



DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD PÚBLICA

29 de noviembre de 2021

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 infección natural o vacunación con variantes previas.
- En el momento actual la variante Delta representa casi el 100% de las variantes detectadas mediante la secuenciación integrada en la vigilancia.
- Debido a la situación epidemiológica internacional y a la combinación de mutaciones que presenta, la variante recientemente descrita Ómicron se considera también como VOC. Está todavía pendiente determinar el impacto de esta variante en las características y la dinámica de transmisión de esta enfermedad. En España se ha confirmado un caso en un viajero procedente de Sudáfrica mediante secuenciación el día 29 de noviembre.
- La vigilancia basada en los datos de la secuenciación permitirá seguir detectando cambios en la situación epidemiológica de estas y las demás variantes.
- El análisis de la diversidad de los linajes que constituyen la variante Delta sigue siendo interés para alertar sobre la aparición de nuevas variantes de interés o de preocupación.
- Las medidas de prevención (mascarilla, distancia interpersonal, higiene de manos y ventilación) son eficaces para todas las variantes, incluidas las VOC.

Variante Delta:

- Predominante a nivel global. Más transmisible que la variante Alfa y ligera disminución de la efectividad de la vacuna.
- En España, en estos momentos, es la variante claramente dominante. De acuerdo con los muestreos aleatorios de casos compatibles estimado por PCR: en la semana 45 (8 a 14 de noviembre), con datos de 13 CCAA, el porcentaje se encuentra entre 94,7% y 100%. Mediante secuenciación integrada en el sistema de vigilancia, en la semana 45 (8 a 14 de noviembre) el porcentaje alcanzó 100%.

Otras variantes:

• De acuerdo con los datos de secuenciación asociada a muestreos aleatorios, el resto de variantes del virus se mantienen en niveles muy bajos de circulación. En las últimas cuatro semanas el conjunto de otras variantes no alcanza el 1% del total.



DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias

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 que puedan representar un aumento del riesgo.

Recientemente se ha notificado la aparición de una nueva variante perteneciente al linaje B.1.1.529 que la OMS ha denominado variante **Ómicron.** La OMS y el ECDC la han incluido entre las variantes consideradas VOC el día 26 de noviembre. A fecha de 29 de noviembre, el Comité Comité Técnico Coordinador de RELECOV ha considerado también que esta nueva variante debe ser considerada VOC.Esta variante presenta más de treinta mutaciones en el gen de la espícula (15 de ellas en el dominio de unión al receptor) además de numerosas mutaciones en otras regiones del genoma. Muchas de estas mutaciones estaban presentes en variantes ya detectadas previamente y varias se han relacionado con un aumento de la transmisibilidad o con un cierto grado de escape a la respuesta inmune. Entre las mutaciones descritas se encuentra la deleción 60-70 (presente también en Alfa) que produce el fallo de la amplificación del gen S con algunas técnicas de PCR.

Los primeros casos se detectaron en Bostuana en muestras del 11 de noviembre de 2021 y, posteriormente en muestras procedentes de Sudáfrica a partir del 14 de noviembre. En este último país, a través del marcador de ausencia de amplificación del gen S, se ha detectado una rápida expansión en distintas regiones (además, los datos de secuenciación parecen confirmar este hecho). En los últimos días numerosos países, incluidos varios países europeos (Bélgica, Países Bajos, Alemania, República Checa, Dinamarca, Italia, Portugal), han comunicado casos. En casi todos ellos se ha podido confirmar el antecedente de viaje a países del Sur de África o el vínculo con casos con este antecedente.

En España se ha confirmado un caso en un viajero procedente de Sudáfrica mediante secuenciación el día 29 de noviembre.

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



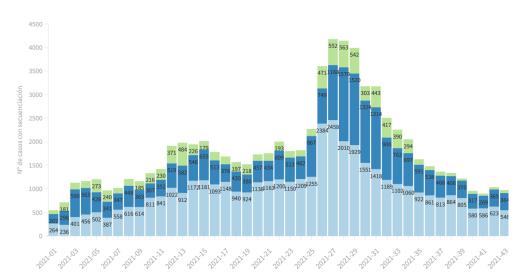
Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias

una identificación presuntiva de las variantes que comparten esa mutación o conjunto de mutaciones. A lo largo de las últimas semanas el porcentaje de variantes diferentes a Delta detectables mediante PCR específica ha ido disminuyendo a niveles muy bajos de circulación. Por otra parte, el retraso en los datos provenientes de la secuenciación es cada vez menor. Por estos motivos, en esta actualización el único cribado por PCR incluido en el informe es el de la variante Delta.

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/Integ racion 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. En las semanas más recientes hay información disponible de 15 comunidades y las dos ciudades autónomas. Dado que las técnicas de secuenciación completa son laboriosas, los resultados presentan mayor retraso que los cribados con PCR. Entre las semanas 33 a 45 (16 de agosto a 14 de noviembre) se han integrado en SiViEs, un promedio de 1128 secuencias semanales (685 asociadas a muestreo aleatorio y 383 no asociadas a muestreo aleatorio y 60 en las que no consta esta información) (Figura 1, tablas 5 y 6). 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 7,2% (con un rango entre 2,8% y 10%) (Figura 2).

Figura 1. Número de casos secuenciados en España, en las semanas 1 a 45 (4 de enero a 14 de noviembre) de 2021.

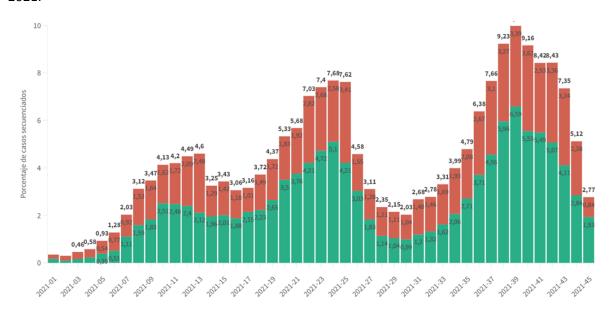




Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias

Fuente: SiViEs a 26 de noviembre de 2021. 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 a 45 (4 de enero a 14 de noviembre) de 2021.



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

Fuente: SiViEs a 26 de noviembre de 2021. 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 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, por el momento, la interpretación de esta información. Además, hay que tener en cuenta que, debido al retraso de la información, las últimas semanas son menos valorables. El porcentaje de Delta para la semana 45 (con datos preliminares de 487 secuencias de 6 comunidades autónomas a fecha de 26 de noviembre) es 100% (Figura 3).

Como se observa en las figuras 4 y 5 el predominio de Delta continúa siendo prácticamente absoluto en todas las comunidades y ciudades autónomas en las últimas semanas para las que se dispone de datos tanto en muestreos aleatorios como en el total de casos secuenciados.

La variante Delta incluye tanto al linaje B.1.617.2 como a los linajes derivados de éste. Un incremento mantenido de alguno de estos linajes podría deberse tanto a circunstancias epidemiológicas como a factores intrínsecos del virus por lo que monitorizar la frecuencia de cada uno de ellos puede ser de utilidad para detectar una nueva variante de interés o de preocupación. En la figura 6 se muestra el porcentaje de los linajes más frecuentes de Delta por semana epidemiológica entre las muestras analizadas por muestreo aleatorio. Aunque los datos de las últimas semanas son menos valorables y



Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias

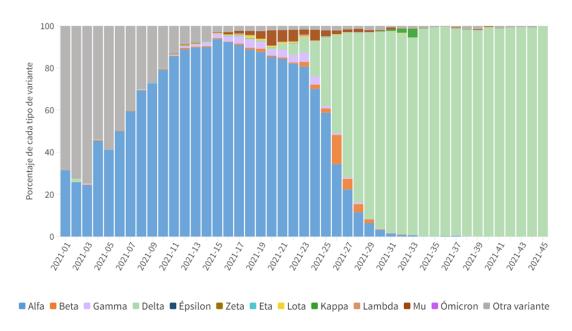
están sujetos a cambios a lo largo de las próximas semanas, se observa una tendencia decreciente en el porcentaje de B.1.617.2 en favor de otros linajes de Delta, destacando AY.43. Este linaje, también muy prevalente en otros países de nuestro entorno, no se ha relacionado hasta ahora con aumentos en la capacidad de transmisión o disminución de la efectividad vacunal como tampoco las mutaciones añadidas que presenta frente a B.1.617.2. El **linaje AY.4.2**, considerado como VUI (*variant under investigation*) por la UKHSA de Reino Unido desde el 20 de octubre y como VOI por el ECDC desde el 9 de noviembre, se observa por primera vez en estos muestreos en la semana 35 y, a fecha del 26 de noviembre, se ha detectado en 72 ocasiones entre las secuencias asociadas a muestreo aleatorio (155 entre el total de secuencias asociadas o no a muestreo aleatorio). A esta misma fecha se han detectado 20 secuencias correspondientes a AY.4.2 en la semana 45. El porcentaje de AY.4.2 entre las secuencias de Delta se ha incrementado desde un 0,1% en la semana 35 hasta un 4,1% en la semana 45.

El resto de variantes continúa detectándose a niveles muy bajos. En las últimas 4 semanas sólo 12 de 2061 muestras aleatorias secuenciadas corresponden a linajes diferentes a los de la variante Delta.

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, tablas 3 y 4.

El día 29 de noviembre se ha confirmado un caso de la variante **Ómicron** confirmado mediante secuenciación en un viajero procedente de Sudáfrica.

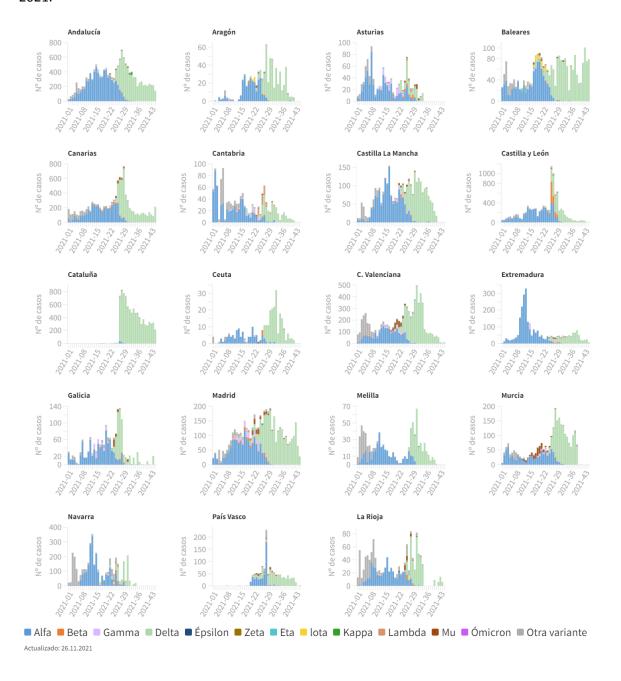
Figura 3. Porcentaje de cada tipo de variante por semana epidemiológica entre las semanas 1 y 45 (4 de enero a 14 de noviembre) de 2021 entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria.



Fuente: SiViEs a 19 de noviembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación. Falta información de 6 comunidades autónomas.

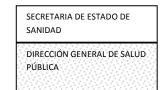


Figura 4. Número de secuencias totales por tipo de variante y semana para cada Comunidad Autónoma de la que se dispone de datos entre las semanas 1 y 45 (4 de enero a 14 de noviembre) de 2021.



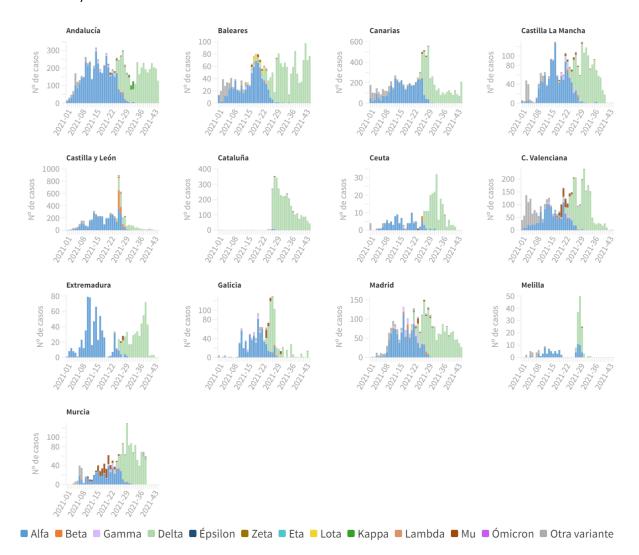
Fuente: SiViEs a 26 de noviembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.





Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias

Figura 5. 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 y 45 (4 de enero a 14 de noviembre) de 2021.

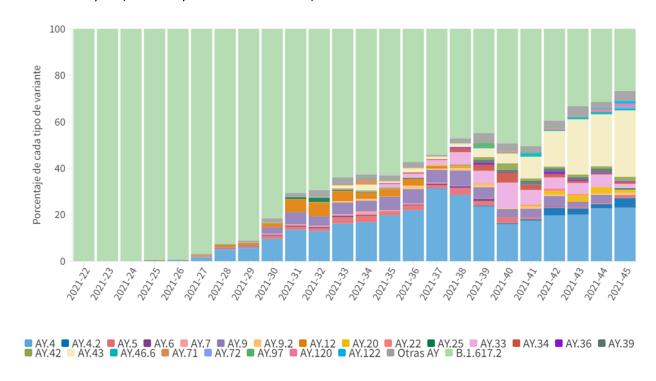


Fuente: SiViEs a 26 de noviembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación. Falta información de 6 comunidades autónomas.



Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias

Figura 6. Porcentaje de los diferentes linajes de la variante Delta en muestreos aleatorios entre las semanas 22 y 45 (31 de mayo a 14 de noviembre) de 2021.



Fuente: SiViEs a 26 de noviembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación. Falta información de 6 comunidades autónomas.



3.Información derivada de los cribados mediante PCR específicas

La consideración de la nueva variante Ómicron como VOC hace que recupere interés la detección de casos sospechosos mediante cribado con PCR capaz de detectar la deleción 69-70 o algunos otros de los marcadores que permitan hacer una identificación preliminar de esta variante. A medida que se disponga de esta información se volverán a analizar los resultados de dichos cribados en próximas actualizaciones.

Por otra parte, el cribado para la variante Delta continúa ofreciendo una información muy relevante ya que un descenso en la prevalencia de Delta entre las muestras cribadas podría indicar un aumento de otras variantes.

Delta (B.1.617.2)

La variante Delta se ha hecho dominante en todas las CCAA. La monitorización mediante técnicas de PCR capaces de detectar alguna de sus mutaciones más relevantes en muestras aleatorias proporciona una información rápida sobre los niveles a los que esta variante está circulando. Los datos se resumen en la tabla 2.

Tabla 2. Porcentaje de probables Delta estimado mediante marcador PCR específica y número de muestras analizadas (n) durante las semanas epidemiológicas a las que se hace referencia

	Última semana	% Probable Delta	0/ comono provio
Comunidad autónoma	epidemiológica con datos disponibles	(n)	% semana previa (n)
Andalucía	47	95,2 (641)	94,7 (393)
Aragón	46	100 (113)	100 (8)
Baleares	46	100 (824)	100 (584)
Canarias	46	99,3 (451)	98,1 (159)
Cantabria	46	100 (196)	100 (155)
Castilla-La Mancha	46	100 (227)	100 (147)
Castilla y León	45	83,6 (462)	85,7 (223)
Cataluña	46	98,2 (600)	98 (348)
Comunidad Valenciana	46	100 (52)	100 (10)
Extremadura	46	98,9 (94)	99 (87)
Galicia	46	99,6 (1150)	99,4 (511)
Madrid	46	99 (195)	100 (122)
Navarra	46	100 (476)	99,6 (281)
País Vasco	46	97,7 (1864)	97,1 (1504)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.



DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias

Anexo 1

Tabla 3. Número de muestras secuenciadas en España por linaje y por semana epidemiológica entre las semanas 30 y 45 (26 de julio a 14 de noviembre) de 2021 notificadas a SiViEs.

S. G. C. C. C. C. C. C. C		S-30	S-31	S-32	S-33	S-34	S-35	S-36	S-37	S-38	S-39	S-40	S-41	S-42	S-43	S-44	S-45
NY.2	B.1.617.2																180
AY.3	AY.1	0	2	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
AY3.1	AY.2																0
AY.4			-	_	_	_										ŭ	0
AY.4.1																	0
$ \begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$																	134
AY.42.1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 1 1 AY.43.4 0 <				_	_							_					31
$ \begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$																	0
$ \begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$					_	_											0
AY,5 30 59 35 40 43 30 31 20 44 23 24 6 2 5 5 AY,52 0							0				0	0	0	0	2	0	0
AY.5.1	AY.4.5	0	0	0	0	0	6		0	0	1	0	1				2
AY.52																	6
$ \begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$			_	_	_	_											0
AY.6												-					0
$ \begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$					_												0
$ \begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$										+							0
$ \begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$				_						-	-	-					0
$ \begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$														_			0
$ \begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$				_													1
$ \begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$																	1
AY.11	AY.9.2	0	0	0		_	1			11	8	3			0	5	6
$ \begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$				_	_		-										0
$ \begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$			_			_						_					0
AY.16																	0
AY.17																	0
AY.19					_		-										0
AY.20 2 2 4 4 1 4 1 3 9 5 0 5 10 20 13 AY.21 0 <t< td=""><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td><td>0</td></t<>																	0
AY.21 0 0 0 2 0 0 0 0 1 0 0 0 AY.22 0 0 0 0 0 1 6 2 0 AY.23 10 13 23 13 5 6 4 4 3 0 1 0 0 0 0 AY.23.1 0					-	_	-	-									8
$ \begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$			_	-	-	_		0			_						0
AY.23.1 0 </td <td></td> <td>0</td> <td>0</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td>0</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td>0</td> <td></td> <td>6</td> <td></td> <td></td> <td>0</td>		0	0					0				0		6			0
AY.24 3 6 3 4 4 3 0 0 2 0 1 0 0 2 0 AY.25 19 7 9 12 10 3 7 3 12 12 8 7 4 1 1 AY.27 0	AY.23	10	13	23	13	5	6	4	4	3	0	1	0	0	0	0	3
AY.25 19 7 9 12 10 3 7 3 12 12 8 7 4 1 1 AY.26 1 5 0 2 1 3 2 1 5 8 6 0 0 4 0 AY.27 0													_				0
AY.26 1 5 0 2 1 3 2 1 5 8 6 0 0 4 0 AY.27 0				_	_					-		-			-		0
$\begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$				_													3
$\begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$				_													0
AY.29.1 0 </td <td></td> <td>0</td>																	0
AY.30 0 0 0 0 1 0 <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td>-</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td>0</td>							-										0
AY.32 0 0 0 0 1 0 1 0 1 0 0 0 0 AV.333 1 4 6 4 17 21 21 21 22 28 65 66 73 42 37 35 26 AY.34 0 0 1 1 2 3 5 5 16 22 24 14 11 8 8 AY.35 0 0 1 0 0 1 1 1 5 7 6 5 11 11 1 2 7 6 5 11 11 11 12 0													_				0
AY.33 1 4 6 4 17 21 21 28 65 66 73 42 37 35 26 AY.34 0 0 1 1 2 3 5 5 16 22 24 14 11 8 8 AY.36 0 0 1 0 0 1 1 1 5 7 6 5 11 11 12 AY.37 0 0 0 0 1 0 1 0 2 1 2 0						_	0										0
AY.36 0 0 1 0 0 1 1 1 5 7 6 5 11 11 12 AY.37 0 0 0 0 1 2 1 0 <t< td=""><td></td><td>1</td><td>4</td><td>6</td><td>4</td><td>17</td><td>21</td><td>21</td><td>28</td><td>65</td><td>66</td><td>73</td><td>42</td><td>37</td><td>35</td><td>26</td><td>14</td></t<>		1	4	6	4	17	21	21	28	65	66	73	42	37	35	26	14
AY.37 0 0 0 1 2 1 0 2 1 2 0 <td>AY.34</td> <td>0</td> <td>0</td> <td>1</td> <td>1</td> <td>2</td> <td>3</td> <td>5</td> <td>5</td> <td>16</td> <td>22</td> <td>24</td> <td>14</td> <td>11</td> <td>8</td> <td>8</td> <td>4</td>	AY.34	0	0	1	1	2	3	5	5	16	22	24	14	11	8	8	4
AY.38 0 0 0 1 0 1 0 0 0 1 3 0 0 0 AY.39 4 2 1 2 5 3 2 3 4 12 11 14 12 7 21 AY.39.1 0	AY.36			_													11
AY.39 4 2 1 2 5 3 2 3 4 12 11 14 12 7 21 AY.39.1 0				_		-					-						0
AY.39.1 0 </td <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td>_</td> <td></td> <td>-</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td>-</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td>0</td>					_		-					-					0
AY.40 0 0 0 0 1 2 0 0 1 1 0 <td></td> <td></td> <td></td> <td>_</td> <td></td> <td>_</td> <td></td> <td>0</td>				_		_											0
AY.42 0 0 2 2 4 0 1 2 0 8 16 10 18 21 27 AY.43 4 0 1 14 27 11 15 13 23 34 39 84 214 288 239 AY.44 0 0 0 0 0 1 0 0 2 0 0 3 0 3 AY.45 0																	0
AY.43 4 0 1 14 27 11 15 13 23 34 39 84 214 288 239 AY.44 0 0 0 0 0 1 0 0 2 0 0 3 0 3 AY.45 0							_			1							14
AY.44 0 0 0 2 0 1 0 0 2 0 0 3 0 3 AY.45 0																	198
$\begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$																	4
$\begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$						0		0			0						1
$\begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$				0	0												2
AY.46.5 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 2 1 AY.46.6 0 0 0 0 0 0 0 0 2 1 9 8 11 9 AY.47 0 0 0 0 0 1 0 1 1 0 3 7 1 AY.51 0																-	2
AY.46.6 0 0 0 0 0 0 0 0 2 1 9 8 11 9 AY.47 0 0 0 0 0 0 1 0 1 1 0 3 7 1 AY.51 0																	0
AY.47 0 0 0 0 0 1 0 1 1 0 3 7 1 AY.51 0												_					0
AY.51 0 <td></td> <td>-</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td>16</td>												-					16
AY.61 0 0 0 0 0 0 1 0 0 1 0 1 0 1 0 1 0 1 0 1 0 0 1 0 0 1 0 <td></td> <td>-</td> <td>0</td>																-	0
AY.66 0 1 AY.71 0 0 1 8 24 2 3 1 1 0 3 0 0 0 0 0 AY.72 0					_												1
AY.71 0 0 1 8 24 2 3 1 1 0 3 0 0 0 0 AY.72 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 AY.73 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0																	0
AY.72 0 <td></td> <td>0</td>																	0
									0								6
AY,75 0 0 0 0 0 0 0 0 0																	2
	AY.75	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1



DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias

	1.	1.	T _	1.	1 -	T _	1 -	1 -	1 -	1 -	-	-		Ι.		т -
AY.87	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	4	0
AY.91	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
AY.92	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0
AY.94	0	0	0	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.96	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
AY.97	0	0	0	0	0	0	0	0	3	18	1	2	0	0	0	0
AY.98	0	0	0	0	1	0	0	0	2	2	0	0	2	1	1	0
AY.98.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	1	3	0	4
AY.99.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
AY.100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	5
AY.102	0	0	0	0	0	0	2	0	1	2	3	2	2	2	1	2
AY.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	2	0	8
AY.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	1
AY.110	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
AY.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
AY.113	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	2	0	3	9	6	2
AY.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0
AY.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
AY.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
AY.120	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	3	2	12	9
AY.121	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	3	0	1
AY.122	0	0	0	2	3	0	0	0	0	0	0	1	1	0	3	6
AY.122.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
B.1.1.7	109	42	24	10	8	4	3	4	1	0	1	0	0	0	0	0
B.1.351	25	6	9	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.351.2	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
P.1	9	5	1	1	1	1	2	3	1	0	0	0	0	0	0	0
P.1.4	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
P.1.12	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
C.37	6	6	4	3	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
C.37.1	2	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.621	21	29	12	8	5	1	3	3	0	3	2	1	0	0	1	1
B.1.621.1	0	0	1	0	0	0	0	4	2	0	0	0	0	0	0	0
B.1.526	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
B.1.617	27	24	12	6	3	3	5	6	11	11	1	2	3	1	1	1
B.1.617.1	6	12	24	44	1	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0
B.1.617.3	3	0	0	3	1	2	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
B.1.575	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0
P.2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A.28	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.318	6	9	2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
B.1.324.1	2	0	4	3	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AZ.5	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otras variantes	22	27	10	16	12	12	13	5	7	8	2	8	3	11	5	1
Ctras variantes	- 44	41	10	10	14	14	13	J		U		U	J	1 11	J	

Fuente: SiViEs a 19 de noviembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Tabla 4. Número de muestras seleccionadas de forma aleatoria secuenciadas, por linaje y por semana epidemiológica entre las semanas 30 y 45 (26 de julio a 14 de noviembre) de 2021 notificadas a SiViEs.

	S-30	S-31	S-32	S-33	S-34	S-35	S-36	S-37	S-38	S-39	S-40	S-41	S-42	S-43	S-44	S-45
D 4 C47 2														0 .0		
B.1.617.2	1147	934	765	639	631	548	470	414	382	330	268	275	231	176	141	131
AY.1	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
AY.3	4	1	1	0	1	1	0	0	2	2	1	1	1	3	0	0
AY.3.1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4	136	179	143	162	169	171	180	238	230	173	87	95	115	106	102	113
AY.4.2	0	0	0	0	0	1	0	1	1	3	2	3	19	14	8	20
AY.4.2.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
AY.4.3	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0
AY.4.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1
AY.5	18	18	13	27	28	14	17	11	24	14	14	5	2	3	2	6
AY.5.2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	0	1	2	0	0
AY.6	6	5	7	7	4	1	3	5	7	8	0	0	1	0	0	0
AY.7	7	8	5	6	15	4	4	3	1	1	0	0	0	0	0	0
AY.7.1	13	6	5	6	4	4	8	2	2	0	0	0	0	0	0	0
AY.7.2	0	0	0	1	1	4	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
AY.9	38	69	45	50	46	50	50	42	53	35	19	20	27	12	16	1
AY.9.1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
AY.9.2	0	0	0	6	8	1	13	4	10	8	3	5	4	0	2	4
AY.10	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0
AY.12	24	73	65	44	28	28	24	8	4	1	0	0	0	1	0	0
AY.16	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.17	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.19	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0



DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias

AY.20	13 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	7 0 0 0 3 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
AY 22	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 24 2 2 2 2 0 0 0 0	0 3 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
$ \begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 24 2 2 0 0 0 8 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	3 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
$ \begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	0 0 0 0 0 0 0 0 0 24 2 2 0 0 0 8 0 0 0 0 4 100 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 9 4 2 2 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
AY.25	0 0 0 0 0 0 0 0 24 2 2 2 0 0 0 8 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 9 4 2 0 0 0 0 0 0 0 0 0 9 4 2 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
AY.26 1 1 0 2 1 3 0 0 2 5 3 0 0 3 AY.27 0	0 0 0 0 0 0 0 0 24 2 2 2 2 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 9 4 2 0 0 0 0 0 0 0 0 9 4 2 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
AY.27 0 <td>0 0 0 0 0 24 2 2 2 0 0 0 4 100 0 1 0 0 5 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0</td> <td>0 0 0 0 0 9 4 2 0 0 0 0 0 0 1 1 0 2</td>	0 0 0 0 0 24 2 2 2 0 0 0 4 100 0 1 0 0 5 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 9 4 2 0 0 0 0 0 0 1 1 0 2
$ \begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	0 0 0 0 24 2 2 2 0 0 0 8 0 0 4 100 0 1 0	0 0 0 0 9 4 2 0 0 0 0 0 0 1 1 0 2
AY.39.1	0 0 0 24 2 2 0 0 8 0 0 4 100 0 1 0 0 0 5	0 0 0 9 4 2 0 0 0 0 0 0 9 140 1
AY.30 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 AY.32 0 0 0 0 0 1 0 0 1 0 1 0 1 0	0 0 24 2 2 2 0 0 0 8 0 0 4 100 0 1 0 0 0 0 0 5 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 9 4 2 0 0 0 0 0 0 140 1
AY.32 0 0 0 0 1 0 0 1 0 1 0 0 1 0 0 1 0 0 1 0 0 1 0 0 1 0 0 1 0 0 1 0 0 1 0 0 1 0 0 1 0 0 4 6 1 1 7 3 AY.37 0 0 0 0 1 1 0	0 24 2 2 0 0 8 0 0 4 100 0 1 0 0 0 5 0	9 4 2 0 0 0 0 0 0 9 140 1 0 2
$\begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	2 2 0 0 8 0 0 4 100 0 1 0 0 0 5 0	4 2 0 0 0 0 0 0 9 140 1 0 2
AY.36 0 0 1 0 0 1 0 0 4 6 1 1 7 3 AY.37 0 0 0 0 1 2 1 0 0 1 1 0	2 0 0 8 0 0 4 100 0 1 0 0 0 5 0	2 0 0 0 0 0 9 140 1 0 2
$\begin{array}{c ccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	0 0 0 8 0 0 4 100 0 1 0 0 0 0 5	0 0 0 0 0 9 140 1 0 2
AY.38 0 0 0 1 0 1 0 0 0 1 3 0 0 AY.39 0 0 0 0 1 0	0 8 0 0 4 100 0 1 0 0 0 5	0 0 0 0 9 140 1 0 2
AY.39 0 0 0 1 0 0 1 10 6 9 8 6 AY.39.1 0 <t< td=""><td>8 0 0 4 100 0 1 0 0 0 5</td><td>0 0 0 9 140 1 0 2</td></t<>	8 0 0 4 100 0 1 0 0 0 5	0 0 0 9 140 1 0 2
AY.39.1 0 </td <td>0 0 4 100 0 1 0 0 0 5</td> <td>0 0 9 140 1 0 2</td>	0 0 4 100 0 1 0 0 0 5	0 0 9 140 1 0 2
AY.40 0 0 0 1 0 <td>0 4 100 0 1 0 0 0 5</td> <td>0 9 140 1 0 2</td>	0 4 100 0 1 0 0 0 5	0 9 140 1 0 2
AY.42 0 0 1 2 3 0 1 0 0 8 15 5 4 5 AY.43 2 0 1 13 25 6 14 8 12 28 23 51 90 126 AY.44 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 AY.45 0	4 100 0 1 0 0 0 0 5	9 140 1 0 2 0
AY.43 2 0 1 13 25 6 14 8 12 28 23 51 90 126 AY.44 0	100 0 1 0 0 0 0 5	140 1 0 2 0
AY.44 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 AY.45 0	0 1 0 0 0 5	1 0 2 0
AY.45 0 <td>1 0 0 0 5</td> <td>0 2 0</td>	1 0 0 0 5	0 2 0
AY.46 0 0 0 0 1 0 0 0 0 4 1 AY.46.4 0 <td< td=""><td>0 0 0 5 0</td><td>0</td></td<>	0 0 0 5 0	0
AY.46.4 0 0 0 0 0 0 0 1 1 0 0 0 AY.46.5 0 <	0 0 5 0	0
AY.46.5 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 AY.46.6 0 0 0 0 0 0 0 0 2 1 8 3 5 AY.47 0 0 0 0 0 1 0 1 0 0 2 0 AY.61 0	0 5 0	
AY.46.6 0 0 0 0 0 0 0 2 1 8 3 5 AY.47 0 0 0 0 0 0 1 0 1 0 0 2 0 AY.61 0	5	0
AY.47 0 0 0 0 0 1 0 1 0 2 0 AY.61 0	0	4
AY.71 0 0 1 8 24 2 3 1 1 0 3 0 0 0 AY.72 0	0	0
AY.72 0 <td></td> <td>0</td>		0
AY.73 0 <td>0</td> <td>0</td>	0	0
AY.87 0 <td>0</td> <td>5</td>	0	5
AY.91 0 1 1 0 <td>0</td> <td>1</td>	0	1
AY.92 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 1 AY.94 0 0 0 2 2 0	4	0
AY.94 0 0 0 2 2 0 1 0 0 0 0 1 1 0 0 0 1 1 0 0 0 1 1 0 <td>0</td> <td>1</td>	0	1
AY.97 0 0 0 0 0 0 1 15 1 1 0 0 AY.98 0 0 0 0 1 0 0 2 2 0 0 1 0 AY.98.1 0 0 0 0 0 0 0 0 5 0 0 1 1 AY.100 0	1	0
AY.98 0 0 0 0 1 0 0 0 2 2 0 0 1 0 AY.98.1 0 0 0 0 0 0 0 0 5 0 0 1 1 AY.100 <td>0</td> <td>0</td>	0	0
AY.98.1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 1 AY.100 0	0	0
AY.100 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 2 0 AY.102 0 0 0 0 0 1 0 1 2 3 2 1 1	1	0
AY.102 0 0 0 0 0 0 1 0 1 2 3 2 1 1	0	4
	1	2
	0	1
AY.113 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 2 0 2 4	1	1
AY.116 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0	0
AY.117 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 1	0	0
AY.119 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 1	0	0
AY.120 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 2 0 3 1	5	5
AY.121 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 1 1 0 1 1 0 1 0	0	1
AY.122 0 0 0 2 3 0 0 0 0 0 1 0 0	2	6
AY.122.1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0	2
<u>B.1.1.7</u> 49 21 9 7 1 1 2 3 0 0 0 0 0 0	0	0
<u>B.1.351</u> 4 1 2 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0	0
<u>B.1.351.2</u> 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0	0
P.1	0	0
P.1.12 0 0 0 0 0 0 1 1 0 0 0 0 C.37 0 0 2 0 0 0 1 0 0 0 0 0	0	0
C.37 0 0 2 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 C.37.1 1 0 1 0	0	0
B.1.621 6 13 1 1 2 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0	0	0
B.1.526	0	0
B.1.617	0	0
B.1.617.1 5 9 23 44 1 1 0 0 0 1 0 0 1 0 0	0	0
B.1.617.3 2 0 0 0 1 1 0 0 0 0 0 0 0 0	0	0
B.1.575 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1	0	0
P.2 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0	0
A.28 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0	0
B.1.324.1 2 0 4 3 2 1 0 0 0 0 0 0 0 0	0	0
Otra variante 14 6 5 9 5 3 1 3 2 3 1 4 2 2		0

Fuente: SiViEs a 26 de noviembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación. Falta información de 6 CCAA.