



7 de diciembre 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.
- 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 47 (22 a 28 de noviembre), con datos de 11 CCAA, el porcentaje se encuentra entre 94,5% y 100%. Mediante secuenciación integrada en el sistema de vigilancia, en la semana 46 (15 a 21 de noviembre) el porcentaje alcanzó 99,7%.

Variante Ómicron:

- Rápida expansión en Sudáfrica y, probablemente, países vecinos. Casos aislados y brotes en numerosos países en todo el mundo, la mayoría relacionados con viajes.
- Más de 30 mutaciones en el gen S, varias de ellas relacionadas con incremento en la transmisibilidad y escape a la inmunidad.
- 11 casos confirmados en España, dos de ellos (relacionados entre sí) no vinculados a viajes internacionales.

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.



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 que puedan representar un aumento del riesgo.

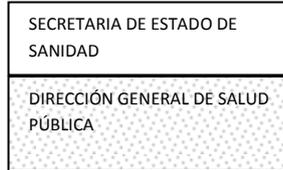
Recientemente se ha notificado la aparición de una nueva variante perteneciente al linaje B.1.1.529 que la OMS ha denominado variante **Ómicron**. La OMS y el ECDC la han incluido entre las variantes consideradas VOC el día 26 de noviembre. A fecha de 29 de noviembre, el Comité Técnico Coordinador de 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 delección 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 han comunicado casos y brotes por esta variante. En la mayoría se ha podido confirmar el vínculo con viajes a países del Sur de África aunque varios países (incluido España) han comunicado ya algunos casos relacionados con transmisión comunitaria en su territorio.

Los datos son todavía muy escasos para determinar el verdadero impacto en la transmisibilidad, la gravedad o el escape inmune de la variante Ómicron.

En España se han confirmado 11 casos mediante secuenciación, 8 de ellos viajeros procedentes de Sudáfrica y 2 (relacionados entre sí) no vinculados con viajes, a fecha de 7 de diciembre.

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



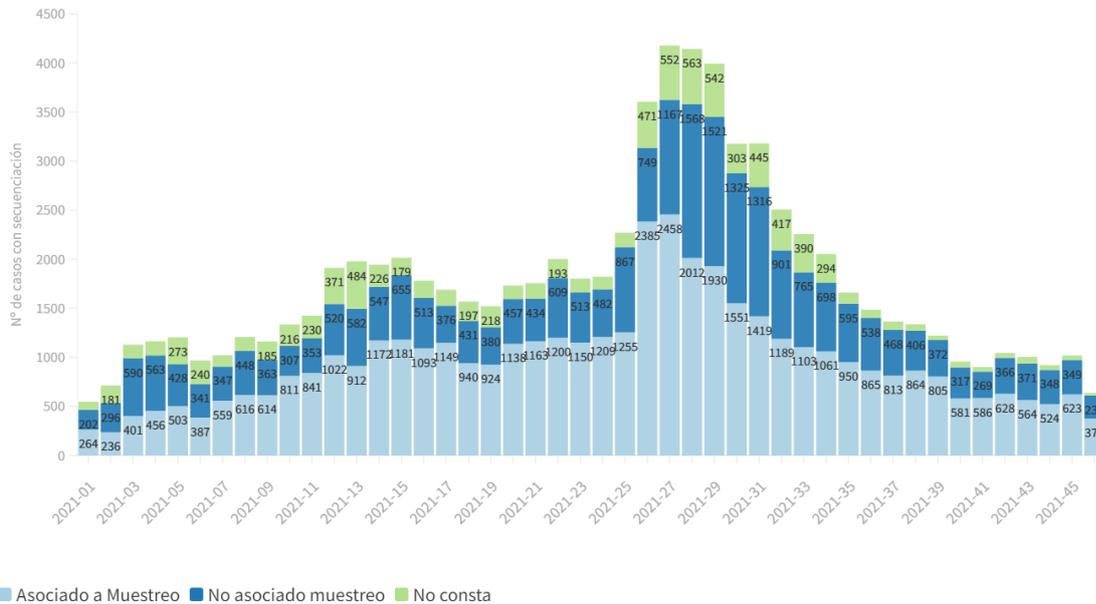
**Centro de Coordinación de Alertas y
Emergencias Sanitarias**

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 de los cribados para la variante Delta, en esta actualización se incluyen los cribados realizados para Ómicron realizados por dos comunidades autónomas. A medida que esté disponible a lo largo de las próximas semanas, se irá añadiendo información de otras comunidades. **Es importante no obstante tener en cuenta que hay otras variantes que actualmente circulan en muy baja frecuencia como la variante Alfa o casos muy poco frecuentes de Delta que podrían dar este mismo resultado por presentar la delección 60-70 añadida a las mutaciones que definen Delta, por lo que los casos deben ser confirmados mediante secuenciación.**

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

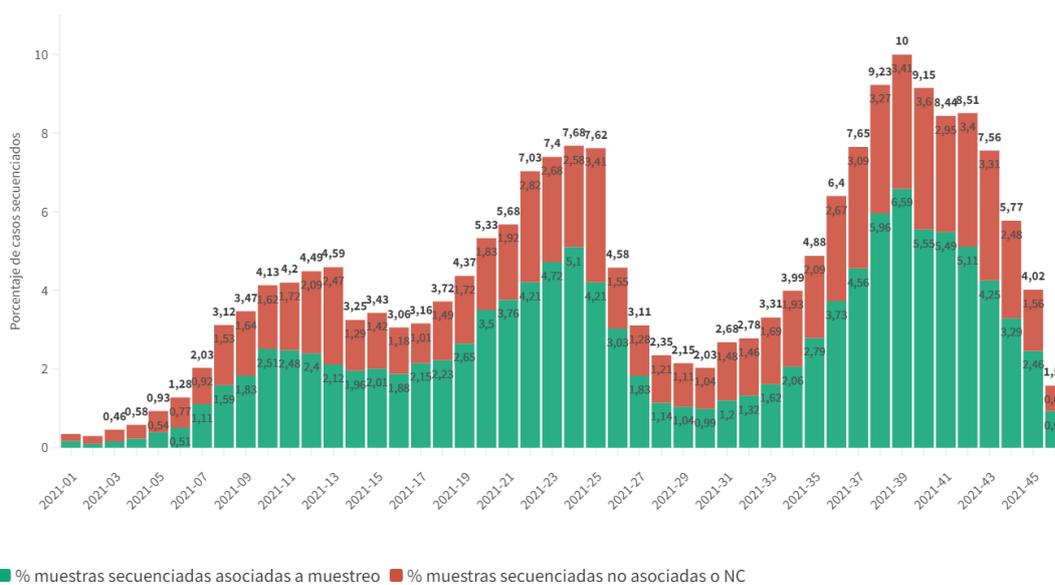
Desde el inicio de 2021, la vigilancia del SARS-CoV-2 en España incluye información genómica para la confirmación de la presencia de variantes mediante técnicas de secuenciación. Para conocer la incidencia de cada uno de los tipos de variantes VOC y VOI, se lleva a cabo la secuenciación de un muestreo 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. 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 34 a 46 (23 de agosto a 21 de noviembre) se han integrado en SiViEs, un promedio de 1201 secuencias semanales (711 asociadas a muestreo aleatorio, 410 no asociadas a muestreo aleatorio y 80 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 6,7% (con un rango entre 1,6% y 10%) (Figura 2).

Figura 1. Número de casos secuenciados en España, en las semanas 1 a 46 (4 de enero a 21 de noviembre) de 2021.

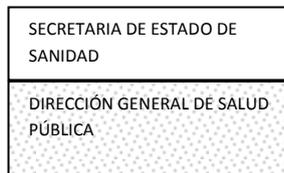


Fuente: SiViEs a 3 de diciembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

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 46 (4 de enero a 21 de noviembre) de 2021.



Fuente: SiViEs a 3 de diciembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.



Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias

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 46 (con datos preliminares de 375 secuencias de 5 comunidades autónomas a fecha de 3 de diciembre) es 99,7% (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.

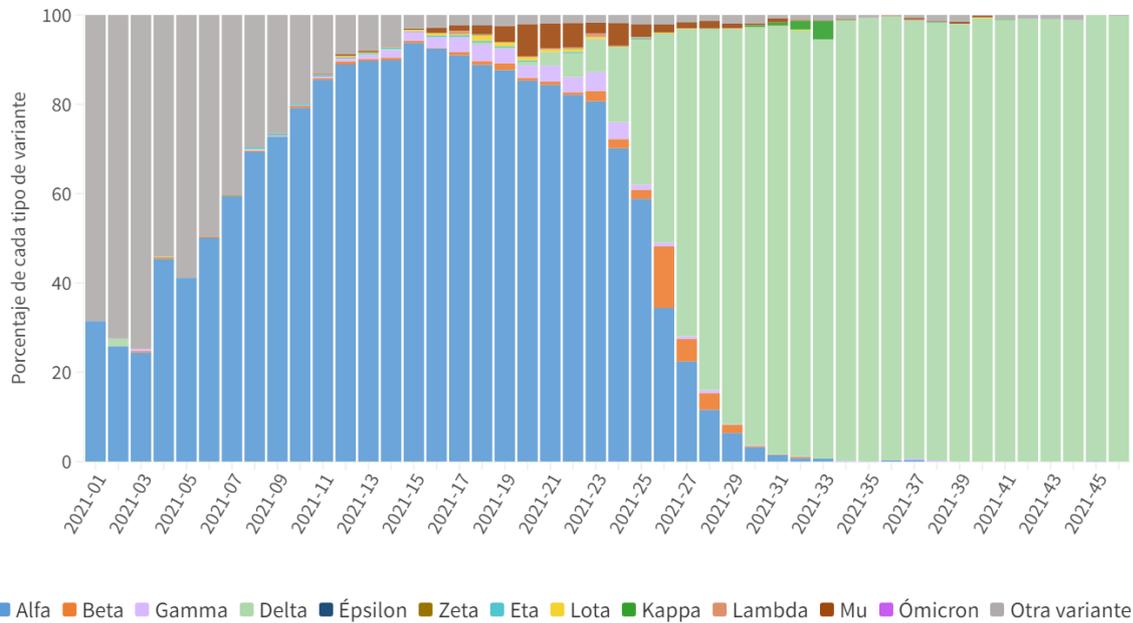
La variante Delta incluye tanto al linaje B.1.617.2 como a los linajes derivados de éste. Un incremento mantenido de alguno de estos linajes podría deberse tanto a circunstancias epidemiológicas como a factores intrínsecos del virus por lo que monitorizar la frecuencia de cada uno de ellos puede ser 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. En las últimas semanas, los linajes más frecuentes continúan siendo B.1.617.2, AY.4 y AY.43. Los linajes AY.4 y AY.43 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 3 de diciembre, se ha detectado en 82 ocasiones entre las secuencias asociadas a muestreo aleatorio (185 entre el total de secuencias asociadas o no a muestreo aleatorio). A esta misma fecha se han detectado 8 secuencias correspondientes a AY.4.2 en la semana 46, lo que representa un 2,1% de las secuencias Delta de esa semana.

El resto de variantes continúa detectándose a niveles muy bajos. En las últimas 4 semanas sólo 13 de 2072 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.

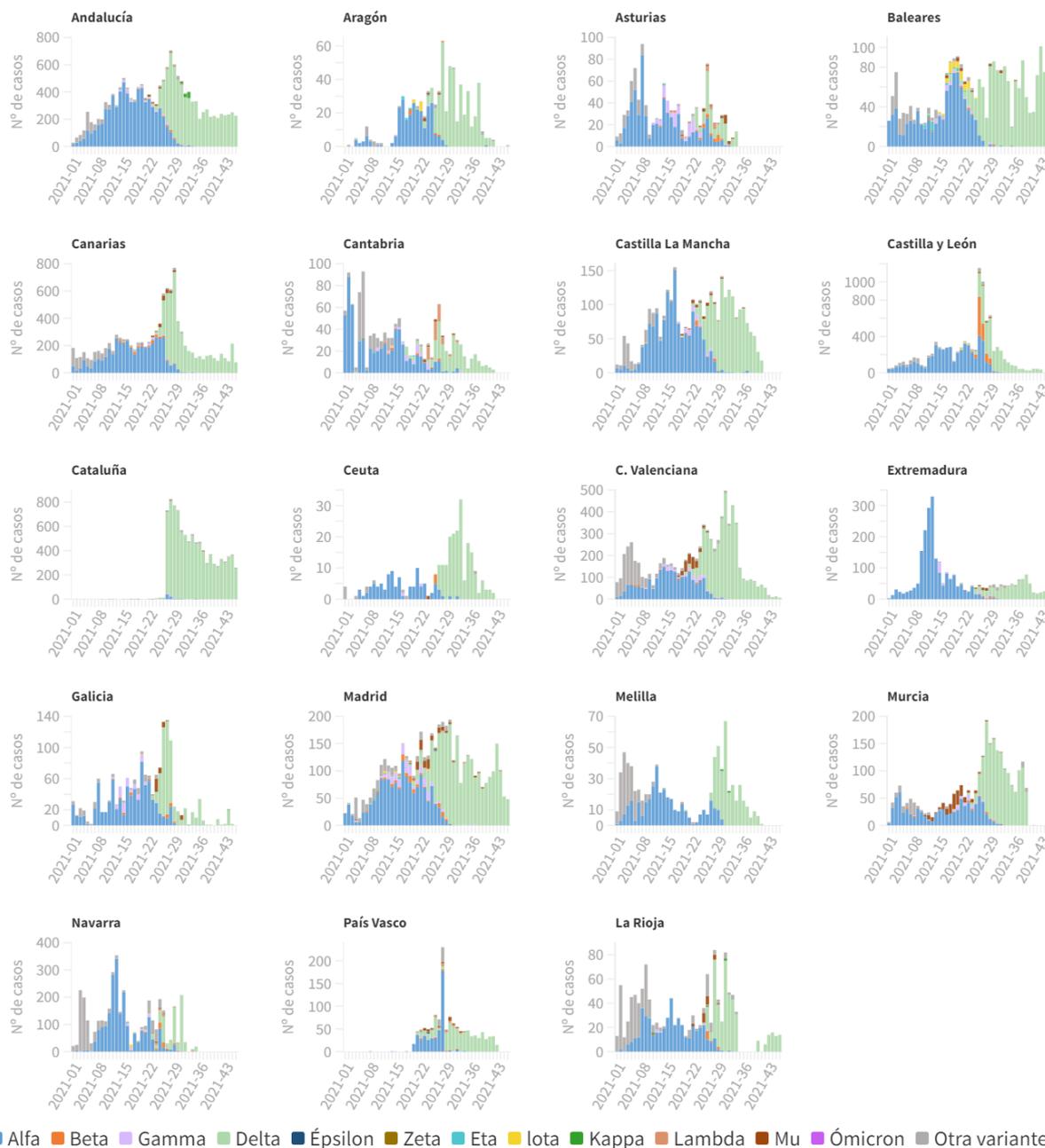
El día 29 de noviembre se confirmó el primer caso de la variante **Ómicron** confirmado mediante secuenciación en un viajero procedente de Sudáfrica. A fecha de 7 de diciembre son 11 los casos confirmados por secuenciación, 9 de ellos en viajeros procedentes de Sudáfrica y dos (relacionados entre sí) sin vínculos con viajes.

Figura 3. Porcentaje de cada tipo de variante por semana epidemiológica entre las semanas 1 y 46 (4 de enero a 21 de noviembre) de 2021 entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria.



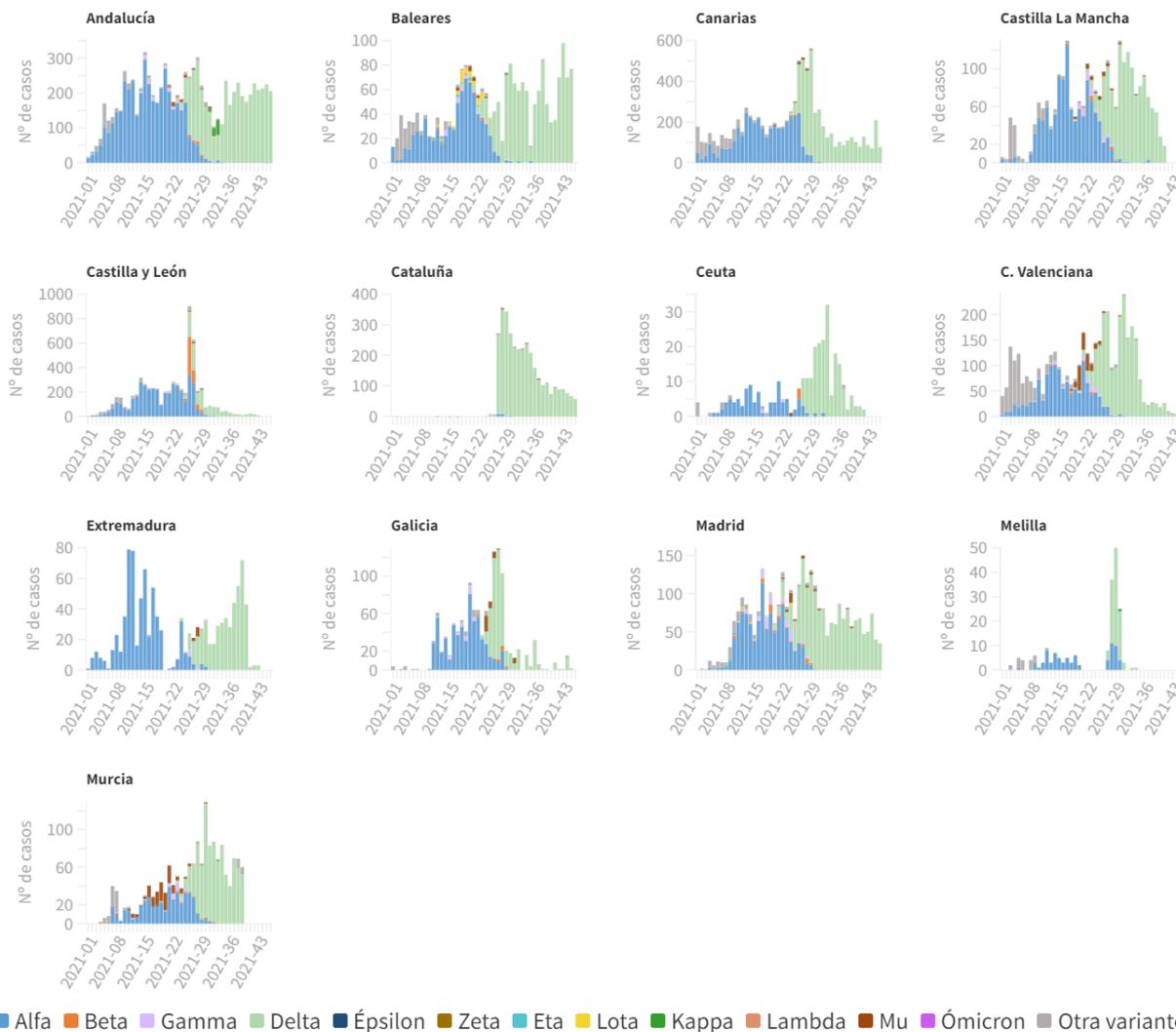
Fuente: SiViEs a 3 de diciembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación. Falta información de 6 comunidades autónomas.

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 46 (4 de enero a 21 de noviembre) de 2021.



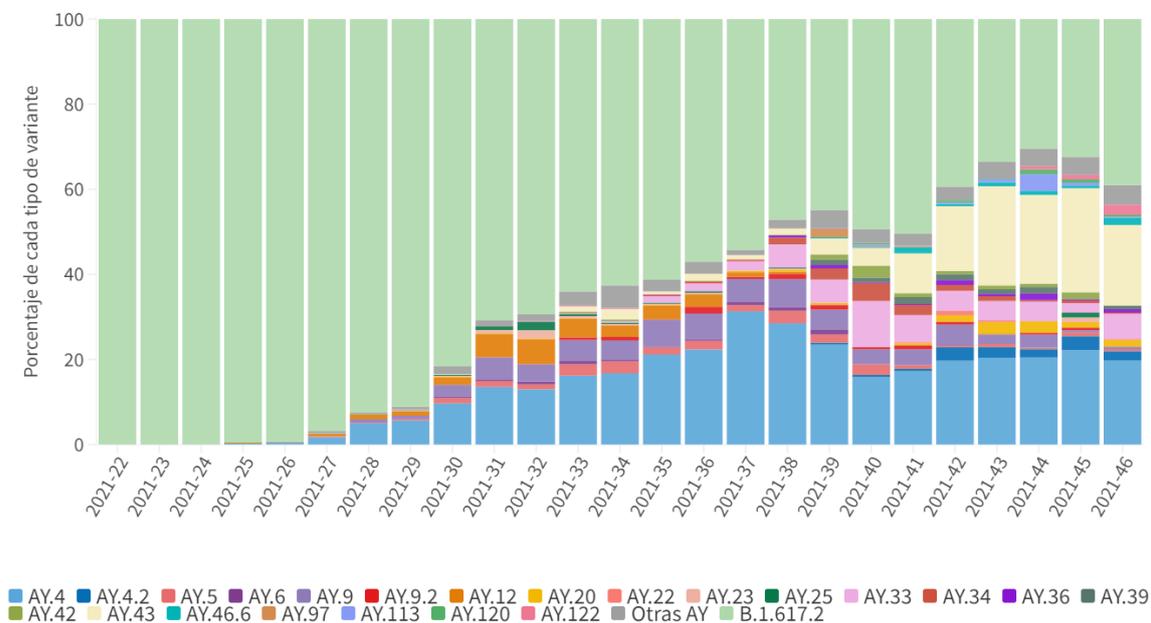
Fuente: SiViEs a 3 de diciembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

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 46 (4 de enero a 21 de noviembre) de 2021.



Fuente: SiViEs a 3 de diciembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación. Falta información de 6 comunidades autónomas.

Figura 6. Porcentaje de los diferentes linajes de la variante Delta en muestreos aleatorios entre las semanas 22 y 46 (31 de mayo a 21 de noviembre) de 2021.



Fuente: SiViEs a 3 de diciembre 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 delección 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 incluirán los resultados de dichos cribados en próximas actualizaciones. Para la semana 47, 2 comunidades han comunicado resultados de este cribado: Baleares (0% de 1358 cribadas) y Navarra (0% de 54 cribadas).

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

Comunidad autónoma	Última semana epidemiológica con datos disponibles	% Probable Delta (n)	% semana previa (n)
Andalucía	48	94,5 (580)	95,2 (641)
Aragón	47	100 (153)	100 (113)
Baleares	47	100 (513)	100 (824)
Canarias	47	99,2 (712)	99,3 (451)
Cantabria	47	100 (273)	100 (196)
Castilla-La Mancha	47	99,5 (211)	100 (227)
Castilla y León	46	88,6 (709)	83,6 (462)
Cataluña	47	98,6 (834)	98,2 (600)
Comunidad Valenciana	46	100 (52)	100 (10)
Extremadura	47	98,8 (166)	98,9 (94)
Galicia	47	99,5 (1470)	99,6 (1150)
Madrid	47	99,7 (316)	99 (195)
Navarra	46	100 (476)	100 (623)
País Vasco	47	95,4 (1538)	97,3 (2099)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

Anexo 1

Tabla 3. Número de muestras secuenciadas en España por linaje y por semana epidemiológica entre las semanas 31 y 46 (2 de agosto a 21 de noviembre) de 2021 notificadas a SiViEs.

	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	S-46
B.1.617.2	2105	1702	1466	1334	1045	907	679	612	552	500	489	413	288	246	294	196
AY.1	2	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0
AY.2	0	8	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.3	1	1	0	1	1	0	1	5	4	3	2	1	7	0	0	1
AY.3.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4	453	328	327	294	294	301	477	374	314	168	125	163	170	138	173	92
AY.4.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
AY.4.2	0	0	0	0	1	3	1	3	7	7	10	37	28	29	36	22
AY.4.2.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
AY.4.3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	2	1	2	2	0	0
AY.4.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0
AY.4.5	0	0	0	0	6	0	0	0	1	0	1	0	1	1	2	0
AY.5	59	35	40	43	33	31	20	44	23	24	6	2	6	6	8	6
AY.5.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
AY.5.2	0	0	0	1	0	0	0	1	3	1	4	1	2	0	0	0
AY.5.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
AY.6	5	7	10	8	2	5	7	14	9	2	1	2	0	0	0	0
AY.7	12	7	6	15	5	5	3	1	1	1	0	0	0	0	0	0
AY.7.1	26	17	25	23	30	14	4	13	4	3	0	1	0	0	0	0
AY.7.2	1	0	1	1	4	2	4	3	1	0	4	4	0	0	0	0
AY.9	155	118	119	118	86	69	58	68	51	31	28	46	17	17	4	3
AY.9.1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	3	0	1	2	2
AY.9.2	0	0	6	9	1	14	4	11	8	3	5	4	0	5	6	2
AY.10	0	1	2	0	1	0	0	1	0	0	3	0	0	0	0	0
AY.11	1	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0
AY.12	155	117	82	56	52	33	12	6	2	0	0	0	1	0	0	0
AY.15	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
AY.16	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.17	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.19	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.20	2	4	4	1	4	1	3	9	5	0	5	10	20	14	10	7
AY.21	0	0	2	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
AY.22	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	1	6	2	0	0	1
AY.23	13	23	13	5	6	4	4	3	0	1	0	0	0	0	7	0
AY.23.1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
AY.24	6	3	4	4	3	0	0	2	0	1	0	1	2	0	0	0
AY.25	7	9	12	10	3	7	3	12	12	8	7	4	1	1	4	0
AY.26	5	0	2	1	3	2	1	5	8	6	0	0	4	0	2	0
AY.27	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.29	0	0	0	0	1	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.29.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
AY.30	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.32	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0
AY.33	4	6	4	18	21	21	28	65	66	73	42	37	35	28	26	24
AY.34	0	1	1	2	3	5	5	16	22	24	15	11	9	9	5	2
AY.36	0	1	0	0	1	1	1	5	7	6	5	11	11	18	14	22
AY.37	0	0	0	1	2	1	0	2	1	2	0	0	0	0	0	0
AY.38	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	3	0	0	0	0	0
AY.39	2	1	2	5	3	2	3	4	12	11	14	12	7	21	1	5
AY.39.1	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0
AY.39.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
AY.40	0	0	0	1	2	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
AY.42	0	2	2	4	0	1	2	0	8	16	10	18	21	27	20	13
AY.43	0	1	14	27	11	15	13	23	34	39	84	214	290	259	279	135
AY.44	0	0	0	2	0	1	0	0	2	0	0	3	0	3	4	3
AY.45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	0
AY.46	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	4	2	2	2	1
AY.46.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	5	1	1
AY.46.4	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	1
AY.46.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	0	0
AY.46.6	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	9	8	11	9	18	17
AY.47	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	3	8	1	1	0
AY.51	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
AY.59	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
AY.61	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0
AY.66	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
AY.71	0	1	8	24	2	3	1	1	0	3	0	0	0	0	0	0
AY.72	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	1



SECRETARIA DE ESTADO DE
SANIDAD

DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD
PÚBLICA

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

AY.73	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2	3	5
AY.75	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0
AY.87	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	4	0	0
AY.90	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
AY.91	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
AY.92	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	0
AY.94	0	0	2	2	0	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	1	0	0	0
AY.97	0	0	0	0	0	0	0	3	18	1	2	0	0	0	0	0
AY.98	0	0	0	1	0	0	0	2	2	0	0	2	1	2	0	1
AY.98.1	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	1	3	0	6	5
AY.99.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
AY.100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	5	5
AY.102	0	0	0	0	0	2	0	1	2	3	2	2	2	1	3	1
AY.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	3	1	9	7
AY.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	1	0
AY.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	1	4
AY.110	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
AY.111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
AY.113	0	0	0	0	0	1	0	0	1	2	0	3	9	25	7	3
AY.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	3
AY.118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
AY.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1
AY.120	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	3	2	14	15	2
AY.120.2.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
AY.121	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	3	1	1	0
AY.122	0	0	2	3	0	0	0	0	0	0	1	1	0	5	13	19
AY.122.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	4
B.1.1.7	42	24	10	8	4	3	4	1	0	1	0	0	0	0	1	0
B.1.351	6	9	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.351.2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
P.1	5	1	1	1	1	2	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0
P.1.4	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
P.1.12	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
C.37	6	4	3	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C.37.1	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.621	29	12	8	5	1	3	3	0	3	2	1	0	0	1	0	0
B.1.621.1	0	1	0	0	0	0	4	2	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.526	0	3	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
B.1.617	24	12	6	3	3	5	6	11	11	1	2	3	3	4	1	3
B.1.617.1	12	24	44	1	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0
B.1.617.3	0	0	3	1	2	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
B.1.575	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0
P.2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A.28	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.318	9	2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
B.1.324.1	0	4	3	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AZ.5	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otras variantes	27	10	16	12	12	13	5	7	8	2	9	3	11	8	8	11

Fuente: SiViEs a 3 de diciembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.



SECRETARIA DE ESTADO DE
SANIDAD

DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD
PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y
Emergencias Sanitarias

Tabla 4. Número de muestras seleccionadas de forma aleatoria secuenciadas, por linaje y por semana epidemiológica entre las semanas 31 y 46 (2 de agosto a 21 de noviembre) de 2021 notificadas a SiViEs.

	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	S-46
B.1.617.2	935	765	640	631	549	470	414	382	330	269	275	232	183	158	204	146
AY.1	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.3	1	1	0	1	1	0	0	2	2	1	1	1	3	0	0	1
AY.3.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.4	179	143	162	169	189	184	238	230	173	87	94	116	111	106	140	74
AY.4.2	0	0	0	0	1	0	1	1	3	2	3	19	14	10	20	8
AY.4.2.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
AY.4.3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	2	0	0
AY.4.5	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0
AY.5	18	13	27	28	15	17	11	24	14	14	5	2	4	2	6	2
AY.5.2	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	0	1	2	0	0	0
AY.6	5	7	7	4	1	3	5	7	8	0	0	1	0	0	0	0
AY.7	8	5	6	15	4	4	3	1	1	0	0	0	0	0	0	0
AY.7.1	6	5	6	4	4	8	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.7.2	0	0	1	1	4	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
AY.9	69	45	50	46	57	50	42	53	35	19	20	28	12	16	3	2
AY.9.1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
AY.9.2	0	0	6	8	1	13	4	10	8	3	5	4	0	2	4	0
AY.10	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0
AY.12	73	65	44	28	29	24	8	4	1	0	0	0	1	0	0	0
AY.16	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.17	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.20	1	2	1	0	2	0	3	4	3	0	3	9	15	14	8	6
AY.21	0	0	2	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
AY.22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	6	2	0	0	1
AY.23	11	21	5	3	2	3	0	2	0	0	0	0	0	0	7	0
AY.24	3	1	1	2	0	0	0	1	0	1	0	0	2	0	0	0
AY.25	5	8	6	2	2	6	3	12	12	7	5	0	0	0	0	0
AY.26	1	0	2	1	3	0	0	2	5	3	0	0	3	0	2	0
AY.27	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.29	0	0	0	0	1	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.29.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
AY.30	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.32	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
AY.33	0	0	2	3	14	15	17	44	40	59	35	28	25	24	14	22
AY.34	0	0	1	0	3	4	3	13	19	23	13	8	6	2	4	1
AY.36	0	1	0	0	1	0	0	4	6	1	1	7	3	8	2	3
AY.37	0	0	0	1	2	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
AY.38	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	3	0	0	0	0	0
AY.39	0	0	0	1	0	0	0	1	10	6	9	8	6	8	0	3
AY.39.1	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0
AY.39.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
AY.40	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.42	0	1	2	3	0	1	0	0	8	15	5	4	5	4	10	0
AY.43	0	1	13	25	6	14	8	12	28	23	51	90	127	108	154	71
AY.44	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	1	0	0	1	1
AY.45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
AY.46	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	4	1	1	2	0
AY.46.4	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1
AY.46.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
AY.46.6	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	8	3	5	5	4	6
AY.47	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	2	0	0	0	0
AY.51	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
AY.59	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
AY.61	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
AY.71	0	1	8	24	2	3	1	1	0	3	0	0	0	0	0	0
AY.72	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	1
AY.73	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2	2	3
AY.87	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	4	0	0
AY.91	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
AY.92	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0
AY.94	0	0	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.97	0	0	0	0	0	0	0	1	15	1	1	0	0	0	0	0
AY.98	0	0	0	1	0	0	0	2	2	0	0	1	0	1	0	1
AY.98.1	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	1	1	0	0	2
AY.100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	4	3
AY.102	0	0	0	0	0	1	0	1	2	3	2	1	1	1	2	0
AY.103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	1	1	0
AY.106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
AY.108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	0	0
AY.113	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	2	4	20	4	1



SECRETARIA DE ESTADO DE
SANIDAD

DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD
PÚBLICA

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

AY.116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	1
AY.117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
AY.119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
AY.120	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	3	1	6	5	2
AY.121	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0
AY.122	0	0	2	3	0	0	0	0	0	0	1	0	0	4	7	9
AY.122.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0
B.1.1.7	21	9	7	1	1	2	3	0	0	0	0	0	0	0	1	0
B.1.351	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.351.2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
P.1	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
P.1.12	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
C.37	0	2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C.37.1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.621	13	1	1	2	0	1	0	0	3	2	0	0	0	0	0	0
B.1.621.1	0	0	0	0	0	0	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.526	0	3	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
B.1.617	4	0	1	1	1	0	2	10	9	0	1	3	2	2	0	0
B.1.617.1	9	23	44	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
B.1.617.3	0	0	0	1	1	0	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	1	0	0	0
P.2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A.28	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.324.1	0	4	3	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otra variante	6	5	9	5	3	1	3	2	3	1	4	2	2	4	0	1

Fuente: SiVIEs a 3 de diciembre de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación. Falta información de 6 CCAA.