

03 de octubre 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.
- 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 36 de 2022 (04 a 11 de septiembre) 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 38 de 2022 (19 a 25 de septiembre) porcentajes que oscilan en las diferentes CCAA entre el 88,2% y el 100%. Esta misma semana, para el linaje **BA.2**, se encuentra entre el 0% y el 11,8%.
- En los análisis en aguas residuales, se encontró un predominio de BA.3/BA.4/BA.5 a nivel nacional.

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.

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 MITECO 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 o sublinajes.

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. 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.

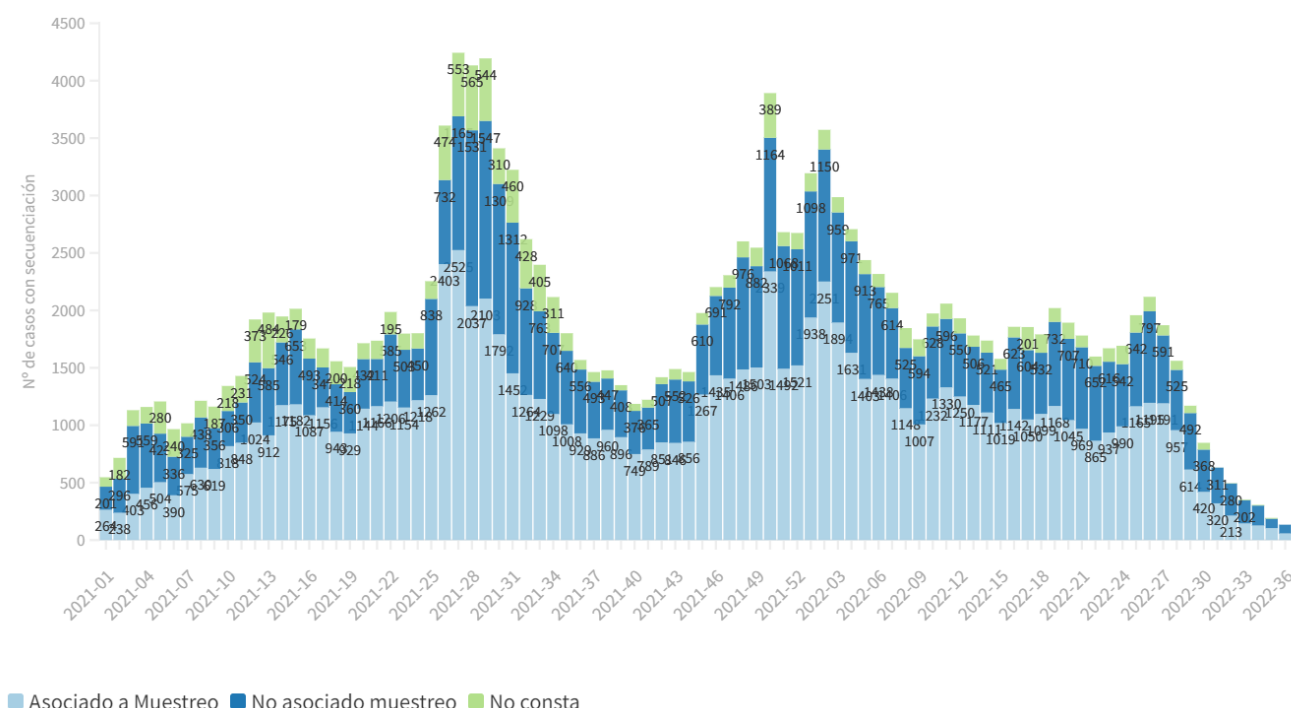
Otros linajes están ganando relevancia a nivel internacional dado que presentan potencial escape inmunitario y su frecuencia relativa ha aumentado en algunas localizaciones. Es el caso de los linajes BA.2.75 (que se detecta de forma mayoritaria en la India) y BA.2.75.2, BA.4.6 y BF.7, con tendencia ascendente en varios países. Hasta el momento, esos linajes sólo se han detectado de manera puntual en nuestro país (anexo 1 y 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).

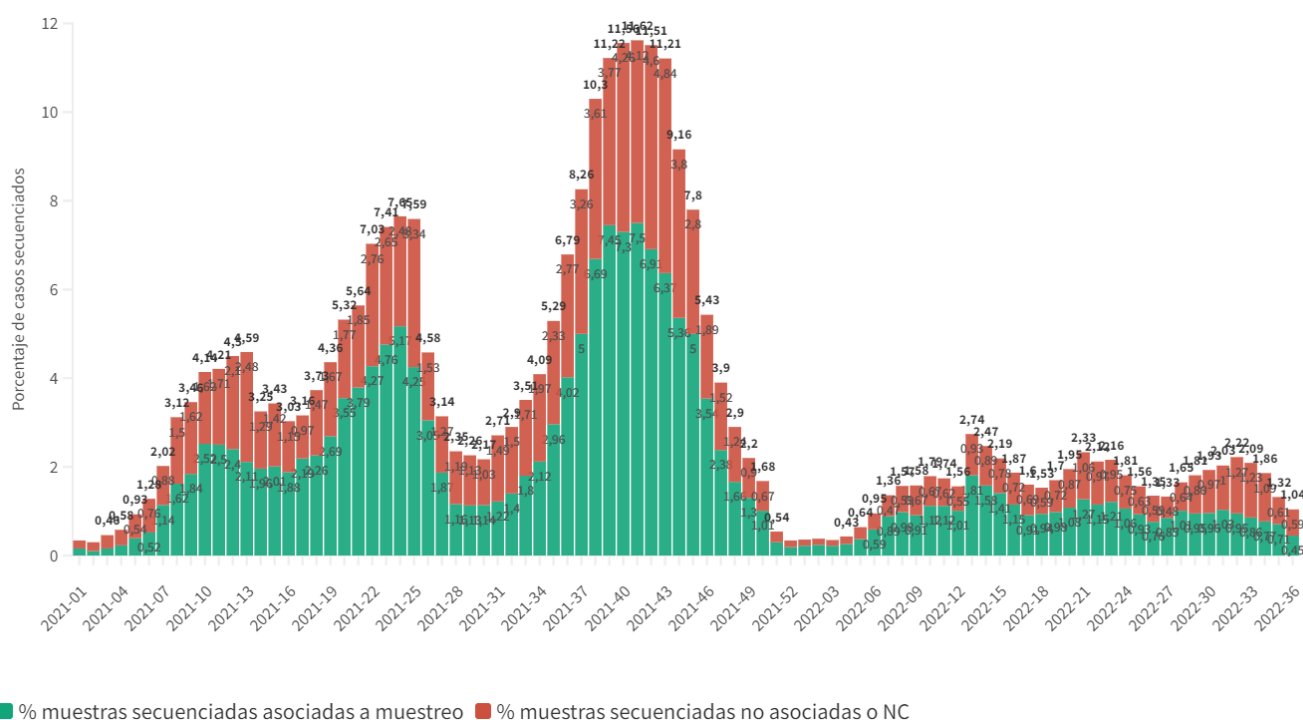
La información disponible en el Sistema de Vigilancia en España (SiViEs) se analiza de forma semanal. Dado que las técnicas de secuenciación completa son laboriosas, los resultados presentan mayor retraso que los cribados con PCR. Debido al escaso número de casos con información disponible correspondientes a la semana 37, en este informe se analizan de nuevo los datos disponibles hasta la semana 36 con información más consolidada. Desde la semana 19 a la 36 de 2022 (09.05.2022 a 11.09.2022) un promedio de 1239 casos semanales cuenta con información derivada de la secuenciación (694 asociadas a muestreo aleatorio, 472 no asociadas a muestreo aleatorio y 73 en las que no consta esta información) (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 1,8%, oscilando entre 1,3% y 2,3%. (Figura 2).

Figura 1. Número de casos secuenciados en España, en las semanas 1 de 2021 a 36 de 2022 (04.01.2021 a 11.09.2022).



Fuente: SiViEs a 30.09.2022. 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 36 de 2022 (4.01.2021 a 11.09.2022).

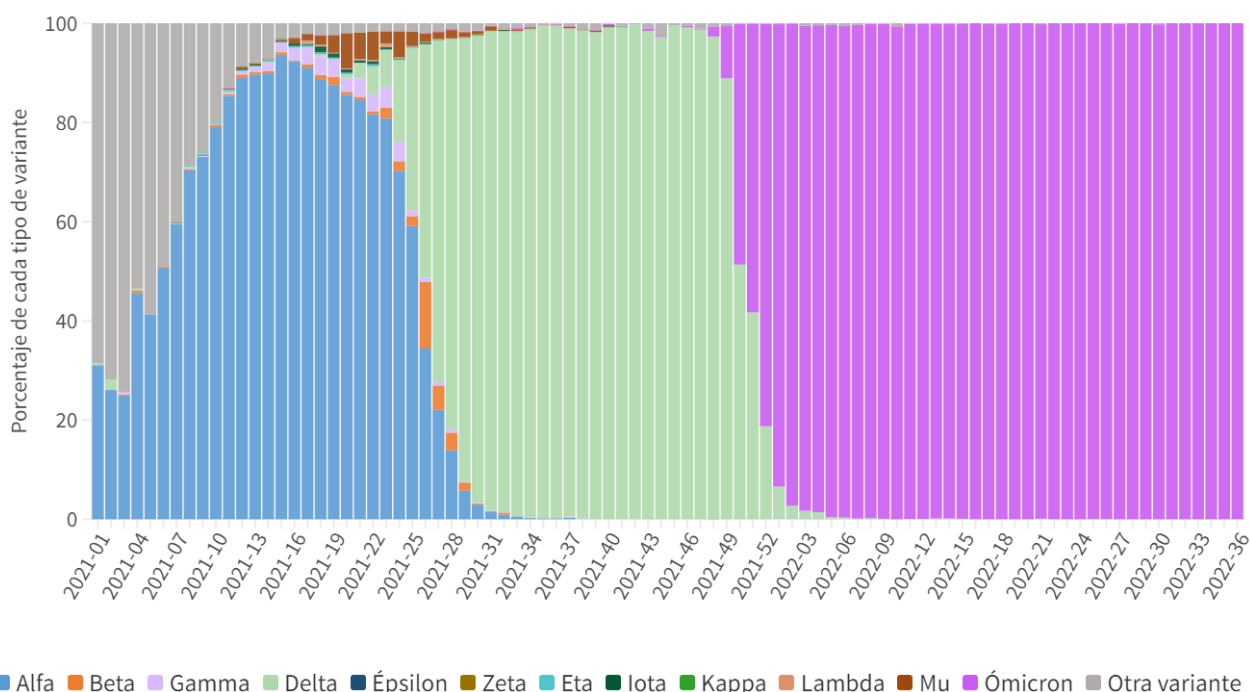


Fuente: SiViEs a 30.09.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

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.

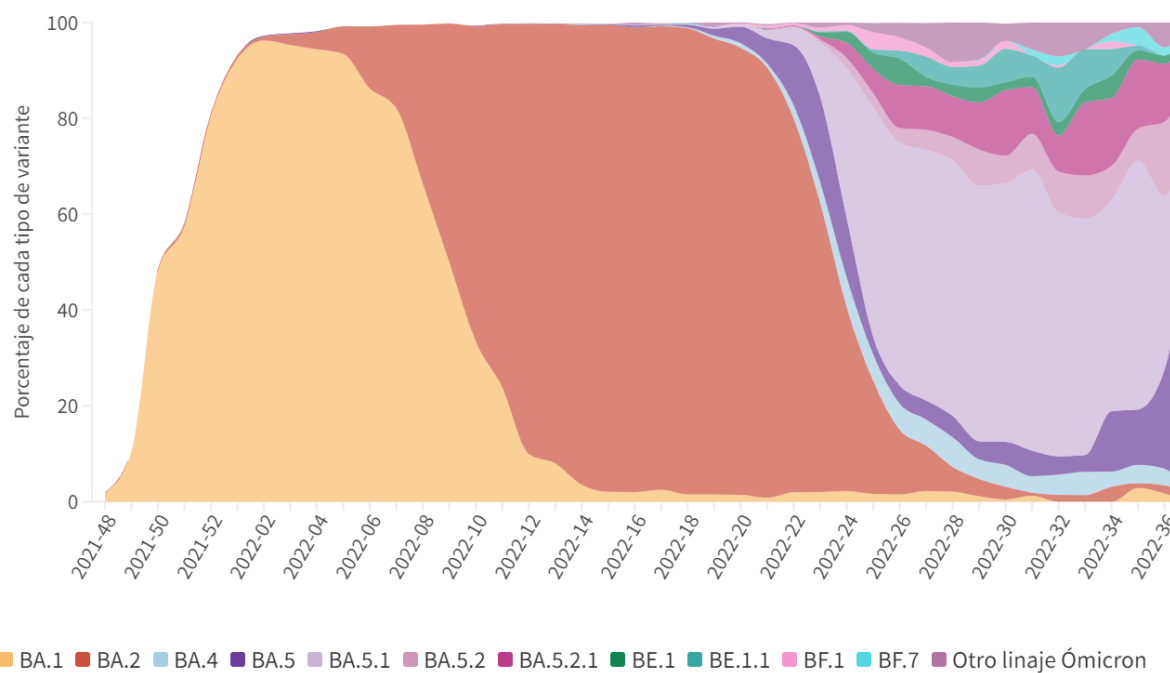
La información relativa a la semana 36 de 2022 (5 a 11 de septiembre), debe interpretarse con cautela debido al escaso número de muestras secuenciadas aleatoriamente con información disponible (58 muestras de 3 comunidades autónomas). Todas ellas corresponden a la variante **Ómicron**; 56 correspondientes a B.5 y 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.

Figura 3. Porcentaje de cada tipo de variante por semana epidemiológica entre las 1 de 2021 a 36 de 2022 (4.01.2021 a 11.09.2022) entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria



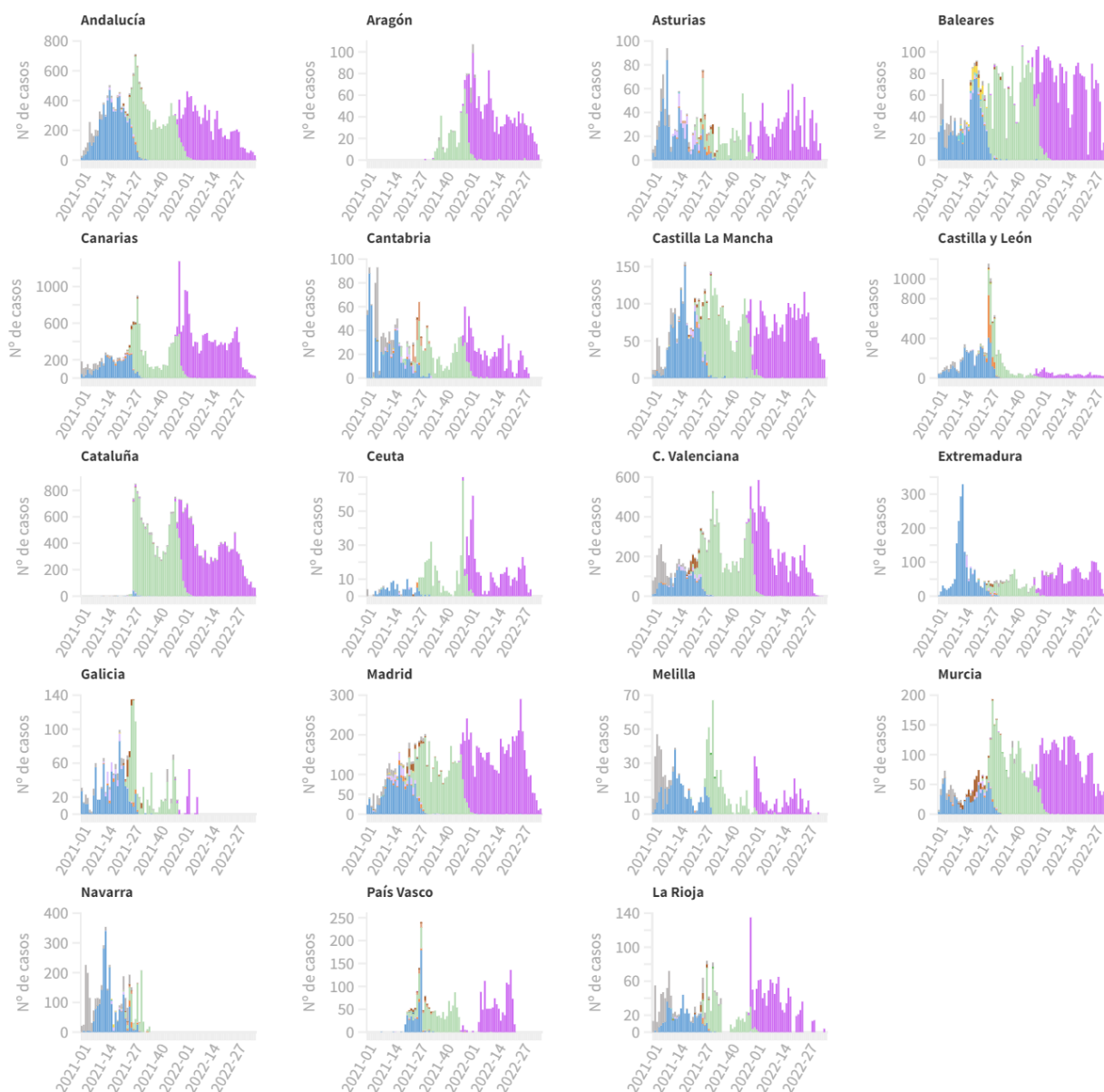
Fuente: SiViEs a 30.09.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Figura 4. Evolución de los linajes de Ómicron entre las semanas 48 de 2021 y 36 de 2022 (29.11.2021 a 11.09.2022) y entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria.



Fuente: SiViEs a 30.09.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

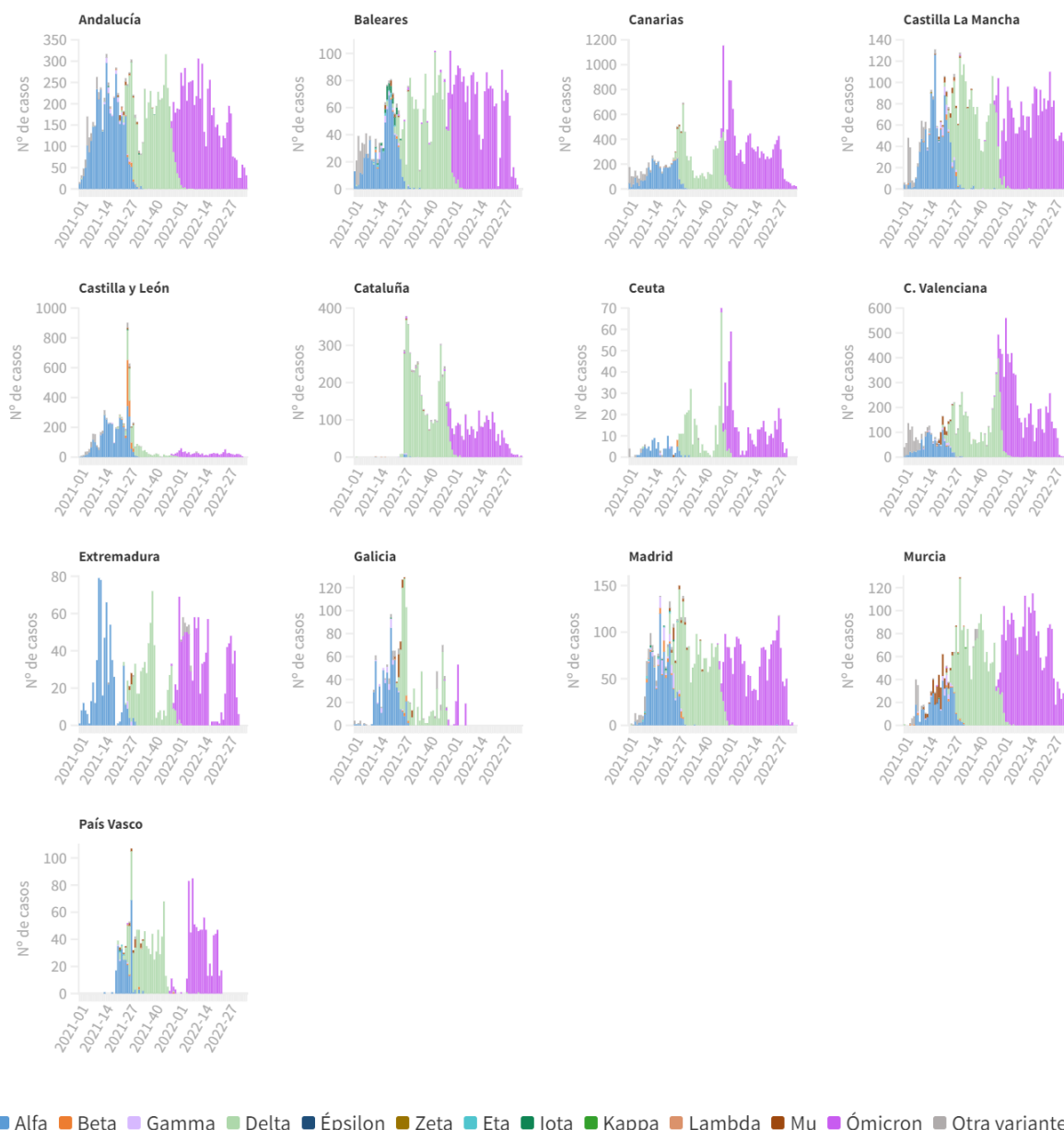
Figura 5. Número de secuencias totales por tipo de variante y semana para cada Comunidad Autónoma entre las semanas 1 de 2021 a 36 de 2022 (4.01.2021 a 11.09.2022).



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

Fuente: SiVIes a 30.09.2022. 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 36 de 2022 (4.01.2021 a 11.09.2022).



Fuente: SiViEs a 30.09.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

2. 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	38 (19/09 a 25/09)	92,7 (96)	97,4 (77)
Aragón	38 (19/09 a 25/09)	88,2 (17)	100 (9)
Asturias	38 (19/09 a 25/09)	89,5 (86)	96,6 (59)
Baleares	38 (19/09 a 25/09)	100 (30)	100 (31)
Canarias	38 (19/09 a 25/09)	99,2 (124)	94,1 (136)
Cantabria	38 (19/09 a 25/09)	96,7 (30)	96,4 (26)
Castilla-La Mancha	38 (19/09 a 25/09)	89,6 (77)	83,6 (73)
Castilla y León	38 (19/09 a 25/09)	95,3 (64)	100 (91)
Cataluña	38 (19/09 a 25/09)	88,7 (62)	88,5 (78)
Comunidad Valenciana	38 (19/09 a 25/09)	-	100 (15)
Extremadura	38 (19/09 a 25/09)	88,9 (9)	96 (25)
Galicia	38 (19/09 a 25/09)	99 (198)	98,4 (183)
Madrid	38 (19/09 a 25/09)	94,4 (36)	94,7 (19)
Murcia	38 (19/09 a 25/09)	95,2 (84)	98,5 (37)
Navarra	38 (19/09 a 25/09)	90,9 (22)	93,8 (16)
País Vasco	38 (19/09 a 25/09)	93,3 (163)	100 (33)

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 epidemiológica con datos disponibles	% Probable Ómicron (BA.2) (n)	% semana previa (n)
Andalucía	38 (19/09 a 25/09)	6,3 (96)	2,6 (77)
Aragón	38 (19/09 a 25/09)	11,8 (17)	0 (9)
Asturias	38 (19/09 a 25/09)	10,5 (86)	3,4 (59)
Baleares	38 (19/09 a 25/09)	0 (30)	0 (31)
Canarias	38 (19/09 a 25/09)	0,8 (124)	1,5 (136)
Cantabria	38 (19/09 a 25/09)	0 (30)	0 (26)
Castilla- La Mancha	38 (19/09 a 25/09)	0 (77)	0 (40)
Castilla y León	38 (19/09 a 25/09)	1,6 (64)	0 (91)
Cataluña	38 (19/09 a 25/09)	2,7 (75)	3,1 (98)
Comunidad Valenciana	38 (19/09 a 25/09)	-	0 (15)
Extremadura	38 (19/09 a 25/09)	0 (9)	4 (25)
Galicia	38 (19/09 a 25/09)	1 (198)	1,6 (183)
Madrid	38 (19/09 a 25/09)	6,6 (36)	5,3 (19)
Murcia	38 (19/09 a 25/09)	4,2 (84)	1,5 (37)
Navarra	38 (19/09 a 25/09)	9,1 (22)	6,3 (16)
País Vasco	38 (19/09 a 25/09)	0,6 (163)	0 (33)

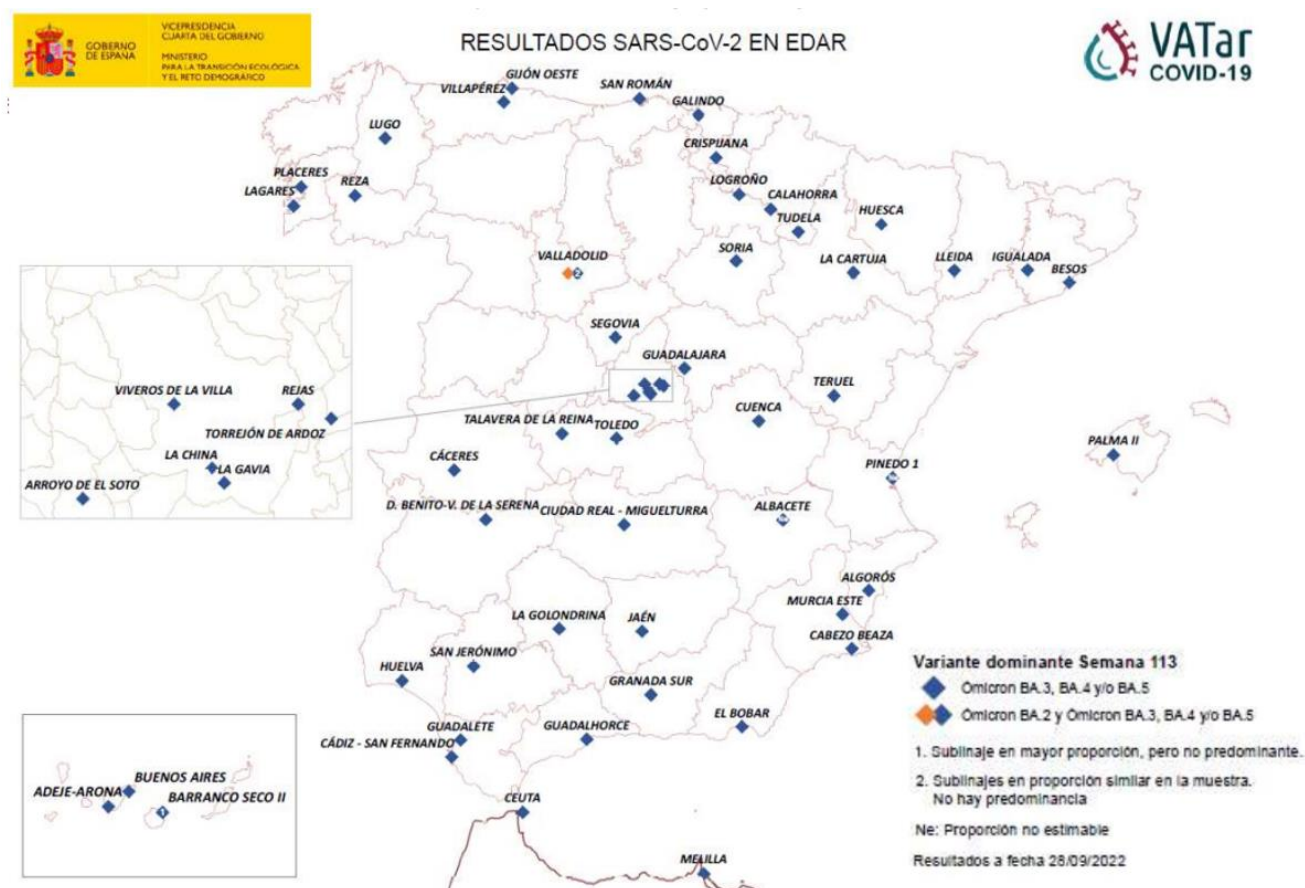
Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

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

En la semana del 19 al 25 de septiembre de 2022, 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 BA.3/BA.4/BA.5 (la técnica empleada no permite diferenciar entre estos sublinajes de Ómicron) en la práctica totalidad de las estaciones depuradoras de aguas residuales (EDAR) analizadas a excepción de una (Figura 7).

Figura 7. Variantes dominantes en cada una de las EDAR analizadas mediante RT-PCR dúplex entre el 19.09.2022 y el 25.09.2022



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 22 y 37 de 2022 (30.05.2022 a 18.09.2022) notificadas a SiVIEs.

	S-22	S-23	S-24	S-25	S-26	S-27	S-28	S-29	S-30	S-31	S-32	S-33	S-34	S-35	S-36	S-37
AY.4	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.12	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.43	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
B.1.1.7	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
B.1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.77	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.529	12	12	12	19	23	34	20	7	2	4	1	0	0	0	0	0
BA.1	8	22	20	7	4	0	2	0	0	0	0	0	0	3	1	0
BA.1.1	0	1	0	0	4	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
BA.1.17	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.17.2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.21	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2	643	496	342	165	135	74	34	18	11	5	3	3	2	1	1	0
BA.2.1	0	3	1	2	2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.2.3	57	37	22	21	8	4	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.3.2	1	1	0	0	0	0	1	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	4	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.6	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.7	2	3	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.9	174	119	72	33	20	16	6	6	1	0	0	0	1	0	0	0
BA.2.9.2	5	6	1	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.9.3	2	3	4	3	0	2	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.9.6	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.10	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.11	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.12	5	2	3	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.12.1	57	72	53	77	42	24	10	4	5	2	1	0	0	0	0	0
BA.2.13	9	14	9	4	4	2	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.13.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.14	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.18	24	22	16	18	5	3	4	6	0	1	1	0	0	0	0	0
BA.2.22	7	5	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.23	14	15	18	7	8	2	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.31	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.34	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.35	3	5	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.36	8	16	14	13	2	1	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.37	2	2	1	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.38	3	2	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.40.1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.44	3	4	3	3	0	0	3	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.47	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.48	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.49	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.52	1	1	4	3	2	6	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.53	1	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.54	9	7	7	12	8	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.56	28	40	19	21	10	15	6	4	0	0	2	0	2	0	0	0

BA.2.65	0	4	3	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.71	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.72	2	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.74	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.75	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0
BA.2.76	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.82	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.4	37	53	66	77	77	64	58	22	17	10	10	5	1	4	2	0
BA.4.1	6	13	26	21	31	15	17	23	11	5	2	2	6	0	1	0
BA.4.1.1	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	2	0	0	0	0
BA.4.1.6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
BA.4.2	0	0	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.3	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.4	0	0	0	0	0	1	1	2	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.4.5	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.6	0	0	0	0	2	4	8	14	14	3	7	5	7	7	12	4
BA.4.7	0	0	0	0	0	2	1	0	3	0	0	2	0	0	0	0
BA.5	333	323	243	126	91	77	81	58	32	35	14	10	18	14	14	7
BA.5.1	81	243	489	883	1009	952	774	567	421	326	230	151	117	82	38	12
BA.5.1.1	0	0	0	2	2	5	2	1	1	1	2	0	0	0	0	0
BA.5.1.2	0	1	0	0	2	1	5	3	2	1	3	0	0	0	1	0
BA.5.1.3	0	4	4	6	32	28	28	24	10	12	8	9	7	1	2	0
BA.5.1.4	0	0	0	0	3	4	3	1	3	1	2	0	0	0	0	0
BA.5.1.5	0	0	0	0	0	0	0	2	0	1	4	1	1	0	0	0
BA.5.1.8	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.10	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	4	2	1	0	0	0
BA.5.1.17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	0	0	0	0
BA.5.2	5	22	62	95	113	115	106	97	88	71	57	40	36	29	21	4
BA.5.2.1	4	23	65	148	207	189	157	141	110	66	56	50	67	30	27	7
BA.5.2.2	0	0	0	0	0	1	2	1	0	1	0	0	1	0	0	0
BA.5.2.3	0	0	0	2	4	8	7	7	6	6	1	2	0	2	0	1
BA.5.2.4	0	0	0	0	0	0	0	2	0	2	0	0	0	0	0	0
BA.5.3	1	2	1	3	4	3	5	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.5.3.1	0	0	2	6	4	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.3.2	0	0	1	1	3	2	2	4	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.3.3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.3.4	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.5	0	2	1	1	6	4	7	3	2	1	2	2	0	1	0	0
BA.5.6	0	0	2	2	2	16	25	11	1	0	1	11	1	1	1	1
BA.5.6.1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.8	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.9	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	2	0	0	1	0	0
BA.5.10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BE.1	3	9	31	52	101	42	39	35	16	21	11	10	7	2	1	0
BE.1.1	0	3	4	10	26	67	51	45	42	26	36	28	12	5	3	0
BE.1.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BE.1.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
BE.2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	2	0	2	0	0	0	0
BE.3	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.1	17	34	38	81	91	41	32	19	14	3	7	3	3	0	0	0
BF.2	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	2	0	0	0	1	0
BF.4	0	0	0	1	1	7	5	6	1	2	0	0	0	0	0	0
BF.5	0	1	0	2	3	12	20	16	5	5	4	0	3	0	0	0
BF.6	0	0	0	0	0	0	1	1	4	3	3	1	1	0	0	0
BF.7	0	0	0	1	0	0	2	1	0	7	9	3	7	7	7	0
BF.9	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.10	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0



SECRETARIA DE ESTADO DE SANIDAD
DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD PÚBLICA

**Centro de Coordinación de Alertas y
Emergencias Sanitarias**

BF.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	0	0	0
XE	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XN	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XQ	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XT	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XU	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XAK	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
XAG	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XAN	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
Otros Ómicron	10	10	14	7	2	4	8	5	10	1	1	1	0	0	0	1
Otros	4	3	7	0	9	1	6	1	7	4	1	1	2	1	0	0

Fuente: SiViEs a 30.09.2022. 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 22 y 37 de 2022 (30.05.2022 a 18.09.2022) notificadas a SiViEs

	S-22	S-23	S-24	S-25	S-26	S-27	S-28	S-29	S-30	S-31	S-32	S-33	S-34	S-35	S-36	S-37
B.1.1.7	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.529	11	12	11	16	13	26	19	7	2	4	0	0	0	0	0	0
BA.1	4	6	11	2	3	0	1	0	0	0	0	0	0	3	1	0
BA.1.1	0	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.7	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2	423	330	215	109	86	54	22	12	7	2	0	2	1	1	1	0
BA.2.1	0	3	1	2	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.2.3	36	32	19	17	7	4	2	0	1	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	3	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.6	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.7	0	3	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.9	113	85	41	18	15	13	6	4	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.9.2	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.9.3	0	0	1	2	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.12	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.12.1	23	34	27	56	25	15	6	0	2	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.13	4	5	8	2	3	1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.13.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.14	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.18	14	10	7	17	3	2	2	4	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.22	5	4	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.23	13	13	13	4	6	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.31	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.34	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.35	3	4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.36	5	8	8	10	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.37	1	2	1	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.38	2	2	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.40.1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.44	3	2	2	1	0	0	2	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.49	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.52	0	0	1	3	1	5	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.53	1	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.54	5	3	7	12	3	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.56	19	15	11	12	3	9	2	1	0	0	1	0	2	0	0	0
BA.2.65	0	3	3	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.71	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.76	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.4	20	36	48	48	48	51	40	13	8	7	6	2	1	4	2	0
BA.4.1	4	4	12	16	17	9	10	7	6	2	0	0	2	0	0	0
BA.4.1.1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	2	0	0	0	0
BA.4.2	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.4	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.4.6	0	0	0	0	0	1	5	5	4	1	3	2	1	0	0	0
BA.4.7	0	0	0	0	0	2	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0
BA.5	108	166	121	42	45	47	42	23	20	17	8	5	16	12	12	7
BA.5.1	32	106	307	556	605	621	507	326	225	187	108	71	56	54	21	3
BA.5.1.1	0	0	0	2	0	4	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.5.1.2	0	1	0	0	1	1	3	0	0	0	0	0	0	0	1	0
BA.5.1.3	0	3	1	3	10	14	21	14	3	5	5	2	1	0	1	0
BA.5.1.4	0	0	0	0	2	3	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0

BA.5.1.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.5.1.10	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	3	0	0	0	0	0
BA.5.2	2	6	21	33	36	50	46	46	24	24	18	13	9	7	9	1
BA.5.2.1	2	6	31	59	107	108	81	60	57	31	16	22	18	15	7	1
BA.5.2.2	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.3	0	0	0	2	1	6	3	4	3	3	0	1	0	1	0	0
BA.5.2.4	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.5.3	0	2	1	2	4	1	5	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.5.3.1	0	0	1	3	2	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.3.2	0	0	1	1	3	2	2	4	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.3.3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.3.4	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.5	0	2	0	1	6	2	4	2	1	1	0	0	0	0	0	0
BA.5.6	0	0	1	2	1	11	20	6	1	0	1	0	0	0	1	0
BA.5.6.1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.8	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BE.1	0	8	22	39	66	23	23	19	7	7	6	4	6	2	1	0
BE.1.1	0	2	2	8	20	51	35	28	29	14	24	12	7	1	0	0
BE.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0
BE.3	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.1	4	7	12	42	33	22	9	7	7	0	1	0	2	0	0	0
BF.2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.4	0	0	0	1	1	4	3	3	1	1	0	0	0	0	0	0
BF.5	0	1	0	2	2	8	13	11	2	5	1	0	1	0	0	0
BF.6	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0
BF.7	0	0	0	0	0	0	0	1	0	4	4	0	2	4	1	0
BF.10	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
BF.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
XE	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XQ	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XU	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XAG	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XAN	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Otros Ómicron	1	3	10	6	2	3	7	3	3	1	1	1	0	0	0	1
Otros	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0

Fuente: SiViEs 30.09.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones.