

17 de mayo 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.
- De acuerdo con los datos de secuenciación y PCR específica el linaje BA.2 es el predominante.
- Mediante secuenciación de muestras aleatorias, en la semana 17 de 2022 (25 de abril a 1 de mayo) el porcentaje se sitúa en 100%.
- Respecto a los diferentes linajes: los cribados aleatorios mediante PCR específica para el linaje **BA.2** han detectado en la semana 18 de 2022 (2 a 8 de mayo), porcentajes que oscilan en las diferentes CCAA entre el 82,5% y el 100%. Esta misma semana, para los linajes BA.1 y BA.3, el rango entre CCAA oscila entre 0% y 8,1% y para los linajes BA.4 y BA.5 se encuentra entre el 0% y el 0,6%.

#### Otras variantes:

- De acuerdo con los datos de secuenciación asociados a muestreos aleatorios, el resto de variantes del virus (incluida la variante Delta) 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.



SECRETARIA DE ESTADO DE SANIDAD
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.

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, ha ido aumentando hasta convertirse en el linaje predominante a nivel global.

Los linajes BA.4 y BA.5 fueron descritos por primera vez en Sudáfrica donde se han convertido en dominantes y se han detectado también en distintos países europeos. En la mayoría de ellos se detectan en niveles bajos de circulación con la excepción de Portugal donde, a fecha de 8 de mayo, BA.5 supone el 37% de los casos secuenciados y muestra una ventaja de crecimiento del 12% (similar a la observada en semanas previas en Sudáfrica). Las mutaciones presentes en BA.4 y BA.5 suponen un importante cambio antigénico (particularmente frente a BA.1) lo cual podría otorgarles una ventaja de crecimiento gracias a un mayor escape inmune. Se considera probable que estos linajes desplacen a BA.2 en las próximas semanas en Europa.

Por otra parte, en Estados Unidos, un sublinaje de BA.2 (BA.2.12.1) también está mostrando un ritmo de crecimiento superior al del resto de linajes en dicho país.

Además, en el momento actual, circulan también varios linajes recombinantes que presentan en su genoma fragmentos de otros linajes de las variantes Delta y Ómicron o de diferentes linajes de Ómicron.

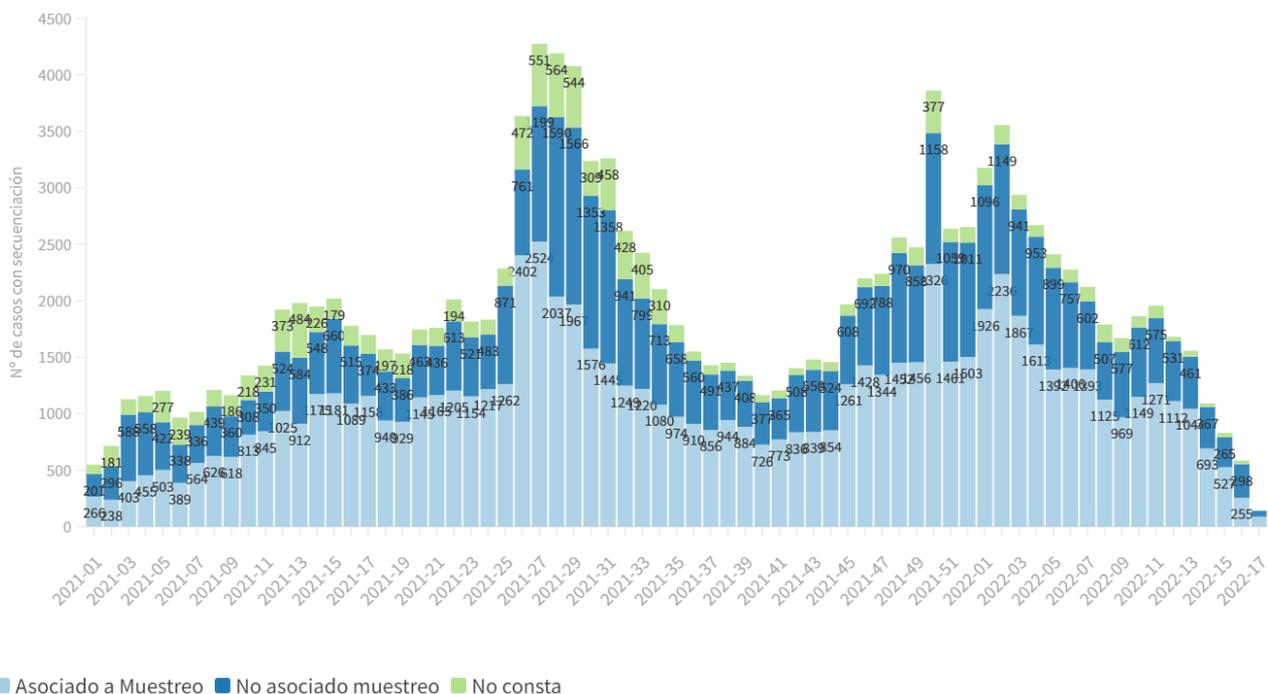
Hasta el momento no se han observado diferencias en la gravedad de los casos para ninguno de estos linajes.

## 2. Información derivada de la secuenciación e integrada en el Sistema de Vigilancia de España

Desde el inicio de 2021, la vigilancia del SARS-CoV-2 en España incluye información genómica para la confirmación de la presencia de variantes mediante técnicas de secuenciación. Para conocer la incidencia de cada uno de los tipos de variantes VOC y VOI, se lleva a cabo la secuenciación de un muestreo aleatorio de los casos en cada comunidad de acuerdo a los procedimientos acordados ([https://www.mscbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/Integracion\\_de\\_la\\_secuenciacion\\_genomica-en\\_la\\_vigilancia\\_del\\_SARS-CoV-2.pdf](https://www.mscbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/Integracion_de_la_secuenciacion_genomica-en_la_vigilancia_del_SARS-CoV-2.pdf)).

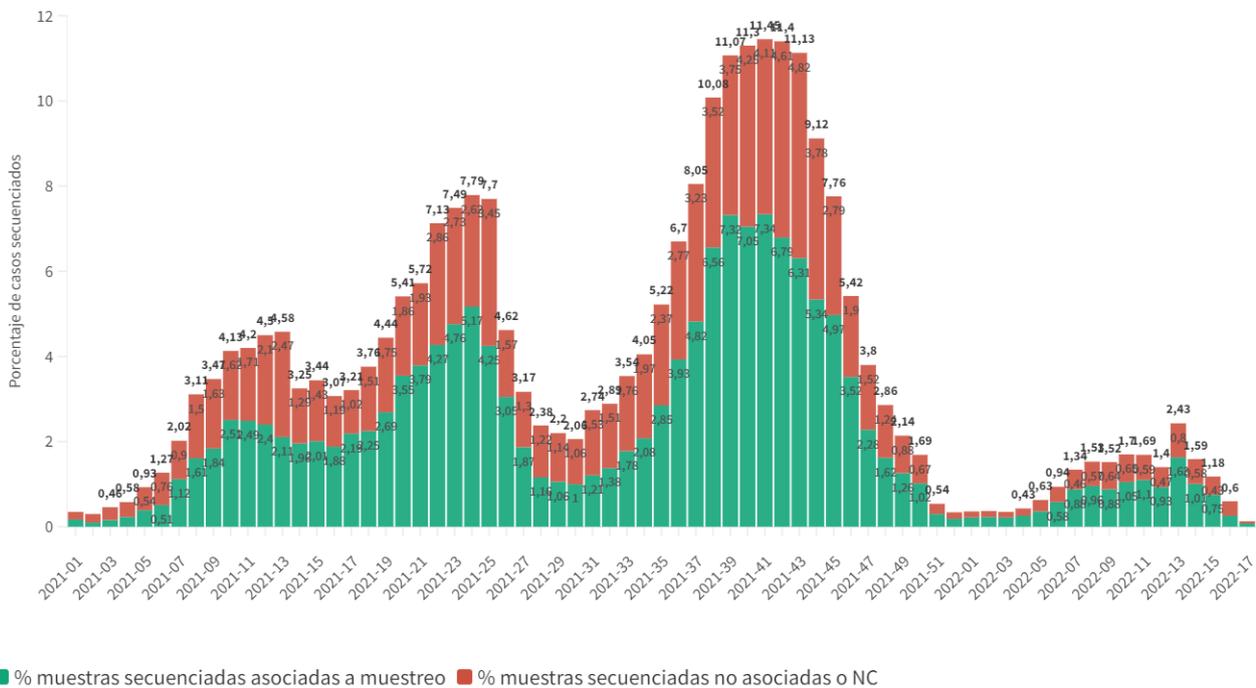
La información disponible en el Sistema de Vigilancia en España (SiViEs) se analiza de forma semanal. Dado que las técnicas de secuenciación completa son laboriosas, los resultados presentan mayor retraso que los cribados con PCR. Desde la semana 1 a la 16 de 2022 (03.01.2022 a 24.04.2022) un promedio de 1821 casos semanales (1133 asociadas a muestreo aleatorio, 597 no asociadas a muestreo aleatorio y 91 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 0,4% y 3,1%) (Figura 2).

**Figura 1.** Número de casos secuenciados en España, en las semanas 1 de 2021 a 17 de 2022 (4.01.2021 a 01.05.2022).



Fuente: SiViEs a 13.05.2022. 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 17 de 2022 (4.01.2021 a 01.05.2022).



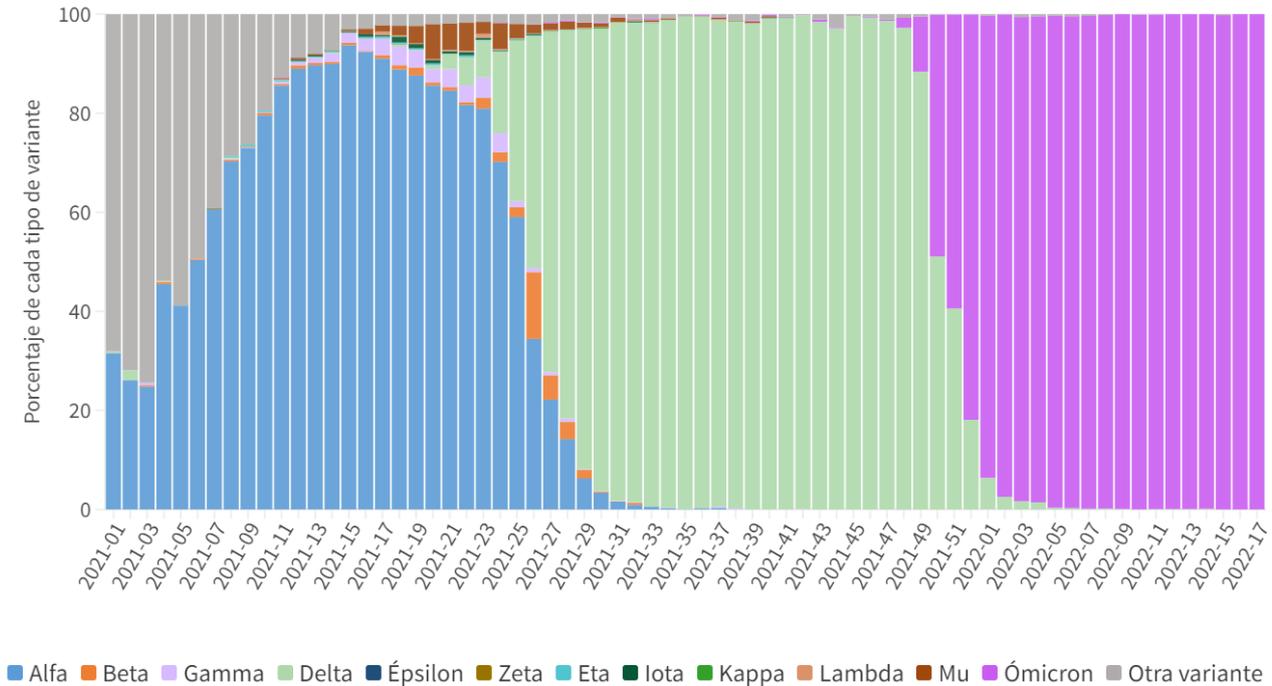
Fuente: SiViEs a 13.05.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

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 16, del 11.04.2022 al 17.04.2022, debe interpretarse con cautela debido al escaso número de muestras secuenciadas aleatoriamente con información disponible (89 muestras de 5 CCAA). La variante **Ómicron** supone un porcentaje de 100% de dichas muestras. Entre los distintos linajes de esta variante, BA.2 se sitúa como el más frecuente (Figura 4). Aunque en niveles muy bajos (inferiores al 2%), en las últimas semanas se han notificado algunas secuenciaciones correspondientes a los linajes BA.3, BA.4, BA.5 y linajes recombinantes XE y XT. 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.

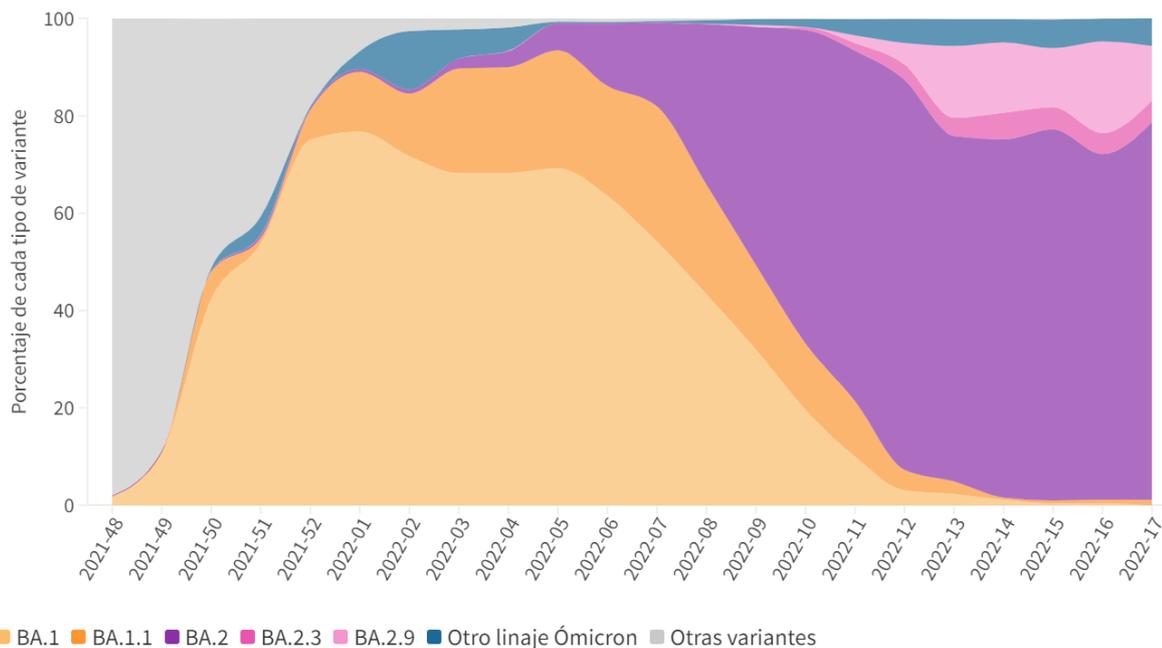
El resto de variantes continúa detectándose a niveles muy bajos. En las últimas 4 semanas analizadas, de las 1564 muestras aleatorias secuenciadas, 2 corresponde a linajes diferentes a los de Ómicron (incluyendo Delta).

**Figura 3.** Porcentaje de cada tipo de variante por semana epidemiológica entre las 1 de 2021 a 17 de 2022 (4.01.2021 a 01.05.2022) entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria



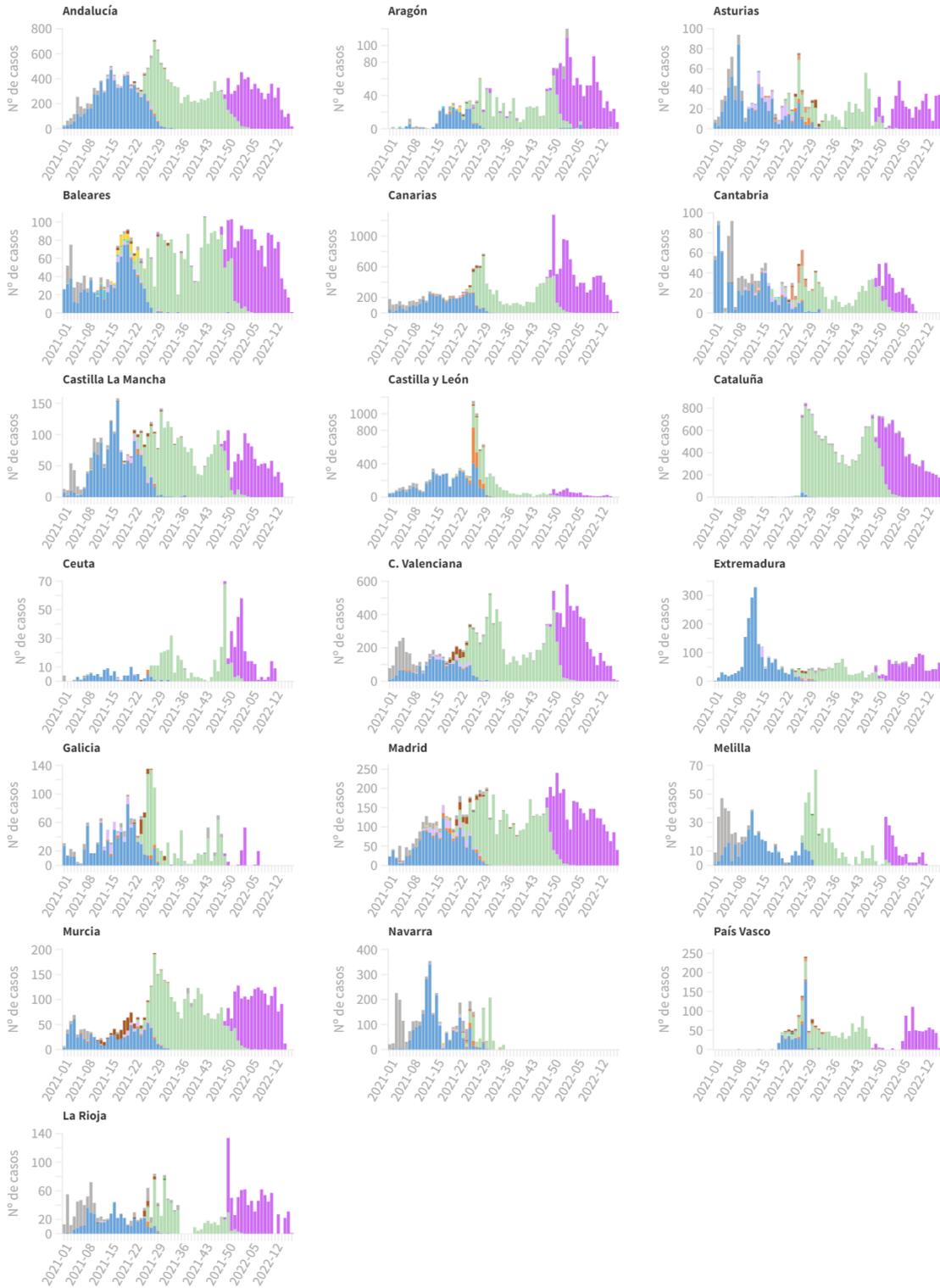
Fuente: SIViEs a 13.05.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

**Figura 4.** Evolución de los linajes de Ómicron entre las semanas 48 de 2021 y 17 de 2022 (29.11.2021 a 01.05.2022) y entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria.



Fuente: SIViEs a 13.05.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

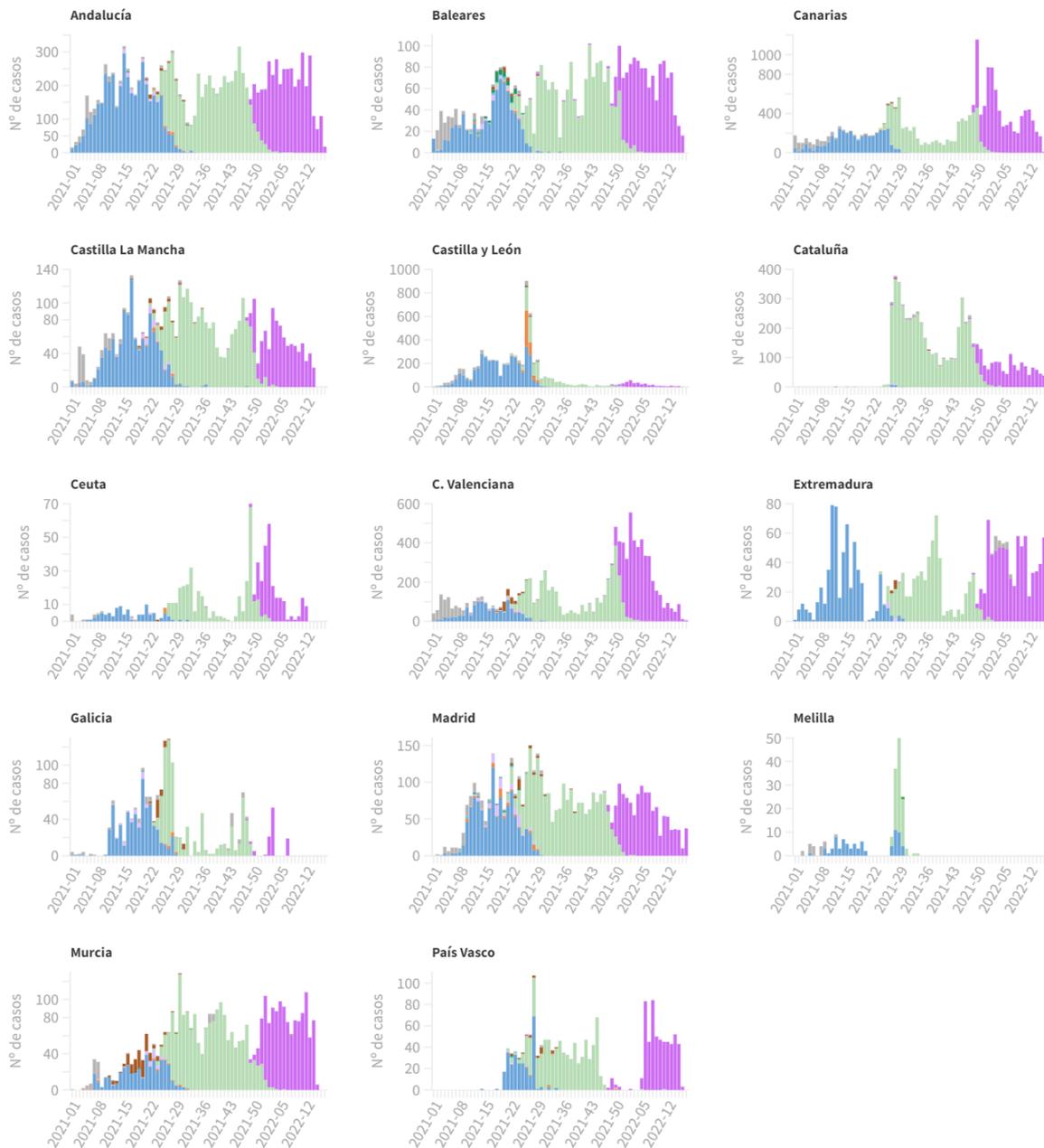
**Figura 5.** Número de secuencias totales por tipo de variante y semana para cada Comunidad Autónoma entre las semanas 1 de 2021 a 17 de 2022 (4.01.2021 a 01.05.2022).



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

Fuente: SIVIe a 13.05.2022. 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 17 de 2022 (4.01.2021 a 01.05.2022).



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

Fuente: SiViEs a 13.05.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

### 3. Información derivada de los cribados mediante PCR específicas

Los cribados mediante PCR permiten detectar cambios en la frecuencia de estas variantes más rápidamente que la secuenciación. En las tablas 1, 2 y 3 se muestran los resultados de las últimas semanas para el cribado de Ómicron (BA.2) y Ómicron (BA.1 y BA.3) y Ómicron (BA.4 y BA.5).

**Tabla 1.** Porcentaje de probables Ómicron (linaje BA.2) estimado mediante marcador PCR específica y número de muestras analizadas (n) durante las semanas epidemiológicas a las que se hace referencia

Comunidad autónoma	Última semana epidemiológica con datos disponibles	% Probable Ómicron (BA.2) (n)	% semana previa (n)
Andalucía	19 (9/5 a 15/5)	97 (432)	97,1 (382)
Aragón	18 (2/5 a 8/5)	95,7 (47)	-
Asturias	18 (2/5 a 8/5)	94,2 (851)	95,1 (1399)
Baleares	18 (2/5 a 8/5)	96,9 (294)	96,4 (306)
Canarias	18 (2/5 a 8/5)	97,1 (829)	98 (750)
Cantabria	18 (2/5 a 8/5)	99,8 (422)	99,4 (477)
Castilla- La Mancha	18 (2/5 a 8/5)	82,5 (623)	89,1 (625)
Castilla y León	18 (2/5 a 8/5)	90,9 (232)	88,4 (199)
Cataluña	18 (2/5 a 8/5)	97,5 (563)	97,3 (511)
Comunidad Valenciana	18 (2/5 a 8/5)	100 (77)	96,9 (160)
Extremadura	18 (2/5 a 8/5)	88,6 (123)	83,8 (130)
Galicia	18 (2/5 a 8/5)	98,6 (1439)	97,8 (1254)
Madrid	18 (2/5 a 8/5)	96,8 (250)	89,7 (301)
Murcia	18 (2/5 a 8/5)	99,7 (367)	-
Navarra	18 (2/5 a 8/5)	99,5 (187)	98,1 (215)
País Vasco	18 (2/5 a 8/5)	86,1 (1506)	88,9 (2263)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

**Tabla 2.** Porcentaje de probables Ómicron (BA.1, BA.3) estimado mediante marcador PCR específica y número de muestras analizadas (n) durante las semanas epidemiológicas a las que se hace referencia

Comunidad autónoma	Última semana epidemiológica con datos disponibles	% Probable Ómicron (BA.1, BA.3) (n)	% semana previa (n)
Andalucía	19 (9/5 a 15/5)	2,8 (432)	3,2 (382)
Aragón	18 (2/5 a 8/5)	4,3 (47)	-
Asturias	18 (2/5 a 8/5)	2,9 (851)	3,2 (1399)
Baleares	18 (2/5 a 8/5)	3,1 (294)	3,3 (306)
Canarias	18 (2/5 a 8/5)	1,1 (829)	1,1 (750)
Cantabria	18 (2/5 a 8/5)	0,2 (422)	0,6 (474)
Castilla- La Mancha	18 (2/5 a 8/5)	0,9 (469)	3,5 (510)
Castilla y León	18 (2/5 a 8/5)	4 (525)	7,1 (379)
Cataluña	18 (2/5 a 8/5)	2,4 (1052)	1,9 (788)
Comunidad Valenciana	18 (2/5 a 8/5)	0 (77)	3,1 (160)
Extremadura	18 (2/5 a 8/5)	8,1 (123)	10 (130)
Galicia	18 (2/5 a 8/5)	1 (1439)	2,2 (1254)
Madrid	18 (2/5 a 8/5)	2,8 (250)	3,7 (301)
Murcia	18 (2/5 a 8/5)	0,3 (367)	5,7 (318)
Navarra	18 (2/5 a 8/5)	0,5 (187)	1,9 (215)
País Vasco	18 (2/5 a 8/5)	0,5 (1503)	1 (2263)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

**Tabla 3.** 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	19 (9/5 a 15/5)	0,6 (432)	-
Asturias	18 (2/5 a 8/5)	0,2 (851)	0,7 (1399)
Canarias	18 (2/5 a 8/5)	0,2 (829)	0 (750)
Cantabria	18 (2/5 a 8/5)	0,2 (422)	0,6 (474)
Castilla y León	18 (2/5 a 8/5)	0 (389)	-
Extremadura	18 (2/5 a 8/5)	0 (123)	0 (130)
Galicia	18 (2/5 a 8/5)	0,3 (1439)	-

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 2 y 17 de 2022 (10.01.2022 a 01.05.2022) notificadas a SiViEs.

	S-02	S-03	S-04	S-05	S-06	S-07	S-08	S-09	S-10	S-11	S-12	S-13	S-14	S-15	S-16	S-17
B.1.617.2	38	22	9	1	2	1	2	1	0	1	0	0	1	0	0	0
AY.1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
AY.3.1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4	12	9	5	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
AY.4.2	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4.2.2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4.2.3	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4.4	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4.5	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
AY.5.4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.7.1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.9	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.9.2	2	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
AY.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
AY.19	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.20	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.33	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.34	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.34.1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.36	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.39	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.42	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
AY.43	29	15	9	3	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
AY.43.3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.43.4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.46	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.46.6	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.50	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.66	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.87	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.93	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.98	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.98.1	0	2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
AY.111	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
AY.113	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.121	1	1	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.122	1	3	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.123	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.124	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.125	3	1	2	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
AY.126	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.127	4	2	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.133	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.7	2	4	4	0	6	2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
B.1.351	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
P.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.575	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.529	9	10	16	58	94	122	164	133	139	95	84	33	32	2	1	0
BA.1	2627	1910	1648	1395	1181	884	494	326	168	101	35	44	8	1	4	0
BA.1.1	454	726	712	721	589	659	451	320	286	205	68	41	14	5	4	1
BA.1.1.1	7	8	10	7	3	8	24	22	26	39	25	16	10	0	0	0
BA.1.1.4	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0

BA.1.1.10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
BA.1.1.13	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
BA.1.1.14	2	1	0	0	0	0	0	3	0	2	1	0	0	0	0	0
BA.1.1.15	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	1	1	0	0	0	0
BA.1.1.16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.1.3	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
BA.1.8	136	48	38	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
BA.1.12	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.14	0	0	0	0	0	0	3	0	1	1	0	3	0	0	0	0
BA.1.15	1	4	4	0	2	0	0	1	1	1	1	7	0	0	0	0
BA.1.15.1	2	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.16	3	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.1.17	113	53	54	10	16	10	10	9	8	21	15	12	7	3	1	1
BA.1.17.2	8	1	4	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0
BA.1.18	2	2	2	0	0	0	0	0	1	1	0	4	0	1	1	0
BA.1.19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.1.21	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2	45	75	118	194	355	424	625	811	1165	1379	1269	1048	723	585	377	108
BA.2.1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	9	6	8	8	4	0
BA.2.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	1
BA.2.3	0	0	0	1	0	1	3	5	9	30	56	68	77	53	28	9
BA.2.3.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	4	0	1
BA.2.5	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	3	0	6	4	2	1
BA.2.6	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	5	0
BA.2.7	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	5	2	1	0
BA.2.8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	0	0	0
BA.2.9	0	1	1	1	2	1	6	29	30	60	82	231	174	131	131	17
BA.2.10	0	0	0	0	0	0	1	2	3	3	8	14	1	7	3	1
BA.2.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
BA.2.12	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	2	11	5	3	8	1
BA.2.12.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	2	1	0	0
BA.2.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0
BA.2.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
BA.2.16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
BA.2.18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
BA.2.20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
BA.2.22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
BA.2.23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	4	1	1
BA.2.31	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
BA.2.34	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.3	0	1	0	1	0	0	0	0	1	1	2	3	4	3	3	0
BA.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
BA.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
XE	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	2	2	0	0	0	0
XT	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0
Otros	12	21	20	12	13	7	2	4	11	5	3	3	4	4	2	0

Fuente: SiViEs a 13.05.2022. 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 2 de y 17 de 2022 (10.01.2022 a 01.05.2022) notificadas a SIViEs.

	S-02	S-03	S-04	S-05	S-06	S-07	S-08	S-09	S-10	S-11	S-12	S-13	S-14	S-15	S-16	S-17
B.1.617.2	22	8	5	0	1	1	2	1	0	1	0	0	1	0	0	0
AY.4	8	7	2	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
AY.4.2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4.2.2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4.4	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
AY.5.4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.9.2	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.19	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.20	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.34	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.34.1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.39	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.43	9	8	6	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.43.4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.46.6	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.50	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.93	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.98	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.111	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.113	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.121	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.122	0	2	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.124	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.125	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.126	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.127	3	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.133	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.7	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.529	6	10	14	42	78	108	138	112	125	66	21	2	5	2	0	0
BA.1	1598	1264	1087	922	816	647	350	198	101	61	13	22	3	0	1	0
BA.1.1	287	401	351	337	317	387	253	168	156	145	47	27	3	3	2	1
BA.1.1.1	6	8	4	3	0	0	5	9	10	19	16	13	7	0	0	0
BA.1.1.7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
BA.1.1.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.1.1.13	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
BA.1.1.14	1	1	0	0	0	0	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0
BA.1.1.15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
BA.1.8	135	48	36	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
BA.1.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
BA.1.15	1	4	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0
BA.1.15.1	2	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.16	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.1.17	109	47	29	1	4	3	2	2	3	9	10	7	4	2	0	1
BA.1.17.2	8	1	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.18	2	2	2	0	0	0	0	0	1	0	0	4	0	1	0	0
BA.1.21	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2	19	38	53	78	181	239	371	474	740	915	891	741	510	402	181	69
BA.2.1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	8	5	5	7	3	0
BA.2.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.2.3	0	0	0	0	0	0	0	0	6	20	35	39	38	24	11	4
BA.2.3.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0
BA.2.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	5	0	1	1
BA.2.6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
BA.2.8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	0	0	0
BA.2.9	0	0	1	0	0	1	1	4	1	20	49	154	100	64	48	10
BA.2.10	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	7	10	1	7	1	1



SECRETARÍA DE ESTADO DE SANIDAD
DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD PÚBLICA

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

BA.2.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
BA.2.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	8	5	3	1	1
BA.2.12.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	2	0	0	0
BA.2.13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
BA.2.16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
BA.2.20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
BA.2.22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
BA.2.23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	3	1	0
BA.3	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	3	0
BA.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
XE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	0	0	0	0
Otros	1	11	7	4	6	5	1	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0

Fuente: SIVIEs 13.05. 2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones.