

22 de agosto 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:

- 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 España.
- Mediante secuenciación de muestras aleatorias, en la semana 31 de 2022 (1 a 7 de agosto) el porcentaje de Ómicron se sitúa en 100%. Los linajes predominantes son BA.5 y los derivados de BA.5.
- Los cribados aleatorios mediante PCR específica para los linajes **BA.4 y BA.5** han detectado en la semana 32 de 2022 (8-14 de agosto) porcentajes que oscilan en las diferentes CCAA entre el 86,1% y el 100%. Esta misma semana, para el linaje **BA.2**, se encuentra entre el 0% y el 6,1%.

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 no se han detectado linajes correspondientes a otras variantes.

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.

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. Hasta el momento no se han observado diferencias en la gravedad de los casos para ninguno de ellos. Con un mayor ritmo de crecimiento, BA.5 se impuso finalmente como linaje dominante desde el mes de julio hasta la actualidad. Entre los países de nuestro entorno, Portugal fue el primero en el que se detectó un aumento del linaje BA.5 que llegó a convertirse en 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 produjo a mediados del mes de junio coincidiendo igualmente con un aumento en la incidencia.

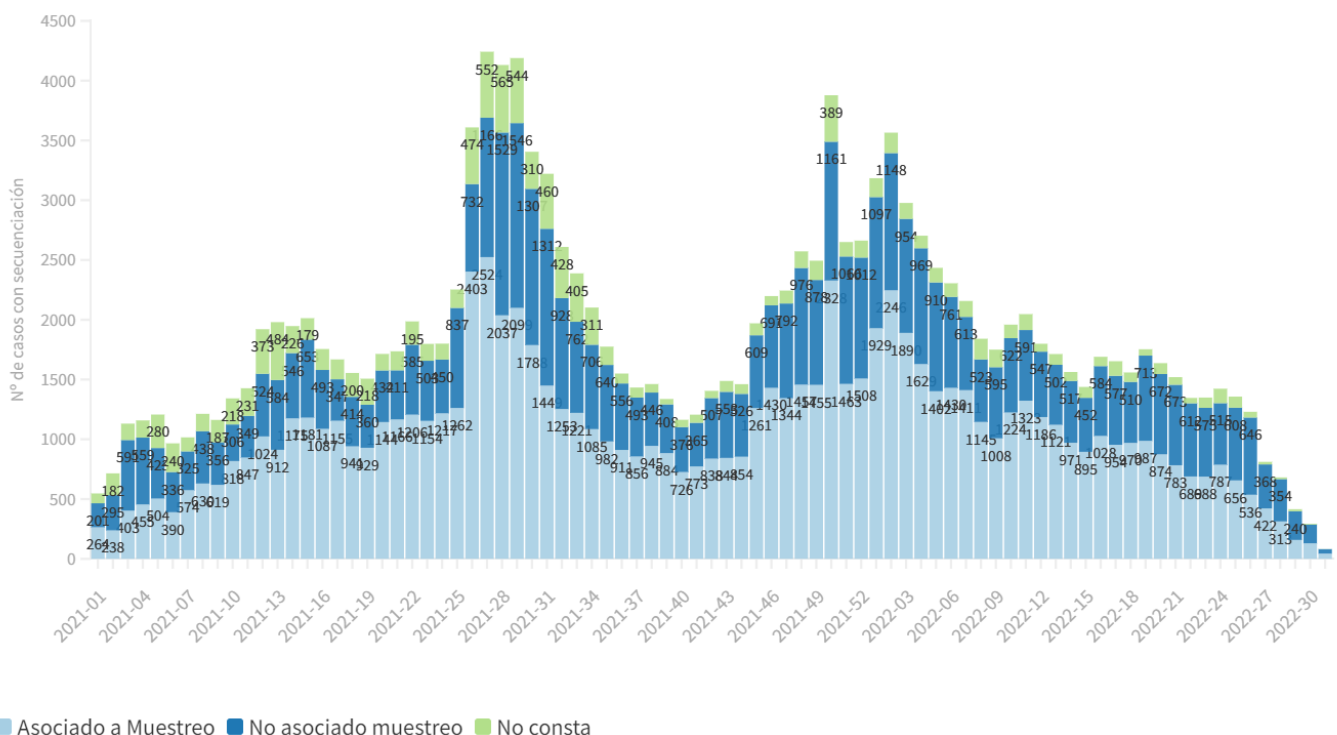
Por otro lado, el linaje BA.2.75, ha centrado también la atención en las últimas semanas debido al alto número de mutaciones que presenta y a un ritmo de crecimiento ligeramente superior en comparación con BA.5 en varios de los países en los que ha sido detectado como Japón, Singapur, Estados Unidos o India. Particularmente, en este último, donde es en estos momentos el linaje dominante (a pesar de lo cual no se ha registrado un aumento en la incidencia en dicho país).

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

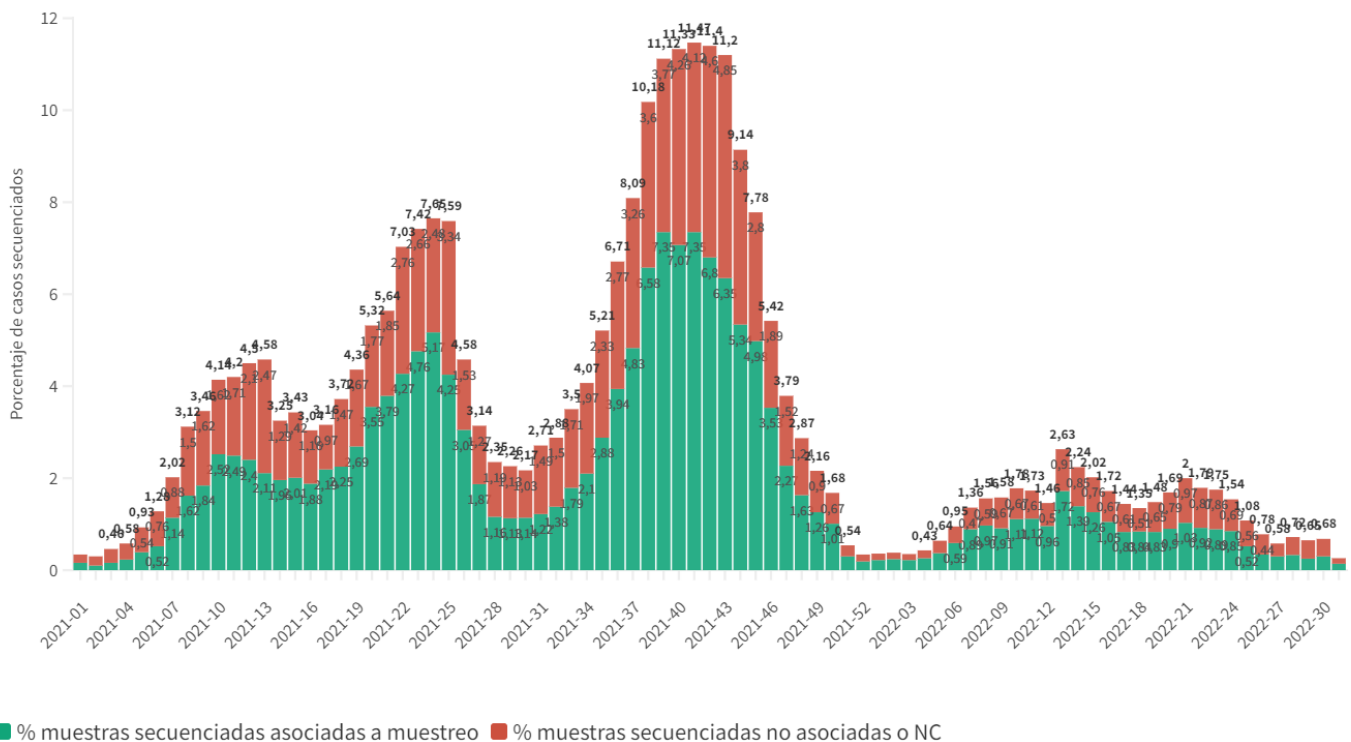
La información disponible en el Sistema de Vigilancia en España (SiViEs) se analiza de forma semanal. Dado que las técnicas de secuenciación completa son laboriosas, los resultados presentan mayor retraso que los cribados con PCR. Desde la semana 16 a la 31 de 2022 (18.04.2022 a 07.08.2022) un promedio de 1175 casos semanales (626 asociadas a muestreo aleatorio, 490 no asociadas a muestreo aleatorio y 59 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 promedio de muestras secuenciadas de las que se dispone de información en SiViEs, sobre el total de casos detectados en España, ha sido del 1,4%, oscilando entre 0,6% y 1,8%. (Figura 2).

Figura 1. Número de casos secuenciados en España, en las semanas 1 de 2021 a 31 de 2022 (04.01.2021 a 07.08.2022).



Fuente: SiViEs a 19.08.2022. 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 31 de 2022 (4.01.2021 a 07.08.2022).



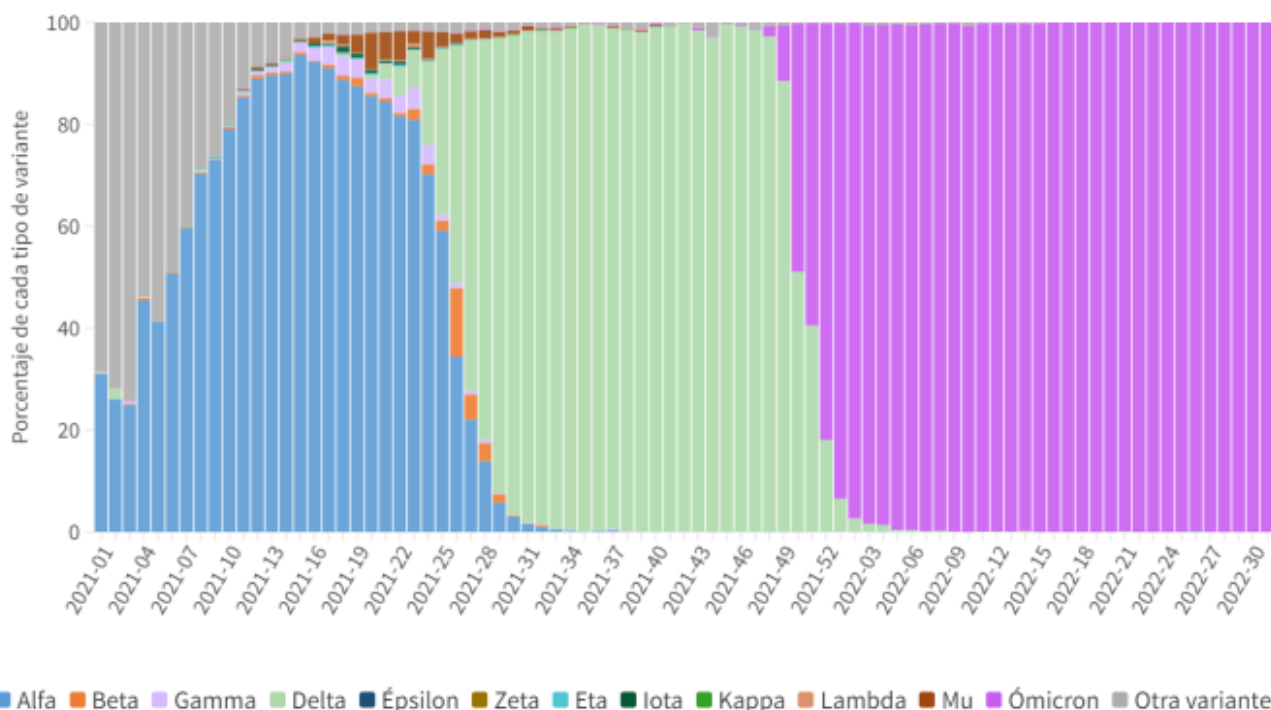
Fuente: SiViEs a 19.08.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

La distribución de cada tipo de variante 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 31 de 2022 (1 a 7 de agosto), debe interpretarse con cautela debido al escaso número de muestras secuenciadas aleatoriamente con información disponible (44 muestras de 3 comunidades autónomas). Todas ellas corresponden a la variante **Ómicron** y, en concreto, a linajes derivados de 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 4 y 5.

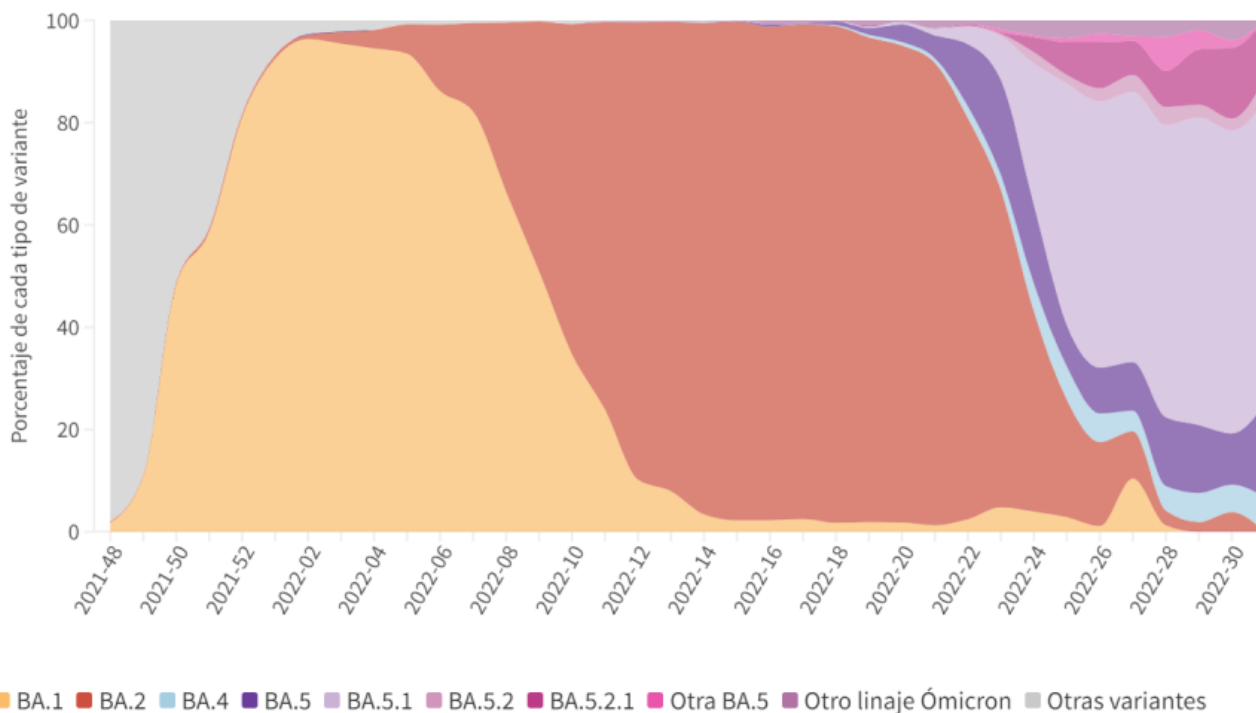
En las últimas cuatro semanas analizadas no se detectan linajes diferentes a los de Ómicron.

Figura 3. Porcentaje de cada tipo de variante por semana epidemiológica entre las 1 de 2021 a 31 de 2022 (4.01.2021 a 07.08.2022) entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria



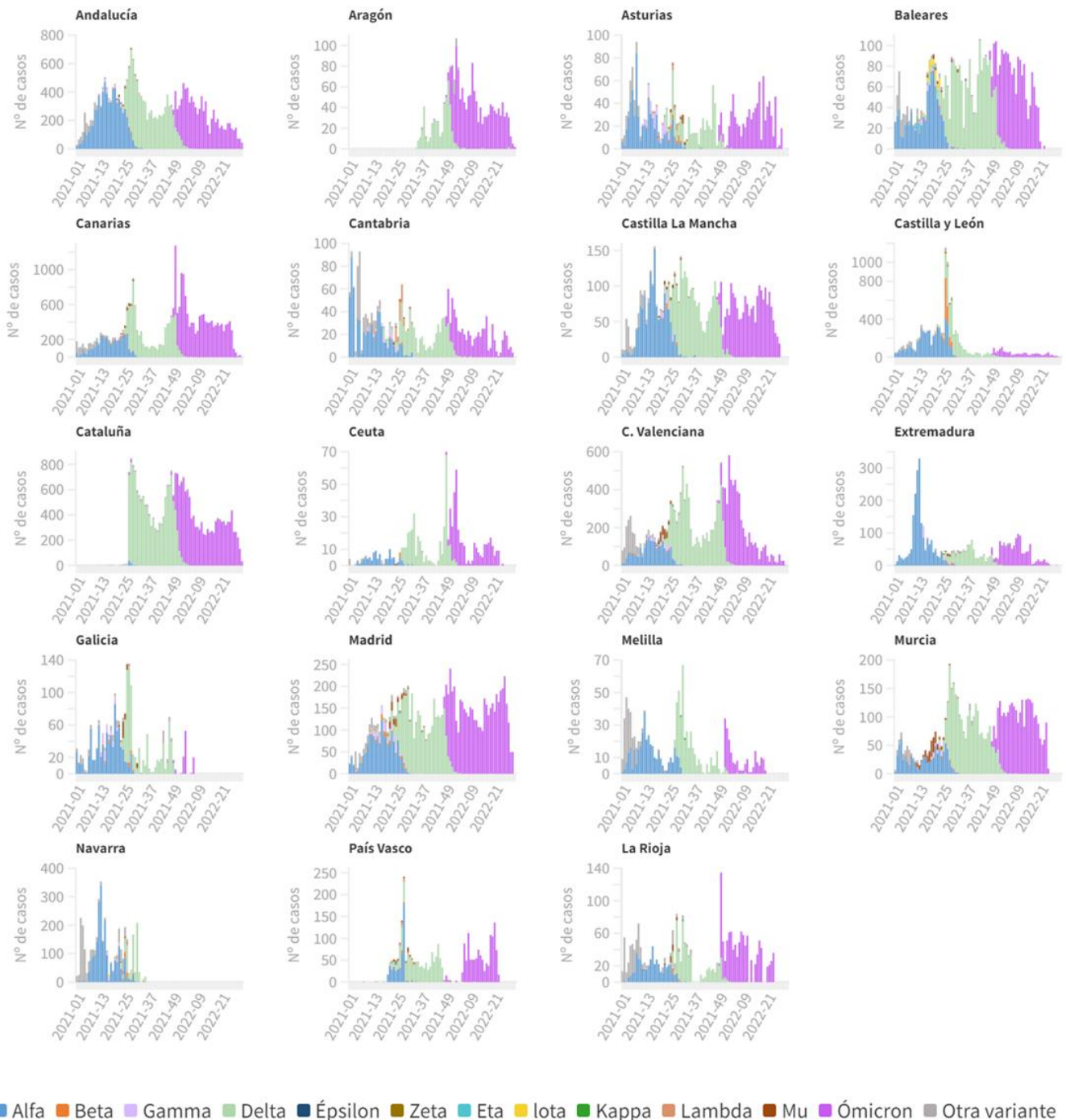
Fuente: SiViEs a 19.08.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Figura 4. Evolución de los linajes de Ómicron entre las semanas 48 de 2021 y 31 de 2022 (29.11.2021 a 07.08.2022) y entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria.



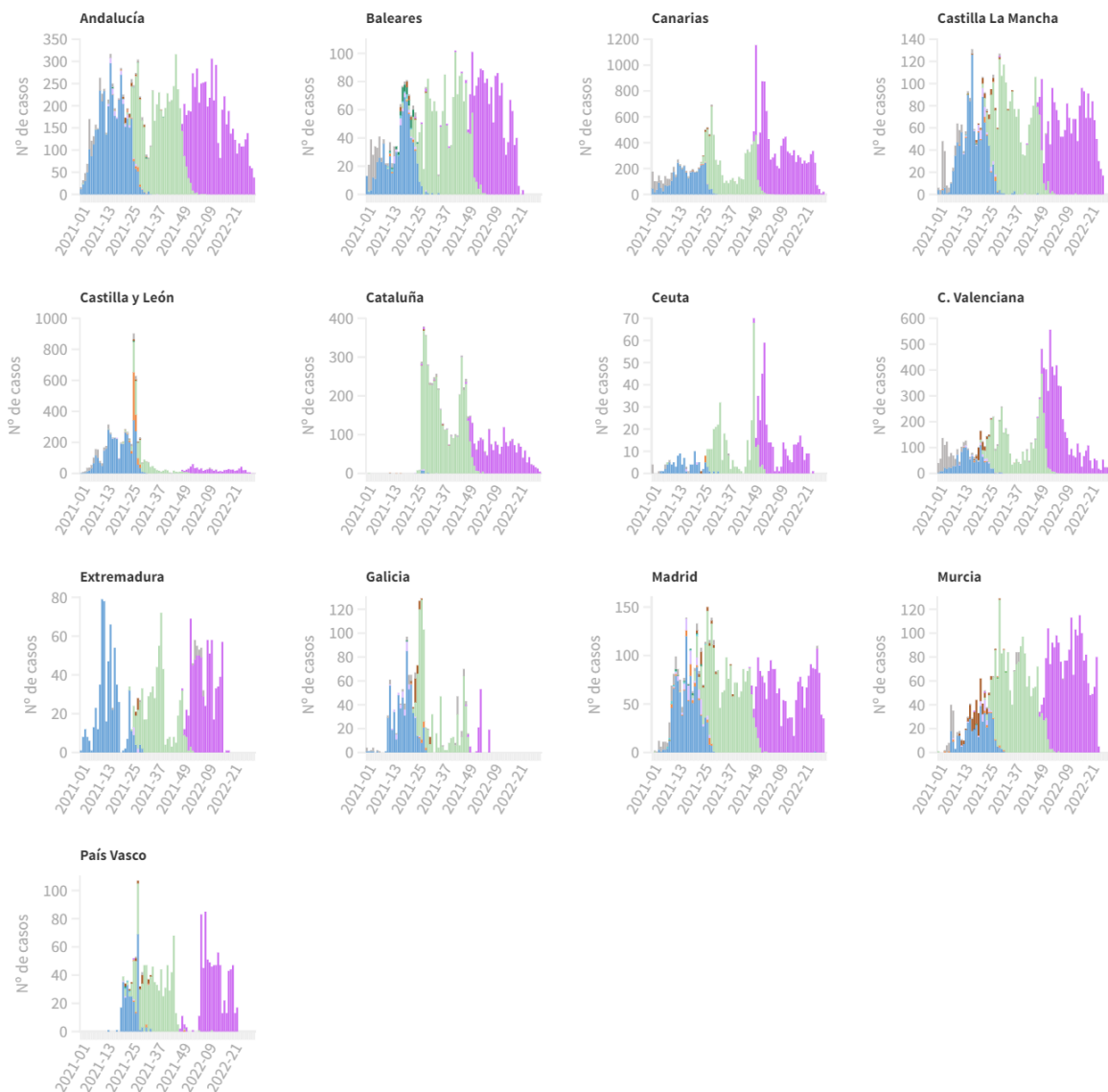
Fuente: SiViEs a 19.08.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Figura 5. Número de secuencias totales por tipo de variante y semana para cada Comunidad Autónoma entre las semanas 1 de 2021 a 31 de 2022 (4.01.2021 a 07.08.2022).



Fuente: SiViEs a 19.08.2022. 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 31 de 2022 (4.01.2021 a 07.08.2022).



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

Fuente: SiViEs a 19.08.2022. 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	33 (15-21 agosto)	94,9 (177)	98 (129)
Aragón	32 (8-14 agosto)	100 (13)	72,1 (43)
Asturias	32 (8-14 agosto)	99,1 (106)	97,1 (138)
Baleares	32 (8-14 agosto)	98,5 (67)	100 (78)
Canarias	32 (8-14 agosto)	94,2 (259)	90,2 (367)
Cantabria	32 (8-14 agosto)	100 (92)	97,8 (139)
Castilla-La Mancha	32 (8-14 agosto)	95,9 (123)	90,1 (172)
Castilla y León	32 (8-14 agosto)	86,1 (259)	89,7 (253)
Cataluña	32 (8-14 agosto)	95,2 (105)	95,2 (167)
Comunidad Valenciana	32 (8-14 agosto)	96 (105)	90,9 (44)
Extremadura	32 (8-14 agosto)	93,9 (33)	87,9 (58)
Galicia	32 (8-14 agosto)	98 (254)	97,4 (379)
Madrid	32 (8-14 agosto)	90,2 (51)	96,5 (86)
Murcia	32 (8-14 agosto)	93,9 (114)	95,4 (130)
Navarra	32 (8-14 agosto)	97,9 (47)	92,5 (80)
País Vasco	32 (8-14 agosto)	98,2 (164)	98,5 (357)

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	33 (15-21 agosto)	1,1 (177)	2,3 (129)
Aragón	32 (8-14 agosto)	0 (13)	0 (43)
Asturias	32 (8-14 agosto)	0,9 (106)	2,2 (138)
Baleares	32 (8-14 agosto)	1,5 (67)	0 (78)
Canarias	32 (8-14 agosto)	3,9 (259)	4,4 (367)
Cantabria	32 (8-14 agosto)	0 (92)	1,4 (139)
Castilla- La Mancha	32 (8-14 agosto)	0 (123)	0 (172)
Castilla y León	32 (8-14 agosto)	2,4 (254)	3,9 (281)
Cataluña	32 (8-14 agosto)	5,9 (153)	3,5 (257)
Comunidad Valenciana	32 (8-14 agosto)	4 (25)	9,1 (44)
Extremadura	32 (8-14 agosto)	3 (33)	1,7 (58)
Galicia	32 (8-14 agosto)	0,8 (254)	2,6 (379)
Madrid	32 (8-14 agosto)	2 (51)	2,3 (86)
Murcia	32 (8-14 agosto)	6,1 (114)	4,6 (130)
Navarra	32 (8-14 agosto)	2,1 (47)	7,5 (80)
País Vasco	32 (8-14 agosto)	0 (164)	0,8 (357)

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 16 y 31 de 2022 (18.04.2022 a 07.08.2022) notificadas a SiViEs.

	S-16	S-17	S-18	S-19	S-20	S-21	S-22	S-23	S-24	S-25	S-26	S-27	S-28	S-29	S-30	S-31
B.1.617.2	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
AY.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
AY.42	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.43	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
AY.108	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.118	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
B.1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
B.1.177	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
B.1.1.529	16	15	18	16	12	5	10	10	2	3	3	10	1	0	0	0
BA.1	16	10	12	14	8	6	7	23	30	21	5	34	4	0	0	0
BA.1.1	10	8	2	2	1	0	0	1	0	0	2	1	0	0	0	0
BA.1.1.1	3	3	0	0	2	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1
BA.1.17	4	2	0	1	0	1	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.17.2	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.18	1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2	1170	1148	1025	1111	936	740	529	416	292	114	82	39	11	8	3	1
BA.2.1	9	9	6	16	29	7	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0
BA.2.2	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.3	74	102	89	87	70	68	54	29	18	10	3	3	0	0	1	0
BA.2.3.2	0	1	1	0	2	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.2.3.15	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.5	5	2	7	1	9	1	3	2	2	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.6	7	4	2	0	2	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.7	2	4	9	4	6	2	2	1	2	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.8	2	1	2	1	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.9	291	250	253	249	226	204	151	90	60	21	11	3	1	2	1	0
BA.2.9.2	0	1	3	2	7	4	5	6	1	1	1	0	0	0	0	0
BA.2.9.3	0	0	0	1	2	0	2	3	3	3	0	1	1	0	0	0
BA.2.10	11	15	11	7	4	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.10.1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.11	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.12	14	6	7	8	9	4	5	1	1	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.12.1	0	3	10	7	19	30	51	61	50	59	24	9	5	0	0	0
BA.2.13	1	1	11	41	13	11	9	14	8	4	2	0	0	0	0	0
BA.2.13.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.2.14	0	0	2	2	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.15	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.16	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.18	4	4	17	27	20	26	21	17	14	6	4	1	3	0	0	0
BA.2.19	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.21	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.22	1	2	2	4	1	1	7	5	2	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.23	14	15	13	15	16	21	13	15	17	5	3	0	1	0	0	0
BA.2.25	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.25.1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.26	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.29	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.31	2	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.35	3	1	6	2	2	2	2	3	1	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.36	2	0	4	7	16	11	7	10	12	11	1	0	0	0	0	0

BA.2.37	1	2	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
BA.2.38	0	1	1	1	4	7	3	2	1	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.41	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.44	0	0	0	0	2	7	2	3	3	3	0	0	1	0	0	0
BA.2.48	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.49	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.52	0	0	0	0	0	2	1	1	4	3	2	0	0	0	0	0
BA.2.53	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.54	0	0	0	2	4	3	8	4	4	0	4	0	0	0	0	0
BA.2.56	0	0	0	1	12	15	13	34	16	14	8	6	3	2	0	0
BA.2.65	0	0	1	0	0	0	0	3	2	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.72	0	0	0	0	0	1	2	0	1	0	0	0	0	1	0	0
BA.3	3	4	1	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4	0	3	6	32	28	35	30	35	56	63	42	23	19	5	11	4
BA.4.1	0	0	0	1	0	2	4	9	18	9	20	6	5	6	3	0
BA.4.1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.4.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
BA.4.3	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.4.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0
BA.4.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.4.6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	5	10	4	0
BA.5	6	19	20	57	137	224	287	264	218	108	72	48	62	25	13	10
BA.5.1	1	0	0	5	11	37	66	184	377	590	552	390	307	183	143	41
BA.5.1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	1	0	0	1
BA.5.1.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1	2	0
BA.5.1.3	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2	22	11	9	7	1	0
BA.5.1.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	1	1	0
BA.5.1.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
BA.5.2	0	0	0	0	0	2	4	19	56	68	82	62	59	35	38	8
BA.5.2.1	0	0	0	1	0	2	3	19	57	124	132	82	73	71	39	9
BA.5.2.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0
BA.5.2.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	5	1	2	1
BA.5.2.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
BA.5.3	0	0	0	0	0	2	1	2	1	2	2	1	1	0	0	0
BA.5.3.1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	6	3	0	1	0	0	0
BA.5.3.2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	3	0	0	0	0	0
BA.5.5	0	0	0	0	0	0	0	2	1	0	0	1	6	1	1	0
BA.5.6	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	3	11	4	0	0
XE	1	0	1	3	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XM	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XN	0	0	0	1	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XQ	2	0	0	6	2	2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
XT	2	0	3	2	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XU	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BE.1	0	0	0	0	0	0	3	6	22	31	47	14	14	16	5	4
BE.1.1	0	0	2	1	0	0	0	0	2	1	7	20	17	11	9	0
BF.1	0	0	0	0	5	11	14	29	31	55	64	21	23	6	6	0
BF.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
BF.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	4	1	0
BF.5	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	4	4	4	1	0
BF.7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1
BF.10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
XW	0	0	1	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otros	7	7	9	5	5	11	14	17	29	9	10	7	11	4	7	0

Fuente: SiViEs a 19.08.2022. 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 16 de y 31 de 2022 (18.04.2022 a 07.08.2022) notificadas a SiViEs

	S-16	S-17	S-18	S-19	S-20	S-21	S-22	S-23	S-24	S-25	S-26	S-27	S-28	S-29	S-30	S-31
AY.42	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.1.1.1	3	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.1.8	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.17	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.18	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.1	5	5	5	12	22	5	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.3.2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.3.15	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.5	1	2	5	0	6	0	2	1	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.6	1	2	1	0	2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.8	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.9.2	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.9.3	0	0	0	1	2	0	0	0	0	2	0	1	0	0	0	0
BA.2.10.1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.11	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.12	4	3	4	1	5	3	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.13.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.2.14	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.15	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.16	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.19	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.21	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.31	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.35	3	1	5	2	2	2	2	2	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.36	2	0	2	4	3	3	4	2	6	8	0	0	0	0	0	0
BA.2.37	1	2	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0
BA.2.38	0	1	1	1	1	6	2	2	1	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.44	0	0	0	0	1	7	2	1	2	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.49	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.52	0	0	0	0	0	2	0	0	1	3	1	0	0	0	0	0
BA.2.53	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.54	0	0	0	1	1	1	4	1	4	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.56	0	0	0	0	1	5	4	10	9	5	2	2	0	0	0	0
BA.2.65	0	0	0	0	0	0	0	2	2	0	0	0	0	0	0	0
BA.3	3	3	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.1	0	0	0	1	0	0	3	0	5	4	8	1	2	1	2	0
BA.4.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.4.6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	4	0	0
BA.5.1	1	0	0	3	4	10	23	59	218	310	279	223	179	95	77	26
BA.5.1.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.5.1.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	5	2	0	0
BA.5.1.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
BA.5.2	0	0	0	0	0	1	2	3	17	11	14	14	11	4	3	2
BA.5.2.1	0	0	0	1	0	0	2	2	23	42	48	28	22	17	18	5
BA.5.2.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.5.2.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0
BA.5.2.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
BA.5.3	0	0	0	0	0	0	0	2	1	1	2	1	1	0	0	0
BA.5.3.1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	3	1	0	1	0	0	0
BA.5.3.2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	3	0	0	0	0	0

BA.5.5	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	3	1	1	0
BA.5.6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	1	0	0
XE	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XM	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XN	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XQ	2	0	0	5	0	2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
XU	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BE.1.1	0	0	2	0	0	0	0	0	0	1	1	9	7	1	2	0
BF.1	0	0	0	0	2	4	3	4	5	16	12	5	3	0	2	0
BF.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BF.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	0
BF.5	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2	0	0	0	0
BF.10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
XW	0	0	1	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otros	0	2	1	0	0	2	0	1	0	0	0	5	1	1	1	0

Fuente: SiViEs 19.08.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones.