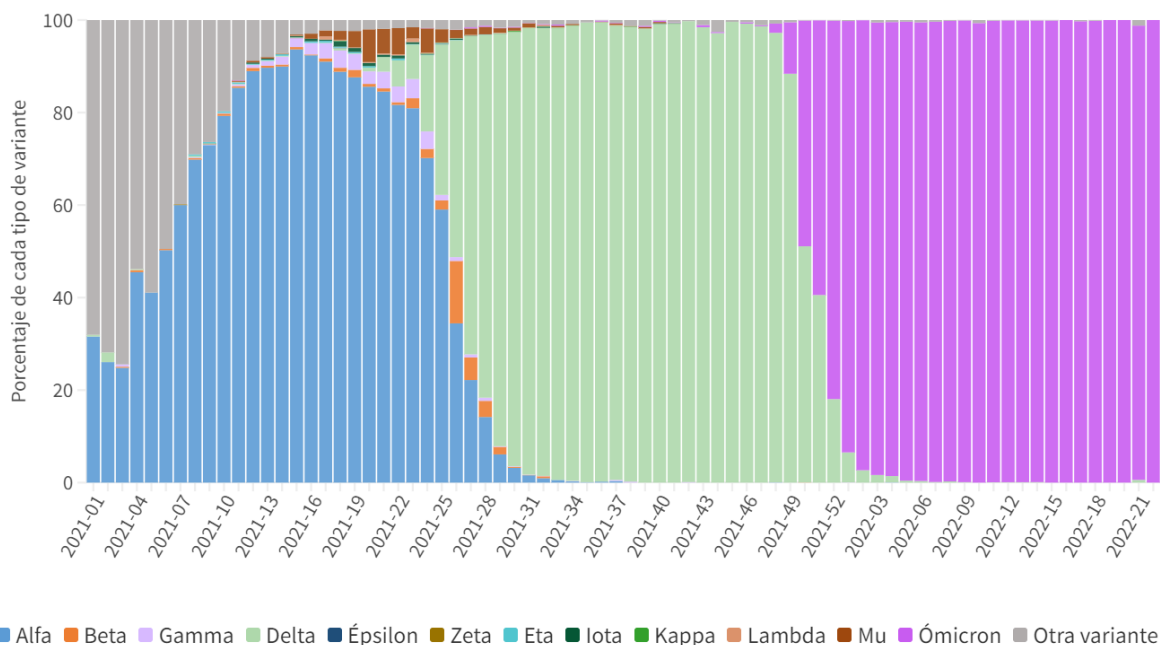
Fuente: SiViEs a 17.06.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

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 22, del 30.05.2022 al 05.06.2022, debe interpretarse con cautela debido al escaso número de muestras secuenciadas aleatoriamente con información disponible (84 muestras de 6 CCAA). La variante **Ómicron** supone un porcentaje de 100% de dichas muestras. Entre los distintos linajes de esta variante, BA.2 continúa siendo el más frecuente seguido de BA.5 (Figura 4). 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.

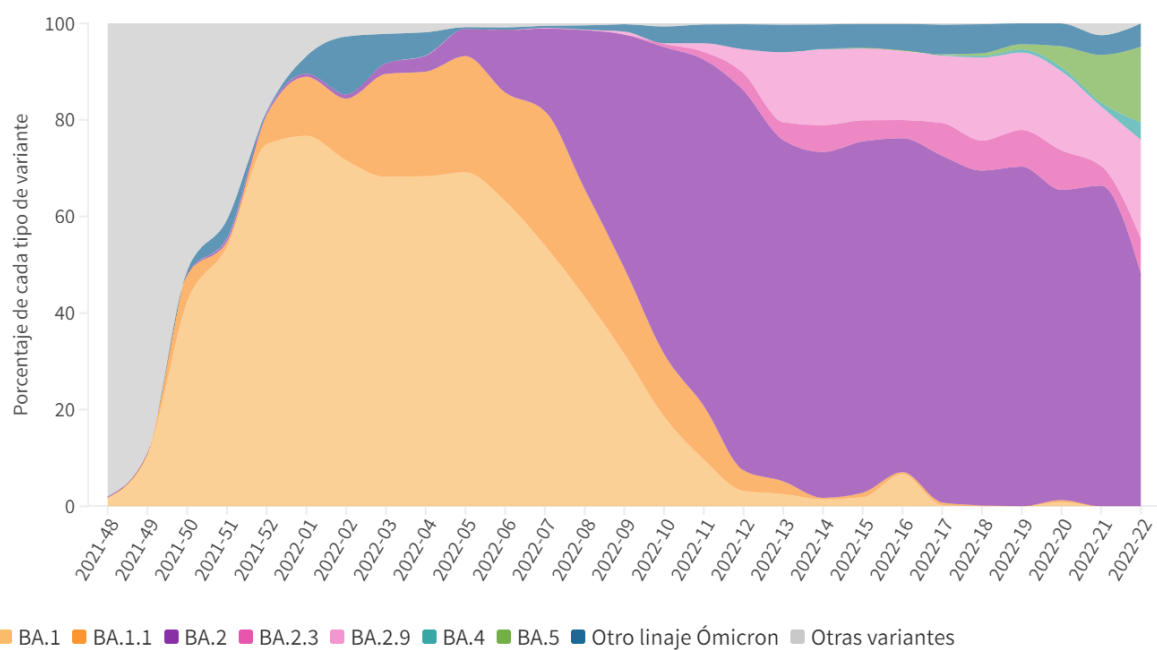
El resto de variantes continúa detectándose a niveles muy bajos. En las últimas 2 semanas analizadas, de las 804 muestras aleatorias secuenciadas, 2 corresponde a linajes diferentes a los de Ómicron.

**Figura 3.** Porcentaje de cada tipo de variante por semana epidemiológica entre las 1 de 2021 a 22 de 2022 (4.01.2021 a 05.06.2022) entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria



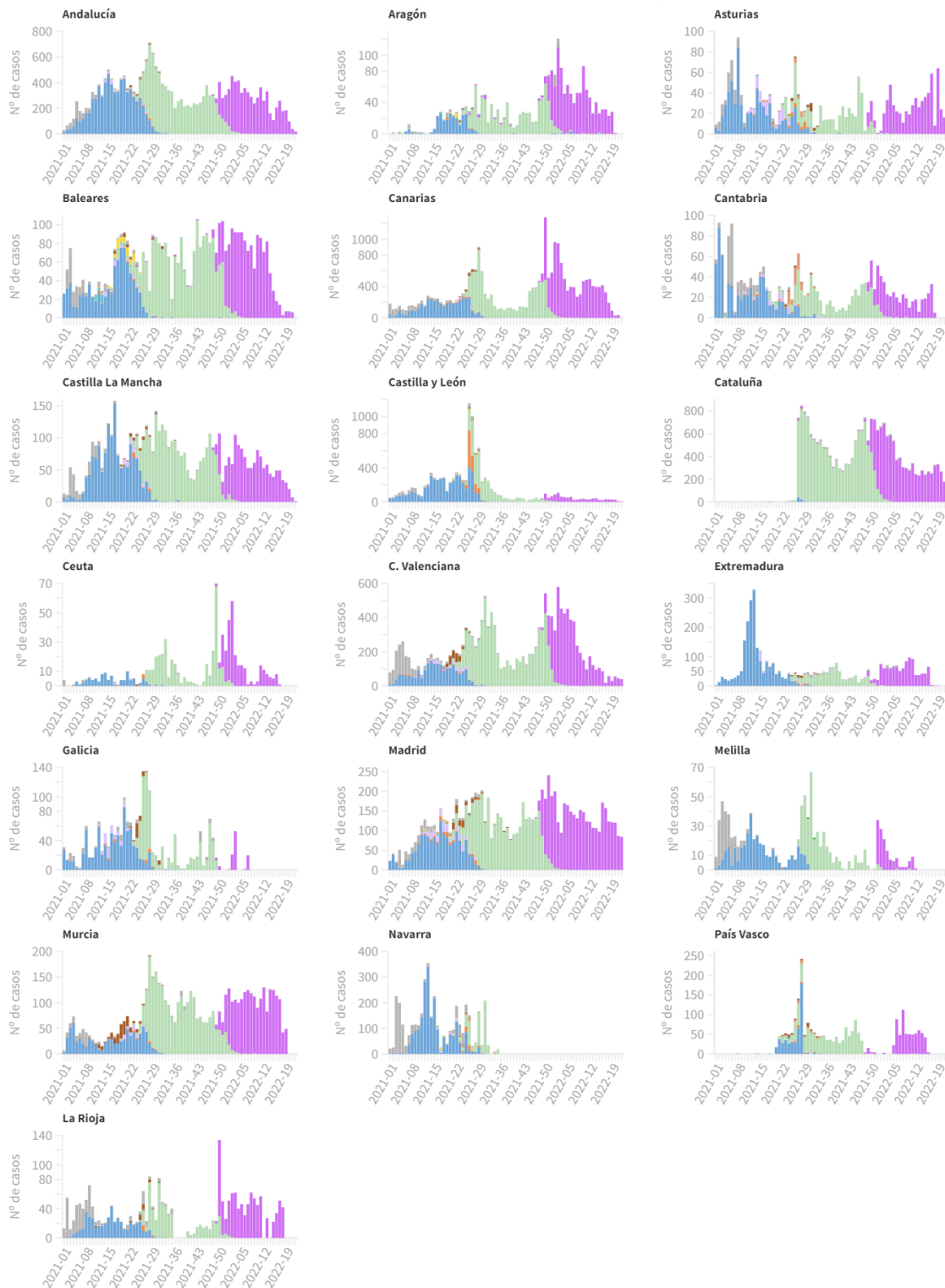
Fuente: SiViEs a 17.06.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

**Figura 4.** Evolución de los linajes de Ómicron entre las semanas 48 de 2021 y 22 de 2022 (29.11.2021 a 05.06.2022) y entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria.



Fuente: SiViEs a 17.06.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

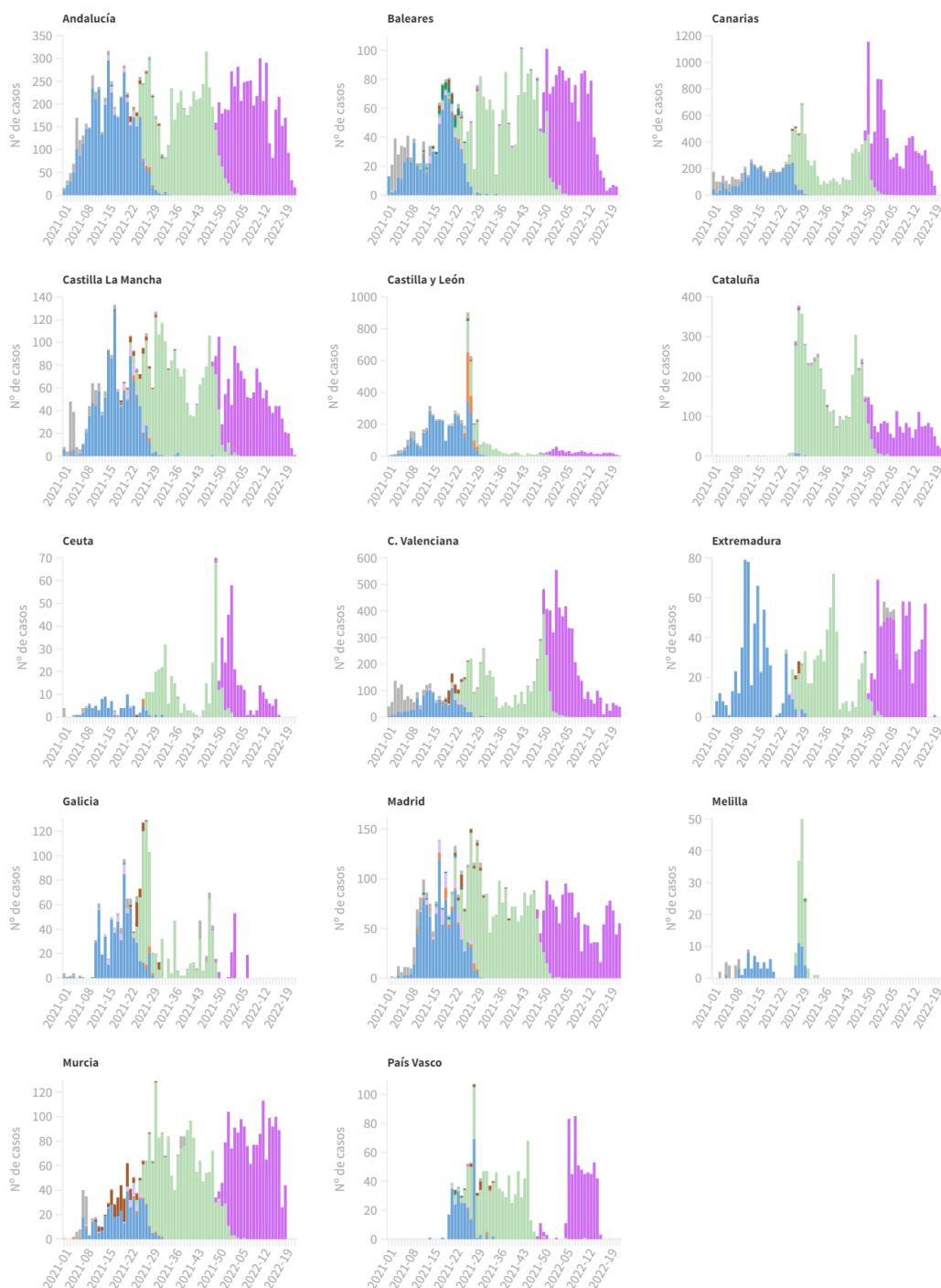
**Figura 5.** Número de secuencias totales por tipo de variante y semana para cada Comunidad Autónoma entre las semanas 1 de 2021 a 22 de 2022 (4.01.2021 a 05.06.2022).



Alfa Beta Gamma Delta Épsilon Zeta Eta Iota Kappa Lambda Mu Ómicron Otra variante

Fuente: SiViEs a 17.06.2022. 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 22 de 2022 (4.01.2021 a 05.06.2022).



Alfa Beta Gamma Delta Épsilon Zeta Eta Iota Kappa Lambda Mu Ómicron Otra variante

Fuente: SiViEs a 17.06.2022. 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, 2 y 3 se muestran los resultados de las últimas semanas para el cribado de Ómicron (BA.2), Ómicron (BA.4 y BA.5) y Ómicron (BA.1 y BA.3). En algunas comunidades el cribado no diferencia entre BA.1, BA.3, BA.4 y BA.5 por lo que todos los resultados compatibles para alguna de estas variables se incluirían en los resultados de la tabla 3. Para aquellas comunidades en las que el cribado es capaz de diferenciar BA.1 y BA.3 de BA.4 y BA.5, los resultados compatibles con BA.4 o BA.5 en la tabla 2 y los resultados compatibles con BA.1 o BA.3 se incluyen en la tabla 3.

**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	24 (13/06 a 19/06)	65,5 (235)	79,2 (336)
Aragón	23 (06/06 a 12/06)	55,6 (45)	80,8 (52)
Asturias	23 (06/06 a 12/06)	47,5 (284)	68,8 (247)
Baleares	23 (06/06 a 12/06)	39,2 (227)	66,7 (159)
Canarias	23 (06/06 a 12/06)	73,8 (751)	85,7 (770)
Cantabria	23 (06/06 a 12/06)	66,1 (127)	82,9 (205)
Castilla- La Mancha	23 (06/06 a 12/06)	69,7 (519)	68,8 (429)
Castilla y León	23 (06/06 a 12/06)	-	70,8 (216)
Cataluña	23 (06/06 a 12/06)	47,5 (402)	72,8 (614)
Comunidad Valenciana	23 (06/06 a 12/06)	96,6 (29)	87,3 (55)
Extremadura	23 (06/06 a 12/06)	52,1 (73)	63,4 (82)
Galicia	23 (06/06 a 12/06)	33,2 (1104)	55,7 (862)
Madrid	23 (06/06 a 12/06)	60,4 (449)	74,3 (385)
Murcia	23 (06/06 a 12/06)	65,5 (58)	94,5 (110)
Navarra	23 (06/06 a 12/06)	54,4 (114)	71,7 (99)
País Vasco	23 (06/06 a 12/06)	57,1 (1224)	81,7 (1737)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.



**Tabla 2.** Porcentaje de probables Ómicron (BA.4, BA.5) 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.4, BA.5) (n)	% semana previa (n)
Andalucía	24 (13/06 a 19/06)	30,2 (235)	14,9 (336)
Aragón	23 (06/06 a 12/06)	44,4 (45)	15,4 (52)
Asturias	23 (06/06 a 12/06)	42,6 (284)	25,9 (247)
Baleares	23 (06/06 a 12/06)	59,9 (227)	31,4 (159)
Canarias	23 (06/06 a 12/06)	10,1 (751)	5,5 (770)
Cantabria	23 (06/06 a 12/06)	33,1 (127)	16,6 (205)
Castilla- La Mancha	23 (06/06 a 12/06)	5,4 (519)	-
Castilla y León	23 (06/06 a 12/06)	-	20,6 (378)
Cataluña	23 (06/06 a 12/06)	39,3 (145)	18,9 (498)
Extremadura	23 (06/06 a 12/06)	47,9 (73)	23,2 (82)
Galicia	23 (06/06 a 12/06)	65,9 (1104)	44,3 (862)
Murcia	23 (06/06 a 12/06)	25,9 (58)	5,5 (110)
Navarra	23 (06/06 a 12/06)	39,5 (114)	25,3 (99)
País Vasco	23 (06/06 a 12/06)	23,1 (1224)	11,7 (1080)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

**Tabla 3.** Porcentaje de probables Ómicron (BA.1, BA.3)\* 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.1, BA.3) (n)	% semana previa (n)
Andalucía	24 (13/06 a 19/06)	4,3 (235)	5,7 (336)
Aragón	23 (06/06 a 12/06)	0 (45)	3,8 (52)
Asturias	23 (06/06 a 12/06)	2,1 (284)	0,4 (247)
Baleares	23 (06/06 a 12/06)	0,9 (227)	1,9 (159)
Canarias	23 (06/06 a 12/06)	4,8 (751)	4,3 (770)
Cantabria	23 (06/06 a 12/06)	0,8 (127)	0,5 (205)
Castilla- La Mancha	23 (06/06 a 12/06)	19,5 (375)	7 (371)
Castilla y León	23 (06/06 a 12/06)	-	28,6 (539)
Cataluña	23 (06/06 a 12/06)	0 (145)	1,6 (612)
Comunidad Valenciana*	23 (06/06 a 12/06)	3,4 (29)	12,7 (55)
Extremadura	23 (06/06 a 12/06)	0 (73)	9,8 (82)
Galicia	23 (06/06 a 12/06)	0 (1104)	0 (862)
Madrid*	23 (06/06 a 12/06)	39,6 (449)	25,7 (385)
Murcia	23 (06/06 a 12/06)	0 (58)	8,8 (68)
Navarra	23 (06/06 a 12/06)	4,4 (114)	2 (100)
País Vasco	23 (06/06 a 12/06)	15 (1224)	8 (1737)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

\*En las CCAA para las que no hay datos específicos de BA.4/BA.5, los resultados compatibles con esos linajes se incluyen en esta tabla junto a los compatibles con BA.1, BA.3.

## Anexo 1

**Tabla 4.** Número de muestras secuenciadas en España por linaje y por semana epidemiológica entre las semanas 7 y 22 de 2022 (14.02.2022 a 05.06.2022) notificadas a SiViEs.

	S-07	S-08	S-09	S-10	S-11	S-12	S-13	S-14	S-15	S-16	S-17	S-18	S-19	S-20	S-21	S-22
B.1.617.2	1	2	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	2	0	0	0
AY.1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.5	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
AY.12	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.42	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
AY.43	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
AY.50	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.66	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.71	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.98.1	0	0	0	0	1	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.118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
AY.125	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
AY.127	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.7	2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
B.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
B.1.1.1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.529	123	166	134	137	96	86	36	34	4	9	0	0	0	0	0	0
BA.1	886	501	332	170	102	36	45	13	13	61	5	1	2	2	0	0
BA.1.1	666	462	338	290	209	74	43	21	16	9	7	2	0	2	0	0
BA.1.1.1	10	28	28	35	42	29	18	14	0	3	1	0	0	2	0	1
BA.1.1.4	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.7	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.10	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.11	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.13	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.14	0	0	4	0	3	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.15	0	0	0	5	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.16	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.3	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.7	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.8	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
BA.1.14	0	3	0	1	1	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.15	0	1	1	1	1	1	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.15.1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.16	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.17	12	16	9	21	27	18	16	9	4	4	2	0	1	0	1	0
BA.1.17.2	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.18	0	0	0	1	1	0	5	1	1	1	3	0	0	0	0	0
BA.1.19	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2	425	632	828	1206	1418	1316	1108	978	939	1036	966	663	558	315	179	77
BA.2.1	0	0	0	2	1	9	6	8	8	8	9	2	3	1	0	1
BA.2.2	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0
BA.2.3	1	3	6	11	32	65	72	100	75	64	95	61	59	37	14	7
BA.2.3.2	0	0	0	0	0	0	0	3	4	0	1	1	0	0	0	0
BA.2.5	0	0	0	3	0	7	1	6	5	5	2	2	1	4	0	1
BA.2.6	0	0	0	1	1	0	1	1	2	6	4	0	0	0	0	1
BA.2.7	0	0	0	0	1	3	0	7	5	2	4	9	3	6	1	1
BA.2.8	0	0	0	0	0	1	0	2	1	2	0	1	1	0	0	0
BA.2.9	2	6	33	32	65	99	240	252	226	273	211	181	156	99	51	29
BA.2.10	0	2	2	3	3	8	15	4	12	10	15	11	6	2	0	0
BA.2.10.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0
BA.2.11	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0
BA.2.12	0	0	0	2	0	2	11	8	5	13	6	6	4	1	1	2
BA.2.12.1	0	0	0	0	0	0	3	3	1	0	1	5	4	8	13	5

BA.2.13	0	0	0	0	1	0	1	1	2	2	1	6	33	5	4	0
BA.2.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	0	0	1
BA.2.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
BA.2.16	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	0	0	0
BA.2.18	0	0	0	0	0	0	0	2	2	4	3	4	22	9	7	2
BA.2.19	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.20	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.22	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	2	2	0	0	0	1
BA.2.23	1	0	0	0	1	0	1	1	12	13	13	10	4	5	1	1
BA.2.25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
BA.2.25.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
BA.2.26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
BA.2.29	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
BA.2.31	0	0	0	0	0	1	0	1	0	2	1	0	1	0	0	0
BA.2.34	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.2.35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1	1	2	0	0	0
BA.2.36	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	6	4	1
BA.2.38	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	3	0
BA.2.41	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
BA.2.56	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
BA.3	0	0	0	1	1	2	3	5	3	3	4	2	2	0	0	0
BA.4	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	3	5	22	17	14	10
BA.5	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	17	13	30	57	73	48
BA.5.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	3	1	2
XE	0	0	0	2	1	2	2	0	0	1	0	1	1	1	0	0
XM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
XQ	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	2	0	0	0
XT	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	2	2	0	0	0
Otros	7	2	5	18	8	4	3	4	5	7	7	9	5	1	7	2

Fuente: SiViEs a 17.06.2022. 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 7 de y 22 de 2022 (14.02.2022 a 05.06.2022) notificadas a SiViEs.

	S-07	S-08	S-09	S-10	S-11	S-12	S-13	S-14	S-15	S-16	S-17	S-18	S-19	S-20	S-21	S-22
B.1.617.2	1	2	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.5	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.42	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
AY.50	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.71	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.529	109	139	113	122	66	23	5	7	4	7	0	0	0	0	0	0
BA.1	650	354	202	104	61	14	23	6	12	55	2	24	20	54	44	38
BA.1.1	391	254	178	158	145	50	29	3	8	4	4	1	0	1	0	0
BA.1.1.1	1	6	12	18	21	17	15	9	0	3	0	0	0	1	0	1
BA.1.1.7	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.11	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.13	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.14	0	0	0	0	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.15	0	0	0	3	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.8	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.14	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.15	0	0	1	1	1	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.1.16	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.17	3	3	2	14	13	11	7	5	2	0	1	0	0	0	0	0
BA.1.18	0	0	0	1	0	0	5	1	1	0	1	0	0	0	0	0
BA.2	240	374	483	773	939	921	779	658	619	645	550	404	326	149	81	41
BA.2.1	0	0	0	2	1	8	5	5	7	5	5	3	2	2	1	0

BA.2.2	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.2.3	0	0	0	8	21	42	41	51	37	35	52	37	35	19	5	6
BA.2.3.2	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.5	0	0	0	1	0	5	1	5	0	1	2	3	0	2	0	1
BA.2.6	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	2	0	0	0	0	0
BA.2.7	0	0	0	0	1	1	0	2	3	1	2	5	0	2	0	0
BA.2.8	0	0	0	0	0	1	0	2	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.9	2	1	6	2	23	58	160	145	127	134	107	105	76	38	15	17
BA.2.10	0	0	0	1	2	7	10	3	10	8	11	6	5	1	0	0
BA.2.10.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0
BA.2.11	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0
BA.2.12	0	0	0	0	0	2	8	6	4	4	4	3	0	0	1	0
BA.2.12.1	0	0	0	0	0	0	3	3	0	0	0	0	0	3	0	1
BA.2.13	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1	3	0	0	0	0
BA.2.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
BA.2.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.2.16	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0
BA.2.18	0	0	0	0	0	0	0	2	0	1	1	2	2	0	2	0
BA.2.19	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.20	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.22	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	2	1	0	0	0	0
BA.2.23	1	0	0	0	1	0	1	0	6	11	8	7	3	0	0	0
BA.2.31	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.34	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.2.35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1	1	2	0	0	0
BA.2.36	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0
BA.2.38	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0
BA.3	0	0	0	1	1	1	0	1	0	3	3	1	1	0	0	0
BA.4	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	2	3	2	1	3
BA.5	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	3	6	10	12	13
XE	0	0	0	0	1	2	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0
XM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
XQ	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	1	0	0	0
Otros	5	1	1	8	2	1	2	1	1	1	2	1	0	0	2	0

Fuente: SiViEs 17.06. 2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones.