

11 de julio 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 25 de 2022 (20 a 26 de junio) el porcentaje de Ómicron se sitúa en 100%. El linaje predominante es BA.5.
- Los cribados aleatorios mediante PCR específica para los linajes **BA.4 y BA.5** han detectado en la semana 26 de 2022 (27 de junio a 3 de julio) porcentajes que oscilan en las diferentes CCAA entre el 59,8% y el 91,3%. Esta misma semana, para el linaje **BA.2**, se encuentra entre el 5,3% y el 51,1%.

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 0,1% 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 desde marzo hasta junio 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.

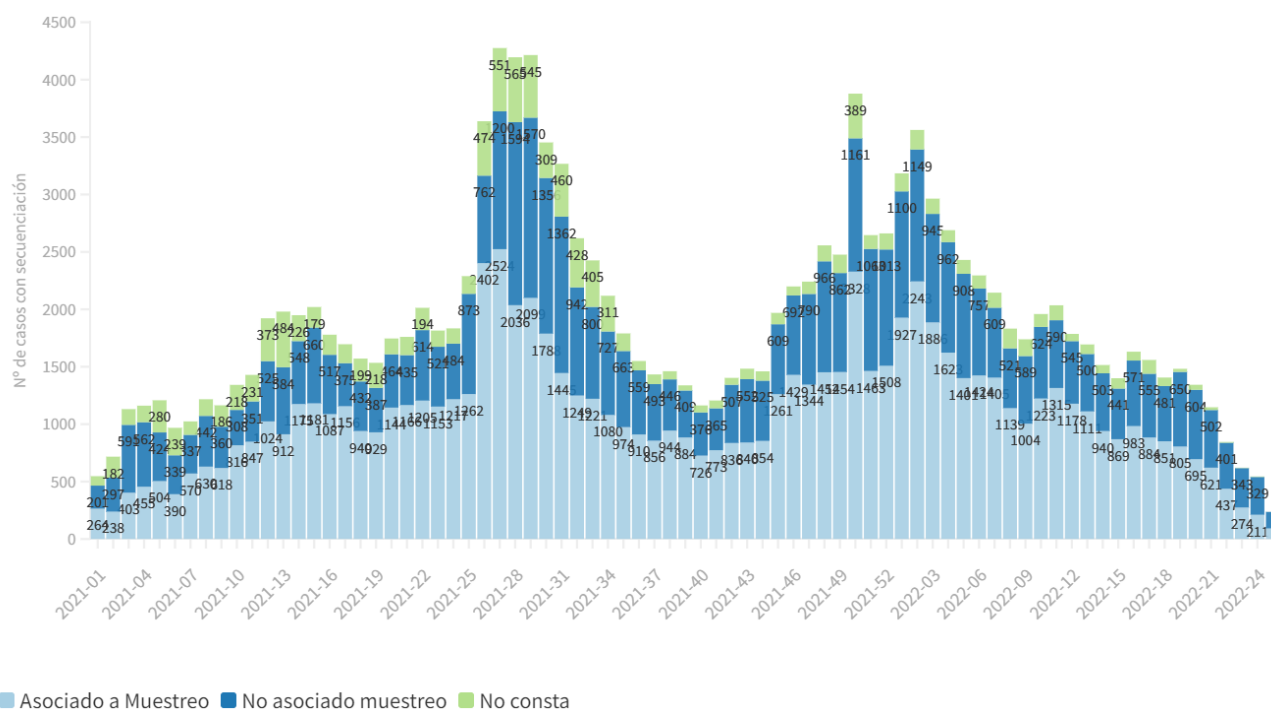
Portugal fue el primer país de nuestro entorno en el que se detectó un aumento del linaje BA.5 que llegó a convertirse en el linaje dominante en el mes de mayo coincidiendo con un aumento en la incidencia de casos de COVID-19. En España, este reemplazo de BA.2 por BA.5 se ha producido a mediados del mes de junio.

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).

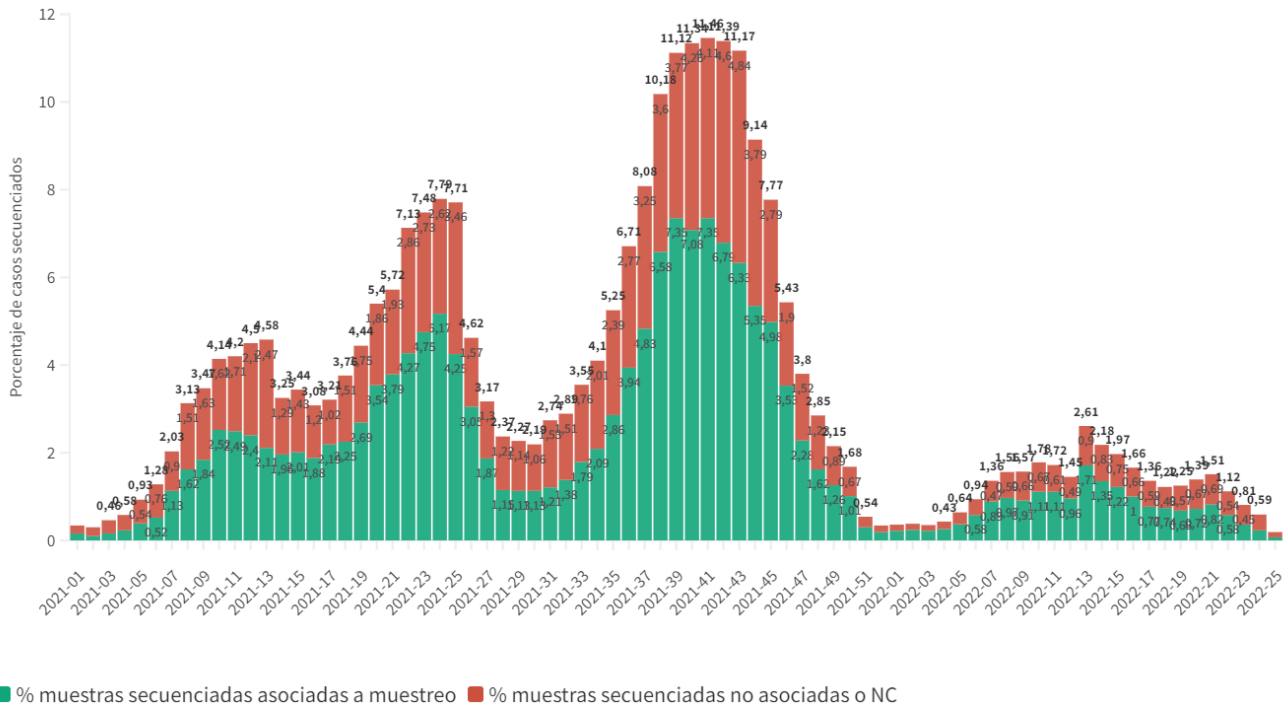
La información disponible en el Sistema de Vigilancia en España (SiViEs) se analiza de forma semanal. Dado que las técnicas de secuenciación completa son laboriosas, los resultados presentan mayor retraso que los cribados con PCR. Desde la semana 10 a la 25 de 2022 (07.03.2022 a 26.06.2022) un promedio de 1325 casos semanales (781 asociadas a muestreo aleatorio, 486 no asociadas a muestreo aleatorio y 58 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 1,4% (con un rango entre 1,2% y 1,6%) (Figura 2).

Figura 1. Número de casos secuenciados en España, en las semanas 1 de 2021 a 25 de 2022 (04.01.2021 a 26.06.2022).



Fuente: SiViEs a 08.07.2022. 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 25 de 2022 (4.01.2021 a 26.06.2022).



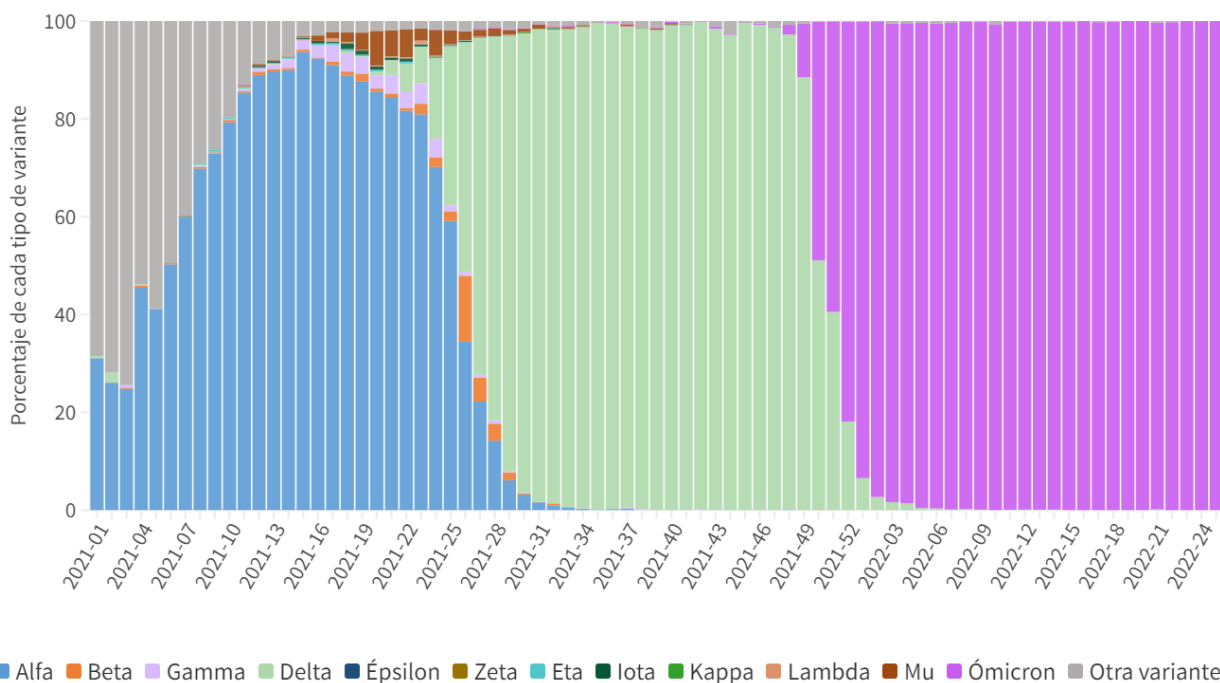
Fuente: SiViEs a 08.07.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

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 25, del 20.06.2022 al 26.06.2022, debe interpretarse con cautela debido al escaso número de muestras secuenciadas aleatoriamente con información disponible (92 muestras de 4 CCAA). La variante **Ómicron** supone un porcentaje de 100% de dichas muestras. Entre los distintos linajes de esta variante, BA.5 es el más frecuente seguido de BA.2, que continúa disminuyendo (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.

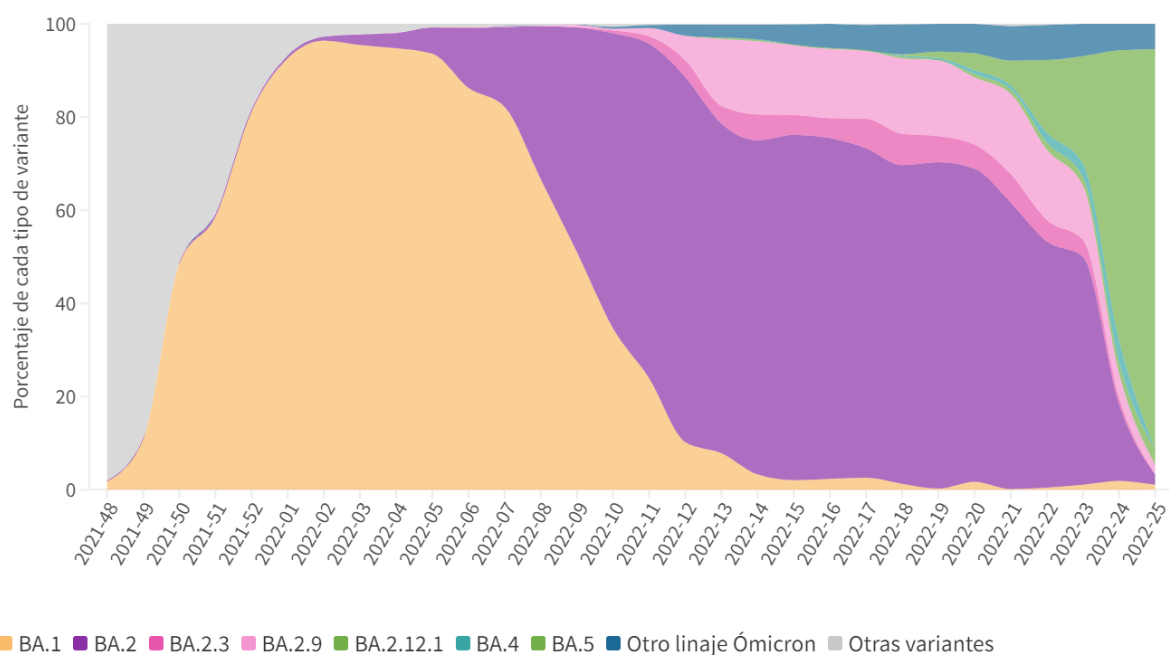
El resto de variantes continúa detectándose a niveles muy bajos. En las últimas 4 semanas analizadas, de las 1014 muestras aleatorias secuenciadas, 1 corresponden a linajes diferentes a los de Ómicron.

Figura 3. Porcentaje de cada tipo de variante por semana epidemiológica entre las 1 de 2021 a 25 de 2022 (4.01.2021 a 26.06.2022) entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria



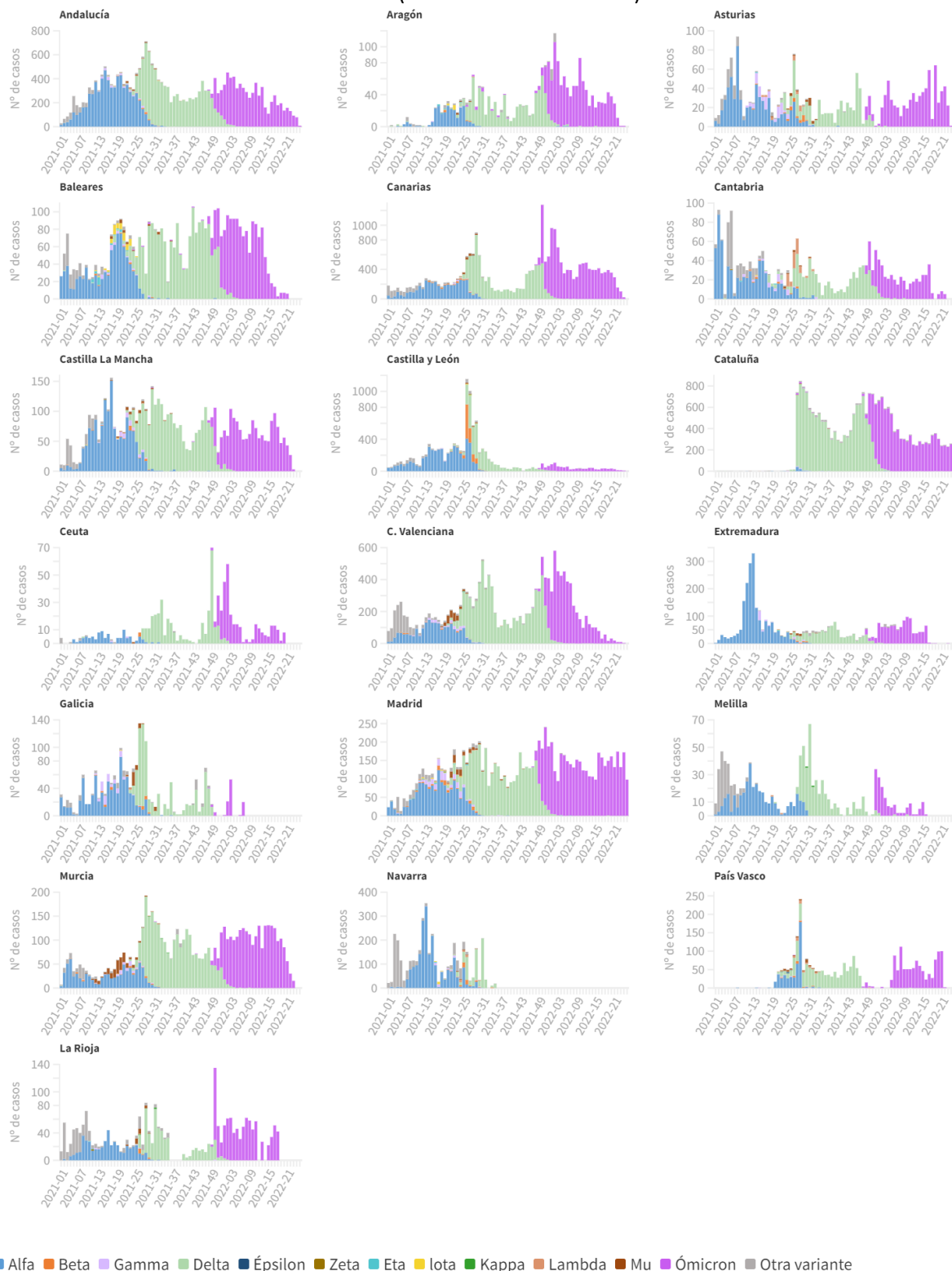
Fuente: SiViEs a 08.07.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Figura 4. Evolución de los linajes de Ómicron entre las semanas 48 de 2021 y 25 de 2022 (29.11.2021 a 26.06.2022) y entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria.



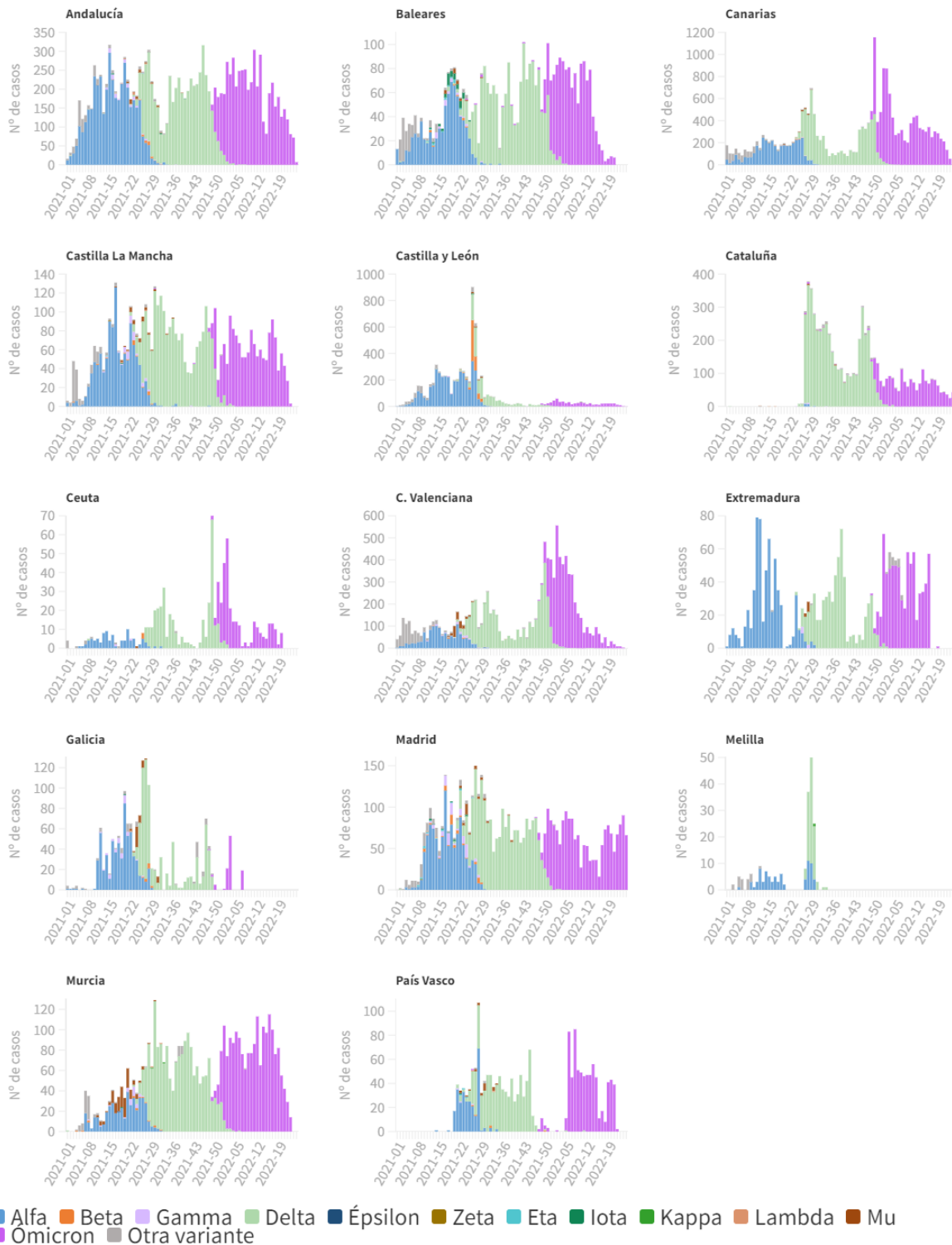
Fuente: SiViEs a 08.07.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Figura 5. Número de secuencias totales por tipo de variante y semana para cada Comunidad Autónoma entre las semanas 1 de 2021 a 25 de 2022 (4.01.2021 a 26.06.2022).



Fuente: SIVIes a 08.07.2022. 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 25 de 2022 (4.01.2021 a 26.06.2022).



Fuente: SiViEs a 08.07.2022. 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.4 y BA.5) y Ómicron (BA.2), respectivamente.

Tabla 1. 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	26 (27/06 a 03/07)	84,5 (483)	76 (420)
Aragón	26 (27/06 a 03/07)	82,3 (130)	80,3 (122)
Asturias	26 (27/06 a 03/07)	88,5 (762)	78,5 (629)
Baleares	26 (27/06 a 03/07)	86,5 (511)	89,7 (437)
Canarias	26 (27/06 a 03/07)	77,8 (841)	59,5 (873)
Cantabria	26 (27/06 a 03/07)	91,3 (565)	81,6 (336)
Castilla- La Mancha	26 (27/06 a 03/07)	-	29,2 (825)
Castilla y León	26 (27/06 a 03/07)	82,2 (269)	64,2 (402)
Cataluña	26 (27/06 a 03/07)	79,6 (786)	76,2 (307)
Comunidad Valenciana	26 (27/06 a 03/07)	48,9 (94)	50 (74)
Extremadura	26 (27/06 a 03/07)	88,1 (159)	86,7 (75)
Galicia	26 (27/06 a 03/07)	59,8 (1170)	87,6 (1109)
Madrid	26 (27/06 a 03/07)	79,8 (872)	54,6 (553)
Murcia	26 (27/06 a 03/07)	65,9 (220)	56 (182)
Navarra	26 (27/06 a 03/07)	89,4 (207)	76,7 (150)
País Vasco	26 (27/06 a 03/07)	-	80,6 (1084)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

Tabla 2. 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 epi- demiológica con datos disponibles	% Probable Ómicron (BA.2) (n)	% semana previa (n)
Andalucía	26 (27/06 a 03/07)	14,1 (483)	22,6 (420)
Aragón	26 (27/06 a 03/07)	17,7 (130)	19,7 (122)
Asturias	26 (27/06 a 03/07)	11,5 (762)	33,8 (467)
Baleares	26 (27/06 a 03/07)	5,3 (511)	8,9 (437)
Canarias	26 (27/06 a 03/07)	21,9 (841)	40,4 (873)
Cantabria	26 (27/06 a 03/07)	8,7 (565)	18,8 (336)
Castilla- La Mancha	26 (27/06 a 03/07)	-	37,6 (465)
Castilla y León	26 (27/06 a 03/07)	21,2 (269)	27,5 (284)
Cataluña	26 (27/06 a 03/07)	13,5 (753)	20,5 (302)
Comunidad Valenciana	26 (27/06 a 03/07)	51,1 (94)	48,6 (74)
Extremadura	26 (27/06 a 03/07)	11,3 (159)	10,7 (75)
Galicia	26 (27/06 a 03/07)	10,2 (1170)	12,4 (1109)
Madrid	26 (27/06 a 03/07)	8,7 (872)	23,3 (553)
Murcia	26 (27/06 a 03/07)	34,1 (220)	44 (182)
Navarra	26 (27/06 a 03/07)	10,6 (207)	23,3 (150)
País Vasco	26 (27/06 a 03/07)	-	17,6 (1084)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

Anexo 1

Tabla 4. Número de muestras secuenciadas en España por linaje y por semana epidemiológica entre las semanas 10 y 25 de 2022 (7.03.2022 a 26.06.2022) notificadas a SiViEs.

	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	S-23	S-24	S-25
B.1.617.2	0	1	0	0	1	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0
AY.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.5	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.10	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.12	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.42	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
AY.43	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
AY.98.1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.111	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
AY.125	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.529	137	95	86	36	34	4	14	14	13	3	8	0	0	0	1	0
BA.1	172	103	36	44	15	11	10	5	1	2	4	2	1	2	4	0
BA.1.1	292	209	76	43	21	17	10	8	2	1	2	0	0	1	0	0
BA.1.1.1	35	42	29	19	13	0	3	2	0	0	2	1	1	0	0	1
BA.1.1.7	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.10	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.11	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.13	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.14	0	3	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.15	5	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.16	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.7	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.8	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.14	1	1	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.15	1	1	1	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.16	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.17	22	27	18	16	10	4	4	2	0	1	0	1	0	2	0	0
BA.1.17.2	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.18	1	1	0	5	1	1	1	3	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.19	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2	1213	1427	1321	1145	1000	981	1133	1077	927	918	768	577	343	204	81	12
BA.2.1	2	1	9	7	8	8	8	9	5	4	6	2	0	0	0	0
BA.2.2	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.3	11	32	66	74	101	76	71	100	86	82	66	57	32	12	4	0
BA.2.3.2	0	0	0	0	3	4	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0
BA.2.5	3	0	7	1	6	5	5	2	5	1	9	0	2	1	0	0
BA.2.6	1	1	0	1	1	2	6	4	2	0	1	0	1	0	0	0
BA.2.7	0	1	3	0	8	5	2	4	9	4	6	1	1	1	0	0
BA.2.8	0	0	1	0	2	1	2	0	2	1	2	0	0	0	0	0
BA.2.9	34	65	103	245	257	230	288	237	233	236	199	168	107	49	24	4
BA.2.9.2	0	0	0	0	0	0	0	1	2	2	5	2	2	2	1	1
BA.2.9.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2
BA.2.10	3	3	8	15	4	12	10	15	11	7	2	1	0	0	0	0
BA.2.10.1	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.11	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0
BA.2.12	2	0	2	11	8	5	13	6	7	6	7	3	5	1	1	0
BA.2.12.1	0	0	0	3	3	1	0	2	9	7	17	24	35	27	15	7
BA.2.13	0	1	0	1	1	2	2	1	11	41	13	6	5	3	1	0
BA.2.14	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	0	0	1	1	0	0
BA.2.15	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.16	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.18	0	0	0	0	2	3	4	4	15	26	17	20	14	6	3	2
BA.2.19	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.20	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

BA.2.21	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.22	0	0	0	1	0	0	1	2	2	4	1	1	5	4	0	0
BA.2.23	0	1	0	1	1	13	13	15	12	14	16	16	12	4	3	2
BA.2.25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.25.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.26	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.29	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.2.31	0	0	1	0	1	0	2	1	0	1	1	1	0	0	0	0
BA.2.34	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.35	0	0	0	0	0	0	3	1	6	2	1	2	0	0	0	0
BA.2.36	0	0	0	0	0	0	2	0	3	7	13	6	4	6	3	1
BA.2.37	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	1	0	1	0	0	0
BA.2.38	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	3	6	2	1	0	0
BA.2.41	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.44	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	0	1	0	2
BA.2.56	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	2
BA.3	1	2	2	3	5	3	3	4	1	2	0	1	0	0	0	0
BA.4	0	0	0	0	1	0	0	3	5	30	26	29	22	17	16	4
BA.4.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	5	1	1
BA.5	0	0	0	0	0	1	3	19	16	55	128	191	188	155	171	53
BA.5.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	3	13	41	66	127	86
BA.5.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	28	14
BA.5.2.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	21	22
BA.5.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.5.3.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
BA.5.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
XE	2	1	2	2	0	0	1	0	1	3	2	0	0	0	0	0
XM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
XN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
XQ	0	0	0	0	0	0	2	0	0	5	1	2	0	0	0	0
XT	0	0	0	0	0	0	2	0	3	2	0	0	0	0	0	0
BE.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1	2	4
BF.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	3	13	13	15
Otros	18	8	4	3	4	5	7	7	10	5	3	6	7	11	20	2

Fuente: SiViEs a 08.07.2022. 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 10 de y 25 de 2022 (07.03.2022 a 26.06.2022) notificadas a SiViEs.

	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	S-23	S-24	S-25
B.1.617.2	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.5	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.42	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
B.1.1.529	122	66	22	5	7	4	12	13	10	2	8	0	0	0	1	0
BA.1	106	61	14	23	5	1	3	2	0	0	2	1	1	2	3	0
BA.1.1	158	145	51	29	3	8	5	5	1	0	1	0	0	0	0	0
BA.1.1.1	18	21	17	15	9	0	3	0	0	0	1	0	1	0	0	1
BA.1.1.7	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.11	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.13	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.14	0	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.15	3	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.8	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.14	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.15	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.16	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.17	15	13	11	7	6	2	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
BA.1.17.2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.18	1	0	0	5	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0

BA.2	774	944	923	786	674	644	719	625	582	564	467	382	231	134	35	2
BA.2.1	2	1	8	5	5	7	5	5	4	3	5	2	0	0	0	0
BA.2.2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.3	8	21	43	42	52	37	42	56	57	45	36	38	20	10	3	0
BA.2.3.2	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.5	1	0	5	1	5	0	1	2	4	0	6	0	1	0	0	0
BA.2.6	0	1	0	0	0	1	0	2	1	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.7	0	1	1	0	3	3	1	2	5	0	2	0	0	1	0	0
BA.2.8	0	0	1	0	2	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.9	4	23	62	160	148	130	146	129	138	131	100	107	66	32	11	2
BA.2.9.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0
BA.2.9.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
BA.2.10	1	2	7	10	3	10	8	11	6	5	1	1	0	0	0	0
BA.2.10.1	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.11	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.12	0	0	2	8	6	4	4	3	4	1	4	2	0	1	0	0
BA.2.12.1	0	0	0	3	3	0	0	0	3	1	5	6	7	5	5	3
BA.2.13	0	1	0	1	0	1	1	1	4	2	4	2	2	1	0	0
BA.2.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.2.15	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.16	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.18	0	0	0	0	2	1	1	1	5	4	2	12	7	1	1	2
BA.2.19	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.20	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.21	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.22	0	0	0	1	0	0	1	2	1	4	0	1	4	3	0	0
BA.2.23	0	1	0	1	0	6	11	9	9	12	8	13	11	3	1	0
BA.2.31	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.34	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.35	0	0	0	0	0	0	3	1	5	2	1	2	0	0	0	0
BA.2.36	0	0	0	0	0	0	2	0	2	4	2	1	3	1	0	1
BA.2.37	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.38	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	5	2	1	0	0
BA.2.44	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0
BA.3	1	1	1	0	1	0	3	3	0	1	0	1	0	0	0	0
BA.4	0	0	0	0	1	0	0	1	2	3	6	5	9	8	10	0
BA.4.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0
BA.5	0	0	0	0	0	1	2	1	2	11	25	31	52	56	77	20
BA.5.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	16	7	51	45
BA.5.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
BA.5.2.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	5
XE	0	1	2	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0
XM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
XN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
XQ	0	0	0	0	0	0	2	0	0	4	0	2	0	0	0	0
BE.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
BF.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8
Otros	8	2	1	2	1	1	1	2	1	0	0	2	1	6	9	0

Fuente: SiViEs 08.07. 2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones.