24 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 todo el mundo, incluyendo España.
- Mediante secuenciación de muestras aleatorias, en la semana 39 de 2022 (26 de septiembre a 2 de octubre) el porcentaje de Ómicron se sitúa en 100%. Los linajes predominantes son BA.5 y los derivados de BA.5 (83,9%).
- El linaje BQ.1.1, que ha demostrado un rápido ritmo de crecimiento en otros países europeos, se detecta por primera vez en la semana 39, suponiendo un porcentaje del 3,6%.
- Los cribados aleatorios mediante PCR específica en las CCAA que han cribado un número de muestras superior a 30 en la semana 41 (10 a 16 de octubre) han detectado, para los linajes **BA.4 y BA.5** porcentajes que oscilan entre el 88,3% y el 100% y para el linaje **BA.2,** porcentajes entre el 0% y el 5,7%.
- 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.

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.

En estos momentos, aunque a nivel global, BA.5 y los linajes derivados de este sin cambios importantes siguen siendo dominantes en España y en el mundo, se han detectado numerosos linajes con mutaciones que podrían relacionarse con un mayor escape a la respuesta cuya prevalencia está creciendo. El hecho de que compartan una o varias mutaciones clave indica que, muy probablemente, son fruto de la presión selectiva ejercida por los niveles actuales de inmunidad en la población. Entre ellos destacan algunos con pocas diferencias pero que se han detectado en niveles significativos como son BA.4.6 o BF.7. Y otros,

detectados en porcentajes mucho menores, pero con muchas más diferencias en su perfil de mutaciones respecto a los linajes dominantes que, *in vitro*, demuestran una capacidad mayor de evasión de la respuesta inmune (desarrollada por infección previa, vacuna, infección de brecha o anticuerpos monoclonales). Entre estos destacan: BA.2.3.20, BA.2.75.2, CA.1, BR.2, BN.1, BM.1.1.1, BU.1, BQ.1, BQ.1.1, y XBB. Los únicos de ellos que se han detectado hasta ahora en porcentajes superiores al 1% en España son BA.4.6 y BF.7 (anexos 1 y 2).

El 20 de octubre de 2022, el ECDC designó el linaje BQ.1 y sus sublinajes, incluyendo BQ.1.1, como variantes de interés. De acuerdo con su prevalencia actual y su ritmo de crecimiento, se estima que estos linajes superarán el 50% en Europa a finales de noviembre o principios de diciembre. Las mutaciones que definen estos linajes se han relacionado con el grado de evasión a la respuesta inmune y por el momento no existen indicios de que ninguno de estos linajes se relacione con una mayor gravedad de los casos. En este informe se recogen las primeras detecciones de estos linajes en España (anexos 1 y 2). En la semana 39 (del 3 al 9 de octubre) el linaje BQ.1.1 supone el 3,6% de los casos secuenciados aleatoriamente.

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

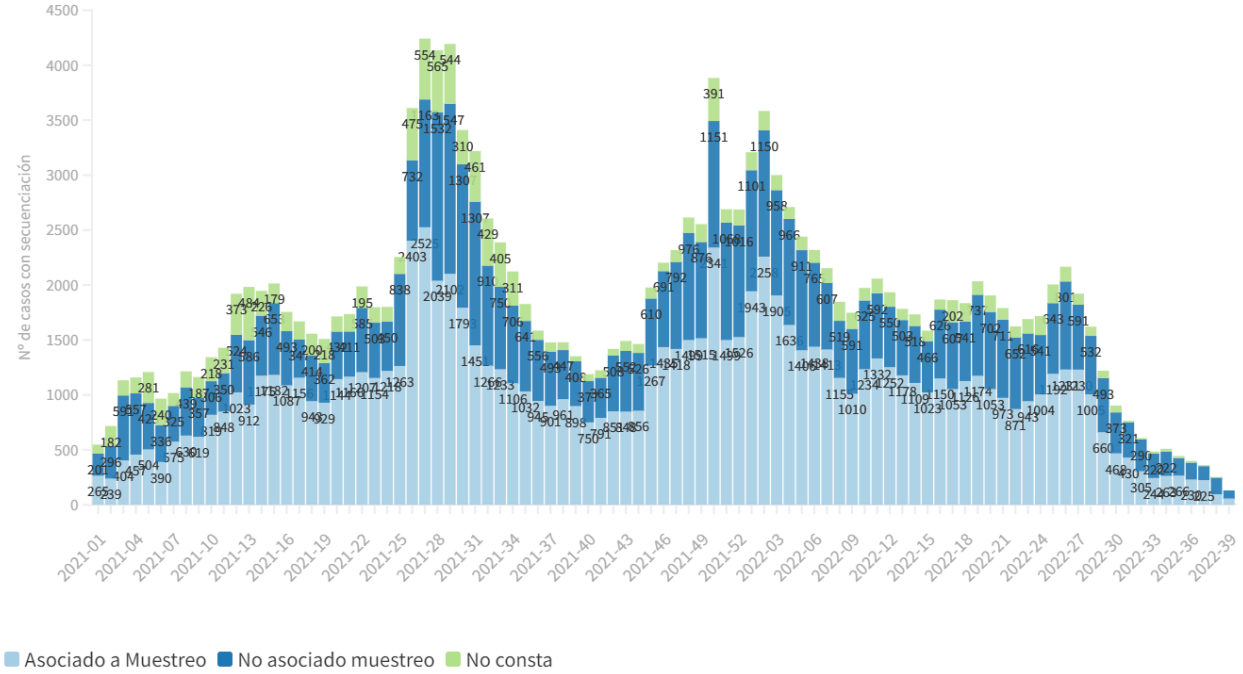
Desde el inicio de 2021, la vigilancia del SARS-CoV-2 en España incluye información genómica para la confirmación de la presencia de variantes mediante técnicas de secuenciación. Para conocer la incidencia de cada uno de los tipos de variantes VOC y VOI, se lleva a cabo la secuenciación de un muestreo 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 40, en este informe se analizan los datos disponibles hasta la semana 39 con información más consolidada. Desde la semana 24 a la 39 de 2022 (13.06.2022 a 02.10.2022) un promedio de 970 casos semanales cuenta con información derivada de la secuenciación (557 asociadas a muestreo aleatorio, 356 no asociadas a muestreo aleatorio y 57 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 1,4% y 1,9%. (Figura 2).

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.

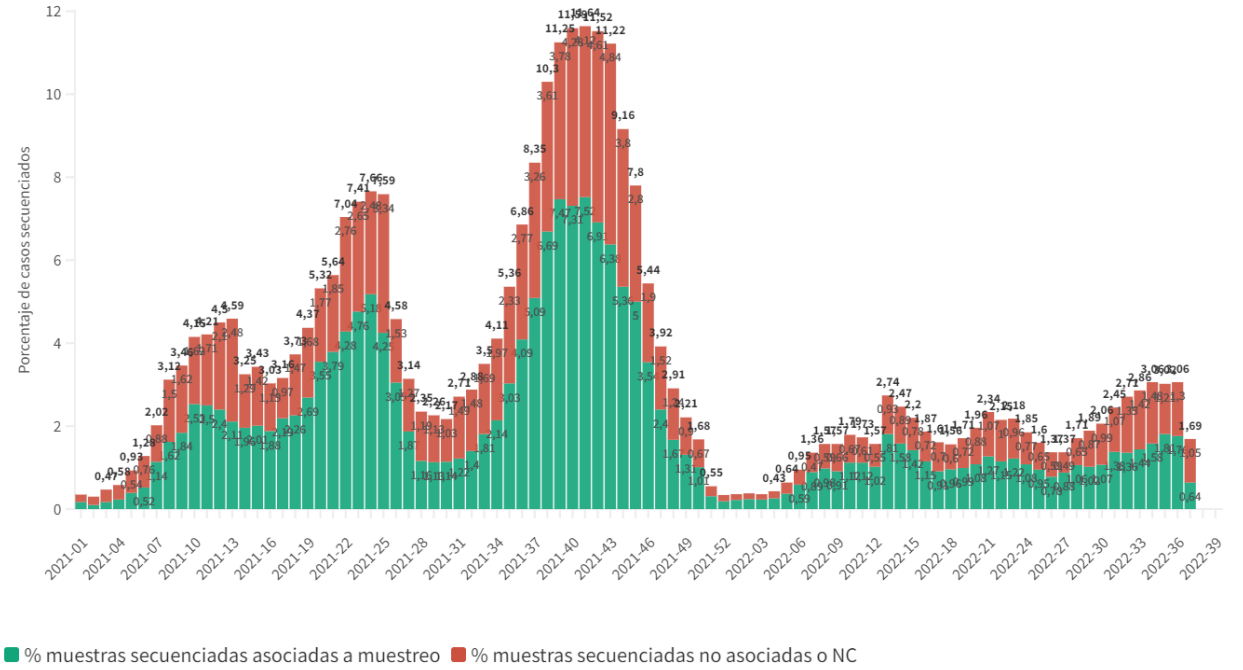
La información relativa a la semana 39 de 2022 (26 de septiembre al 2 de octubre), debe interpretarse con cautela debido al escaso número de muestras secuenciadas aleatoriamente con información disponible (56 muestras de 7 comunidades autónomas). Todas ellas corresponden a la variante **Ómicron;** 47 correspondientes a BA.5 y linajes derivados de BA.5; 2 a BA.4.6, 1 a otros linajes de BA.4; 1 a BF.7 y 2 a BQ.1.1. 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 1. Número de casos secuenciados en España, en las semanas 1 de 2021 a 39 de 2022 (04.01.2021 a 02.10.2022).



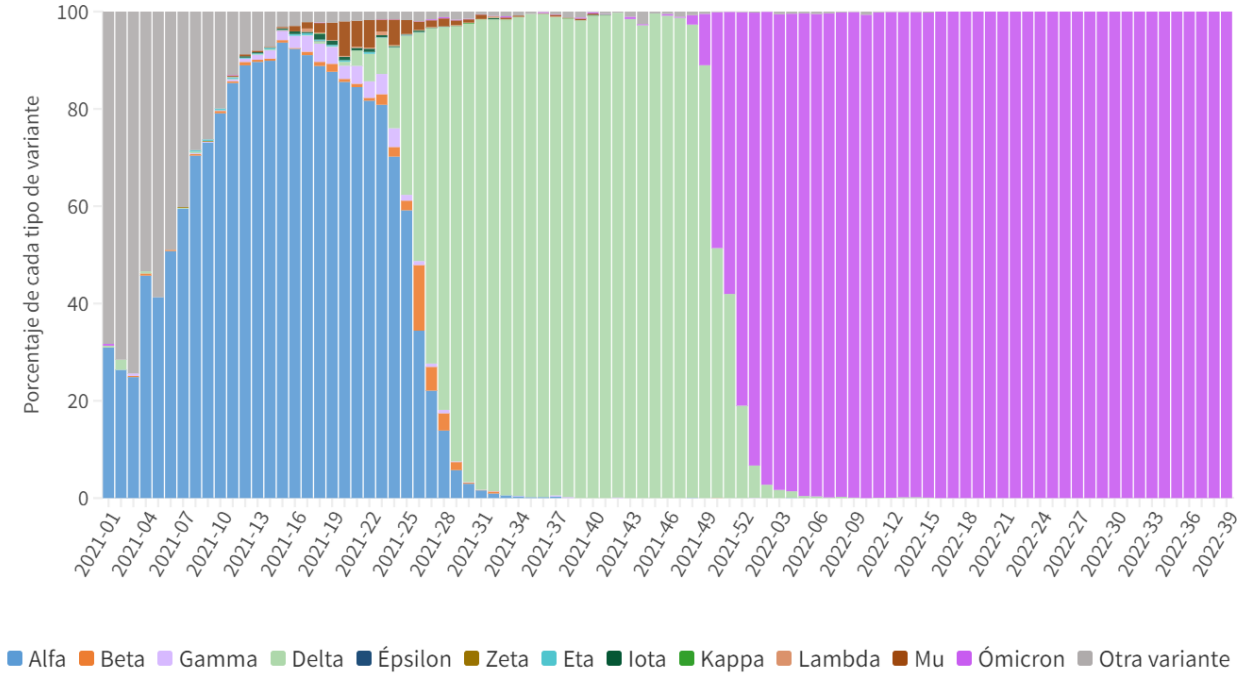
Fuente: SiVIEs a 21.10.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

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 39 de 2022 (4.01.2021 a 02.10.2022).



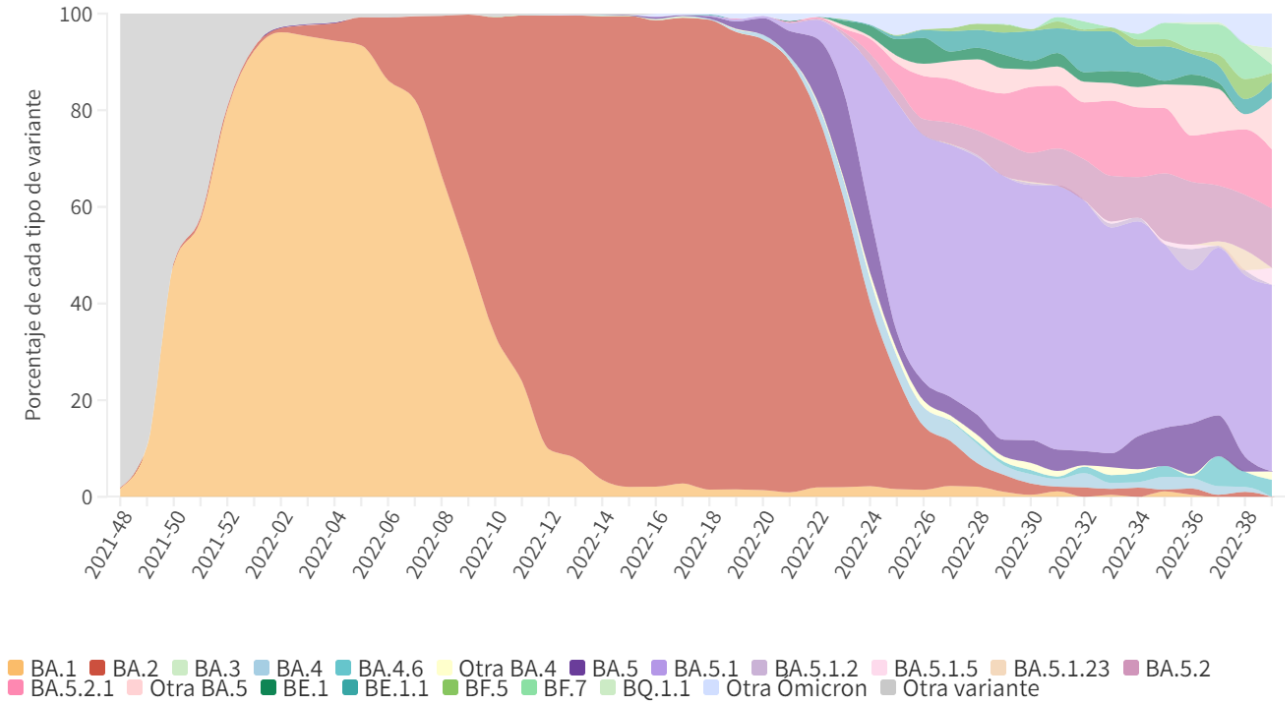
Fuente: SiVIEs a 21.10.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Figura 3. Porcentaje de cada tipo de variante por semana epidemiológica entre las 1 de 2021 a 39 de 2022 (4.01.2021 a 02.10.2022) entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria



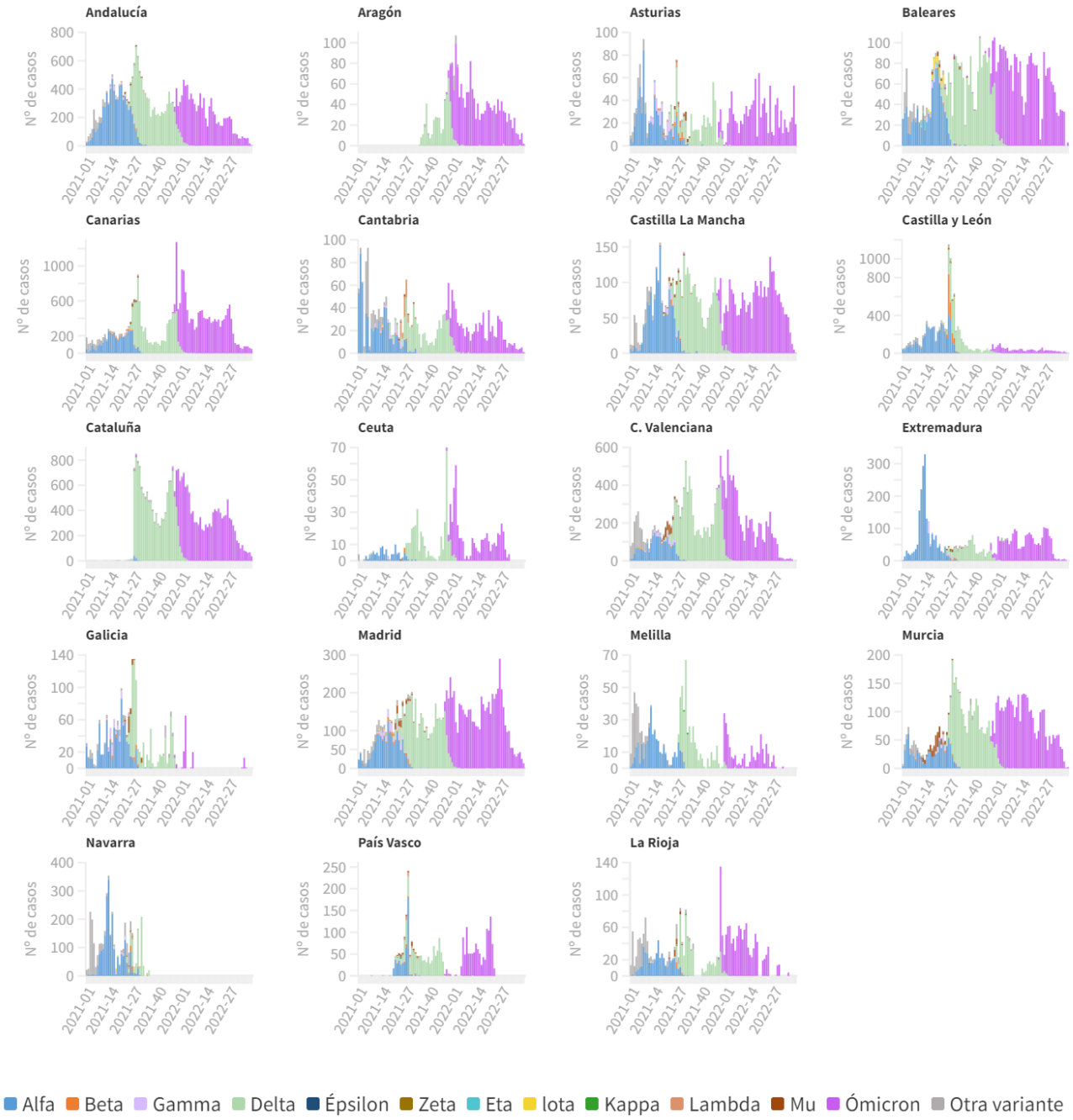
Fuente: SiVIEs a 21.10.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Figura 4. Evolución de los linajes de Ómicron entre las semanas 48 de 2021 y 39 de 2022 (29.11.2021 a 02.10.2022) y entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas de forma aleatoria.



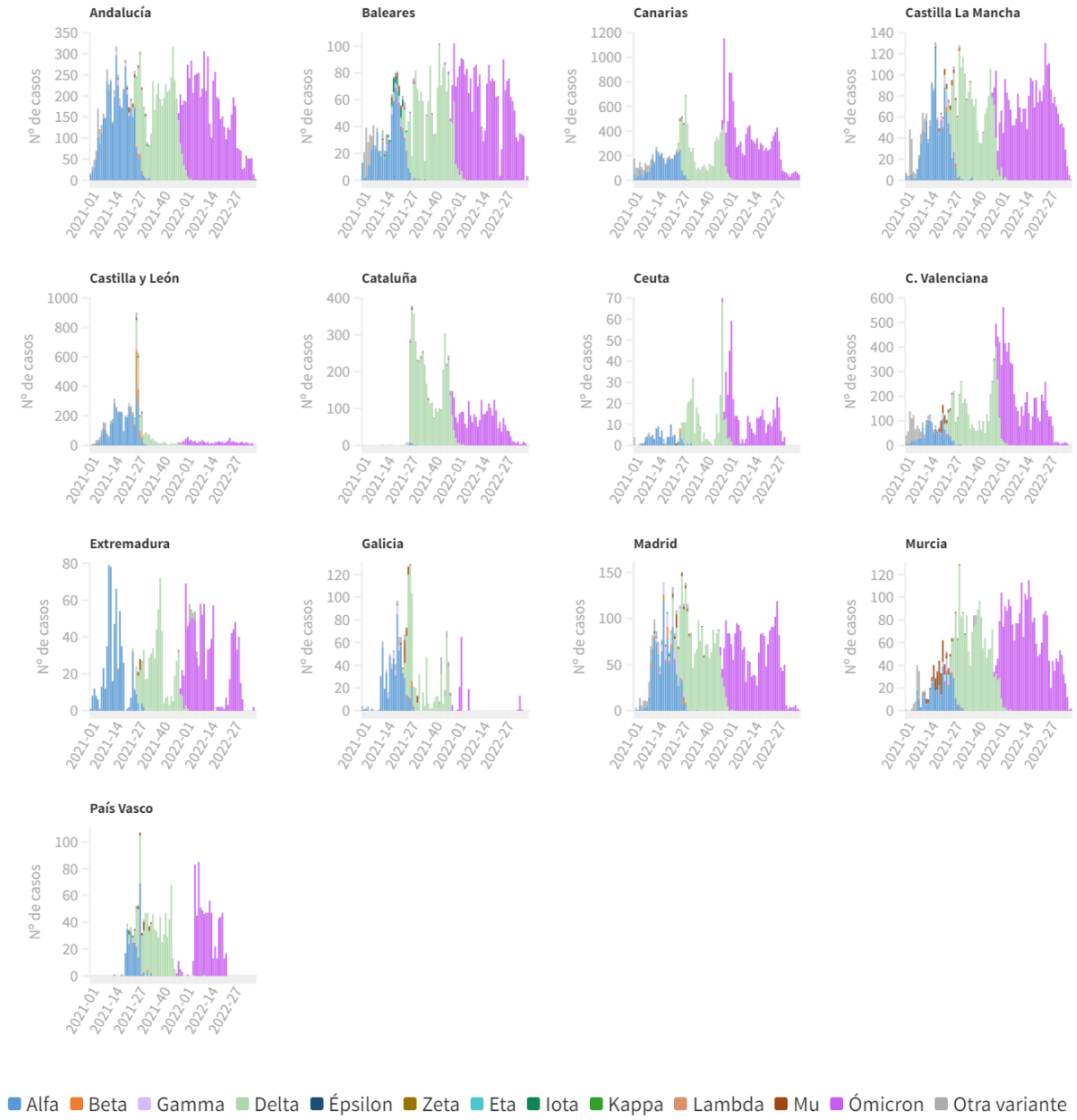
Fuente: SiVIEs a 21.10.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Figura 5. Número de secuencias totales por tipo de variante y semana para cada Comunidad Autónoma entre las semanas 1 de 2021 a 39 de 2022 (4.01.2021 a 02.10.2022).



Fuente: SiVIEs a 21.10.2022. 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 39 de 2022 (4.01.2021 a 02.10.2022).



Fuente: SiVIEs a 21.10.2022. 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. Dada la diversificación que han sufrido en las últimas semanas los clados de los linajes BA.2, BA.4 y BA.5, los resultados de las PCR compatibles con cada uno de ellos podrían corresponder a cualquiera de los sublinajes del clado. Es necesario apoyarse en la información

derivada de la secuenciación completa para poder hacer una interpretación más precisa de la prevalencia de cada sublinaje. 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	42 (17/10 a 23/10)	93,2 (74)	92,8 (97)
Aragón	41 (11/10 a 16/10)	97,1 (34)	100 (21)
Asturias	41 (11/10 a 16/10)	97 (135)	99,3 (133)
Baleares	41 (11/10 a 16/10)	94,3 (70)	97,7 (44)
Canarias	41 (11/10 a 16/10)	99,3 (147)	95,5 (154)
Cantabria	41 (11/10 a 16/10)	100 (74)	97 (67)
Castilla-La Mancha	41 (11/10 a 16/10)	88,3 (120)	89,4 (113)
Castilla y León	41 (11/10 a 16/10)	95,1 (123)	100 (57)
Cataluña	41 (11/10 a 16/10)	92,9 (126)	96,4 (112)
Comunidad Valenciana	41 (11/10 a 16/10)	73,3 (15)	100 (47)
Extremadura	41 (11/10 a 16/10)	100 (13)	100 (29)
Galicia	41 (11/10 a 16/10)	97,3 (336)	98,5 (202)
Madrid	41 (11/10 a 16/10)	96,3 (54)	94,6 (37)
Murcia	41 (11/10 a 16/10)	98,3 (115)	99,1 (113)
Navarra	41 (11/10 a 16/10)	90,9 (11)	98,7 (29)
País Vasco	41 (11/10 a 16/10)	97 (198)	98,7 (229)

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	42 (17/10 a 23/10)	1,4 (74)	5,2 (97)
Aragón	41 (11/10 a 16/10)	2,9 (34)	0 (21)
Asturias	41 (11/10 a 16/10)	3 (135)	0,7 (133)
Baleares	41 (11/10 a 16/10)	5,7 (70)	2,3 (44)
Canarias	41 (11/10 a 16/10)	0,7 (147)	4,5 (154)
Cantabria	41 (11/10 a 16/10)	0 (74)	3 (67)
Castilla- La Mancha	41 (11/10 a 16/10)	3,3 (120)	4,4 (113)
Castilla y León	41 (11/10 a 16/10)	3,3 (152)	2 (99)
Cataluña	41 (11/10 a 16/10)	3,6 (169)	1,5 (133)
Comunidad Valenciana	41 (11/10 a 16/10)	26,7 (15)	0 (47)
Extremadura	41 (11/10 a 16/10)	0 (13)	0 (29)
Galicia	41 (11/10 a 16/10)	2,7 (336)	1,5 (202)
Madrid	41 (11/10 a 16/10)	1,9 (54)	4,6 (37)
Murcia	41 (11/10 a 16/10)	1,7 (115)	0,9 (113)
Navarra	41 (11/10 a 16/10)	9,1 (11)	0 (29)
País Vasco	41 (11/10 a 16/10)	3 (198)	0,4 (229)

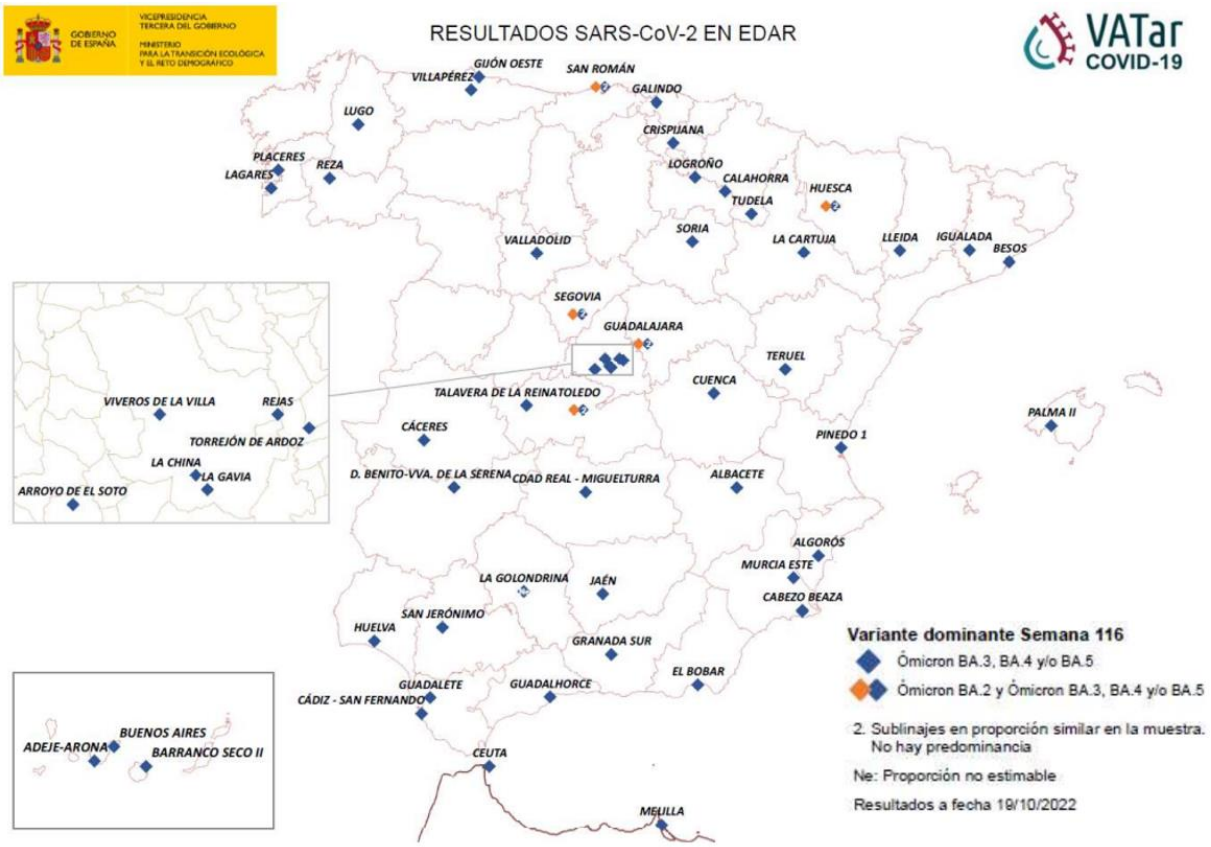
Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

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

En la semana del 9 al 15 de octubre 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). De las 54 estaciones depuradores de aguas residuales (EDAR), en 50 predominan estos linajes y en 4 coinciden en proporciones similares BA.3/BA.4/BA.5 y BA.2 (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 25 y 40 de 2022 (20.06.2022 a 09.10.2022) notificadas a SiViEs.

	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	S-38	S-39
AY.4	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.12	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AY.43	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
AY.45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
AY.127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
B.1.1.7	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
B.1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.177	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.529	12	19	24	34	20	8	2	4	1	0	0	0	0	0	0	2
BA.1	20	7	4	0	2	0	0	0	0	0	0	3	1	0	0	0
BA.1.1	0	0	4	3	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.17	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.1.21	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2	343	167	136	78	35	18	11	7	3	3	2	1	1	2	0	0
BA.2.1	1	2	2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.3	24	22	8	4	2	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.2.3.2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.3.15	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.5	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.6	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.7	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.9	73	33	20	17	6	6	1	0	0	0	1	0	2	0	0	0
BA.2.9.2	1	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.9.3	4	3	0	2	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.10	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.12	3	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.12.1	53	80	42	24	10	5	5	2	1	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.13	9	4	3	2	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.13.1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.18	17	18	5	3	4	6	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.22	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.23	18	7	8	2	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.32	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.35	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.36	14	14	2	1	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.37	1	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.38	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.40.1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.44	3	3	0	0	3	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.47	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.48	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.49	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.52	4	3	2	6	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.53	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.54	8	12	8	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.56	19	22	10	15	6	4	0	0	2	0	2	0	0	0	0	0
BA.2.65	3	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.71	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

	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	S-38	S-39
BA.2.72	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.74	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.75	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	2	0	1	2	1	0
BA.2.75.1	0	0	0	0	1	0	0	0	2	0	1	0	0	0	1	0
BA.2.75.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
BA.2.76	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.82	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.4	65	79	77	64	59	22	18	10	13	6	3	8	7	6	2	0
BA.4.1	26	21	31	15	17	24	11	6	3	3	6	0	2	0	0	0
BA.4.1.1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	2	0	0	0	0	0	0
BA.4.1.6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BA.4.1.9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
BA.4.2	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.3	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.4	0	0	0	1	1	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.5	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.6	0	0	2	4	8	14	14	6	8	8	12	16	18	25	10	7
BA.4.6.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
BA.4.7	0	0	0	2	1	0	3	1	0	2	0	0	0	3	2	0
BA.5	244	129	95	78	81	58	34	37	16	12	20	23	26	21	4	1
BA.5.1	500	906	1036	979	807	602	446	385	291	215	202	159	117	121	80	35
BA.5.1.1	0	2	2	5	3	1	2	1	2	0	1	1	2	1	0	0
BA.5.1.2	0	0	2	1	6	3	4	1	3	2	2	0	10	1	1	0
BA.5.1.3	4	6	32	29	29	24	10	13	8	11	8	2	5	2	0	0
BA.5.1.4	0	0	3	4	3	1	3	1	2	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.5	0	0	0	0	0	2	0	1	4	1	2	2	2	5	7	3
BA.5.1.8	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.10	0	0	0	0	0	0	2	1	4	2	2	0	2	2	0	0
BA.5.1.12	0	0	0	0	1	0	0	2	0	0	1	1	1	0	0	0
BA.5.1.17	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	2
BA.5.1.22	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2	2	0	1
BA.5.1.23	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	4	0
BA.5.2	63	99	120	118	112	99	94	85	69	51	63	75	60	48	42	22
BA.5.2.1	65	148	213	191	165	147	119	94	77	71	99	68	56	45	33	21
BA.5.2.2	0	0	0	1	2	1	1	1	0	1	2	0	0	1	0	0
BA.5.2.3	0	2	4	8	7	7	6	9	1	3	4	8	2	4	1	1
BA.5.2.4	0	0	0	0	0	2	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1	1
BA.5.2.9	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	3	0	4
BA.5.2.21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
BA.5.2.26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1	0	0
BA.5.3	1	5	4	3	5	0	0	0	0	1	1	2	0	0	0	0
BA.5.3.1	2	6	4	1	1	0	0	0	0	1	1	2	3	0	3	1
BA.5.3.2	1	1	3	2	2	4	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
BA.5.3.3	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.5.3.4	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.5	1	1	6	4	7	3	2	1	2	2	0	1	1	0	0	0
BA.5.6	2	2	2	16	26	11	2	0	1	12	1	1	3	4	1	0
BA.5.6.1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.6.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.5.8	0	0	0	3	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0
BA.5.9	0	0	0	0	0	1	2	0	2	1	0	2	4	5	3	0
BA.5.10	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BE.1	31	55	101	43	40	35	17	27	11	12	9	3	10	4	3	0
BE.1.1	7	10	26	70	53	47	42	34	39	37	28	28	21	13	15	3

	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	S-38	S-39
BE.1.1.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	2	1
BE.1.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BE.1.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
BE.2	0	1	0	0	0	0	0	2	0	2	0	0	0	0	0	0
BE.3	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.1	39	82	94	44	33	20	14	3	7	5	4	2	1	1	0	0
BF.2	0	0	0	1	0	1	0	0	2	0	0	1	1	1	0	0
BF.4	0	1	1	7	5	6	1	2	0	0	0	0	0	0	1	0
BF.5	0	2	3	12	20	16	5	6	5	3	6	6	4	6	7	4
BF.6	0	0	0	1	1	1	5	3	4	2	1	0	2	0	0	0
BF.7	0	1	0	0	2	1	0	7	10	3	10	18	22	17	20	10
BF.9	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.10	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	3	0	1	1	0	1
BF.11	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	0	2	1	3	0
BF.14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
BF.26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
BL.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
BN.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
BQ.1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	6
XE	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XQ	0	1	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
XAK	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XAN	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
XAZ	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Otros Ómicron	14	7	2	4	8	4	10	1	1	1	6	0	0	3	1	0
Otros	7	0	9	1	6	2	7	4	1	2	2	2	0	0	0	1

Fuente: SiViEs a 21.10.2022. 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 25 y 40 de 2022 (20.06.2022 a 09.10.2022) notificadas a SiViEs

	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	S-38	S-39
AY.43	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
AY.127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
B.1.1.7	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
B.1.1.529	11	16	13	26	19	7	2	4	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1	11	2	3	0	1	0	0	0	0	0	0	3	1	0	0	0
BA.1.1	0	0	2	2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.1.1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.1.17	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.2	215	111	87	55	22	12	7	4	0	2	1	1	1	0	0	0
BA.2.1	1	2	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.2.3	21	17	7	4	2	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.2.3.15	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.5	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.6	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.7	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.9	43	18	15	14	6	4	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.2.9.2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.9.3	1	2	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.12	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.12.1	27	57	25	15	6	1	2	0	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.2.13	8	2	3	1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.13.1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.18	8	17	3	2	2	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.22	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.23	13	4	6	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.32	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.35	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.36	8	11	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.37	1	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.38	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.40.1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.44	2	1	0	0	2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.49	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.52	1	3	1	5	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.53	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.54	7	12	3	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.56	11	13	3	9	2	1	0	0	1	0	2	0	0	0	0	0
BA.2.65	3	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.71	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.75	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0
BA.2.75.1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0
BA.2.76	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.4	48	48	48	51	40	13	9	7	9	3	3	7	5	4	1	0
BA.4.1	12	16	17	9	10	7	6	3	0	1	2	0	1	0	0	0
BA.4.1.1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0
BA.4.1.9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
BA.4.2	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.4	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.4.6	0	0	0	1	5	5	4	2	4	4	5	6	1	14	3	2
BA.4.7	0	0	0	2	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0
BA.5	122	44	48	47	42	23	22	19	9	7	18	21	24	19	3	0
BA.5.1	311	567	628	642	536	360	247	235	158	114	117	101	73	78	36	22
BA.5.1.1	0	2	0	4	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0

	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	S-38	S-39
BA.5.1.2	0	0	1	1	4	0	2	0	0	2	2	0	10	1	1	0
BA.5.1.3	1	3	10	14	22	14	3	5	5	2	2	0	2	1	0	0
BA.5.1.4	0	0	2	3	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	2	0	0	2
BA.5.1.8	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.1.10	0	0	0	0	0	0	2	1	3	0	0	0	2	2	0	0
BA.5.1.12	0	0	0	0	1	0	0	2	0	0	1	1	1	0	0	0
BA.5.1.17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
BA.5.1.22	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2	2	0	1
BA.5.1.23	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	4	0
BA.5.2	21	37	40	54	51	46	28	33	26	23	22	37	30	26	11	7
BA.5.2.1	31	59	110	111	87	67	64	56	36	38	38	36	22	25	13	7
BA.5.2.2	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0
BA.5.2.3	0	2	1	6	3	4	3	6	0	2	4	6	1	3	0	1
BA.5.2.4	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1	1
BA.5.2.9	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.2.20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2	0	1
BA.5.2.21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
BA.5.2.26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0
BA.5.3	1	2	4	1	5	0	0	0	0	1	1	2	0	0	0	0
BA.5.3.1	1	3	2	1	1	0	0	0	0	1	1	1	2	0	1	0
BA.5.3.2	1	1	3	2	2	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.3.3	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.3.4	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.5	0	1	6	2	4	2	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0
BA.5.6	1	2	1	11	20	6	2	0	1	1	0	0	3	3	0	0
BA.5.6.1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BA.5.6.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
BA.5.8	0	0	0	2	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0
BA.5.9	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	4	3	1	0
BA.5.10	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
BE.1	22	41	66	24	24	19	8	12	6	6	8	2	5	3	0	0
BE.1.1	2	8	20	52	37	30	29	22	26	20	14	19	10	8	3	2
BE.1.1.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	1	1
BE.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0
BE.3	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.1	13	44	35	25	10	8	7	0	1	1	3	2	1	0	0	0
BF.2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
BF.4	0	1	1	4	3	3	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
BF.5	0	2	2	8	13	11	2	6	1	2	4	4	2	5	4	1
BF.6	0	0	0	1	1	0	2	1	1	1	1	0	1	0	0	0
BF.7	0	0	0	0	0	1	0	4	5	0	3	9	12	14	7	1
BF.10	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	1
BF.11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	2	1	1	0
BF.26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
BN.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
BQ.1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	2
XE	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XQ	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XAN	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
XAZ	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Otros Ómicron	10	6	2	3	7	2	3	1	1	1	6	0	0	3	1	0
Otros	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1

Fuente: SiViEs 21.10.2022. Datos preliminares, sujetos a modificaciones.