

SARSAIGUA-2023

Informe de Vigilància del SARS-CoV-2 en aigua residual

Setmana 2023.36 (04/09/23)

1. Concentració de SARS-CoV-2 en l'aigua residual

Setmana 04/09/2023 (2023.36)

A destacar

Seguiment de la concentració del SARS-CoV-2 a l'aigua residual

Les concentracions de SARS-CoV-2 mesurades a l'aigua residual es mantenen majoritàriament **altes** ($\geq 10^5$ CG/L) en el **64% de les EDAR en seguiment** (35/53), com a **intermèdies** (10^4 – 10^5 CG/L) en el **31%** i com a **baixes** ($10^{2,5}$ – 10^4 CG/L) en el **5%** de les EDARs.

Circulació	Nº EDARs	%
Alta	35	64
Intermèdia	17	31
Baixa	3	5
No Circula	0	0

Les concentracions de SARS-COV-2 mesurades a l'aigua residual a les 53 EDAR en seguiment analitzades durant la setmana en curs (2023.32) són altes en el 64% de les EDARs (35/53), intermèdies al 31% (17/53) i baixes al 5% restant (3/53)¹. L'evolució temporal de les concentracions mitjanes de SARS-CoV-2 mesurades a l'aigua residual per tot Catalunya mostra una lleugera reducció respecte els valors d'agost, correlacionant amb la dinàmica de la Taxa COVI19 estimada a partir de les dades del SIVIC (**Figura 1**).

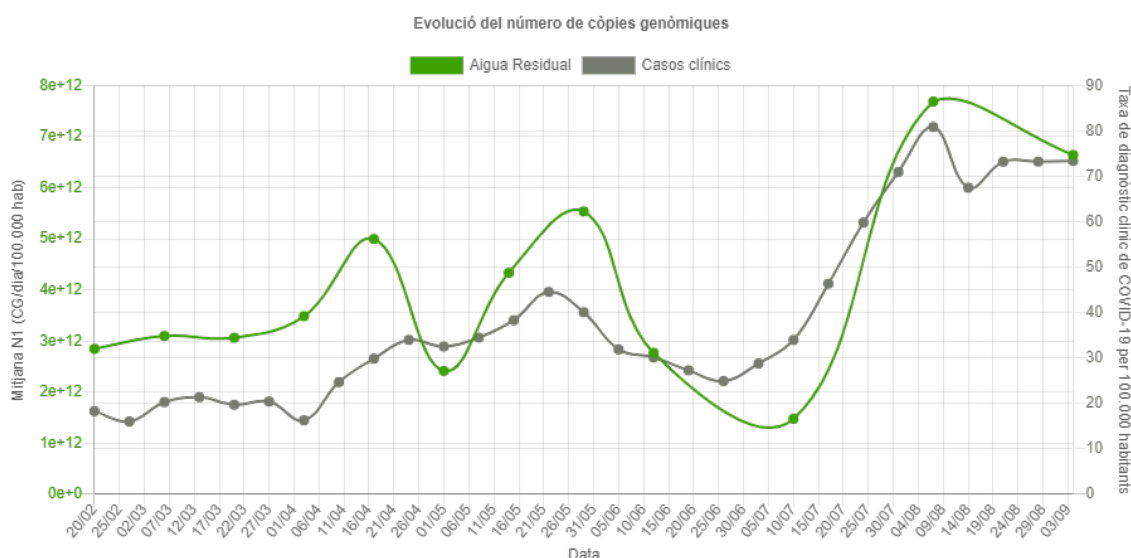


Figura 1 | Comparació entre la mitjana geomètrica de càrrega viral (normalitzada per 100.000 habitants) de totes les EDARs analitzades de Catalunya (línia verda) i la taxa COVID19 (normalitzada també per 100.000 habitants) obtinguda a partir de Sistema d'Informació per a la Vigilància d'Infeccions a Catalunya (SIVIC) (línia grisa).

¹ Al final del present informe es mostren les concentracions de les diferents dianes analitzades a totes les EDAR en seguiment durant la setmana en curs.

2. Resultats de l'anàlisi de variants del SARS-CoV-2 en aigua residual

Setmana 04/09/2023 (2023.36)

A destacar

Seqüenciació

La **seqüenciació completa del gen S** s'ha realitzat en 53 mostres de la setmana 2023.36. A partir de l'estudi de mutacions per a cada variant d'acord amb el protocol d'anàlisi bioinformàtic (*Freyja*, veure a sota) s'ha estimat la presència de les variants d'interès (Vol) i les variants en seguiment (VuM). Aquesta classificació s'ha fet d'acord amb la del *European Center of Disease Control* (actualització del 7 de setembre 2023).

Variants d'interès (Vol)

- **Òmicron BA.2.75**: no es detecta a cap de les EDARs analitzades
- **Òmicron XBB.1.5**: es detecta a 49 EDARs en freqüències intermèdies (21%±15%)
- **Òmicron XBB.1.5 + F456L (EG.5 i altres)**: es detecta a 51 EDARs en freqüències intermèdies (39%±18%)

Variants en seguiment (VuM)

- **Òmicron CH.1.1**: es detecta a 7 EDARs en freqüències baixes (5%±11%)
- **Òmicron XBB.1.16**: es detecta a 43 EDARs en freqüències intermèdies (12%±15%)
- **Òmicron BA.2.86**: no es detecta a cap de les EDARs analitzades

En el reinici de les activitats de la Xarxa SARSAIGUA per l'any 2023, ha esdevingut prioritari l'anàlisi de variants del virus SARS-CoV-2 en les aigües residuals de Catalunya. L'objectiu és el de proporcionar informació complementària a la situació de la pandèmia de COVID-19 a Catalunya i detectar l'entrada i circulació de noves variants al territori.

L'estudi de variants en l'aigua residual identifica mutacions genètiques associades a variants de preocupació, d'interès o en seguiment (VOCs/VOIs/VUMs de les seves sigles en anglès, respectivament) i la seva freqüència a cada mostra. A partir d'aquestes freqüències, el programari *Freyja*², d'accés lliure i desenvolupat pel *Scripps Research Institute*, permet extreure la proporció de cada llinatge present a la mostra. *Freyja* utilitza una biblioteca de codis de barres de les mutacions d'interès per representar cada llinatge dins una filogènia global del SARS-CoV-2. Posteriorment, el programa analitza les freqüències dels canvis per a cadascuna de les mutacions associades a cada llinatge per estimar la seva abundància relativa a cada mostra. *Freyja* permet, doncs, identificar tots les llinatges presents a l'aigua residual, incloses les VOCs/VOIs/VUMs, d'interès en cada moment.

² <https://github.com/andersen-lab/Freyja>

Els resultats es mostren a la **Taula 1**, on s'indica la freqüència de les VOC, VOI i VUM que designa —i actualitza regularment— el Centre Europeu de Control de Malalties (ECDC) d'acord amb l'evolució de les variants circulants³.

A 7 de setembre de 2023, el ECDC classifica com a variants a seguir, els llinatges classificats com VOI (Variants d'Interès) i VUM (Variants en seguiment). Dins les VOI hi trobem els llinatges BA.2.75, el recombinant XBB.1.5 i la variant XBB.1.5 amb la mutació F456L que inclou els subllinatges **EG.5**, FL.1.5.1, XBB.1.16.6 i FE.1. Dins les VUM hi trobem els llinatges CH.1.1, el recombinant XBB.1.16 i la nova variant BA.2.86.

En les mostres de la **setmana 2023.36**, pel que fa a les variants d'interès (VOI), la BA.2.75 no es detecta a cap EDAR analitzada. El llinatge **XBB.1.5** es detecta a 49 de 53 EDARs en freqüències intermèdies ($21\pm 15\%$). D'altra banda, la **variant XBB.1.5 + F456L** està present a 51 de 53 EDARs a freqüències intermèdies ($39\pm 18\%$). Aquests llinatges **XBB.1.5 + F456L** dominen en abundància relativa a 29/51 EDARs del territori: 18/22 a la província de Barcelona, a 6/10 EDARs a Girona, a 2/11 EDARs de Lleida i a 3/10 EDARs de Tarragona.

Pel que fa a les Variants en seguiment (VUM), el llinatge **CH.1.1** es detecta a 7 EDARs en freqüències baixes ($5\pm 11\%$) i el llinatge **XBB.1.16** a 43 EDARs, en freqüències intermèdies ($12\pm 14\%$).

Finalment, la variant **BA.2.86** no es detecta encara a cap de les EDARs en seguiment.

A la **Figura 2** es presenta l'evolució dels llinatges dominants al llarg dels darrers mesos juntament amb l'evolució de la càrrega viral diària. A la **Figura 3** es pot apreciar la transició entre aquests llinatges i la seva distribució al territori.

³ <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>

Taula 1 | Resultats de seqüenciació del gen Spike per la identificació de llinatges i l'estudi de la seva freqüència relativa. A la taula es mostren les freqüències per cada mostra de les variants d'interès (VoI) i les variants en seguiment (VuM) designades pel ECDC.

[illegible]

0.00 1.00 Llegenda abundància

NOTA: Les variants alfa, beta, gamma i delta així com altres de minoritàries no es detecten en les mostres analitzades i ja no es representen en la taula. Des del 3 de març les VOC BA.2, BA.4 i BA.5 surten del llistat de variants a monitoritzar per l'ECDC.

Figura 2 | Evolució dels diferents llinatges de SARS-CoV-2 en circulació des de desembre de 2021. Es mostren les dades agregades de totes les EDARs a nivell de Catalunya. Les àrees acolorides representen els percentatges de freqüència de les diferents variants (veure llegenda) normalitzades pel total de llinatges detectats. La línia negra mostra la càrrega viral diària acumulada de totes les EDARs analitzades setmanalment normalitzada per població (eix dret). El gràfic permet veure, doncs, la variant dominant en cada onada pandèmica.

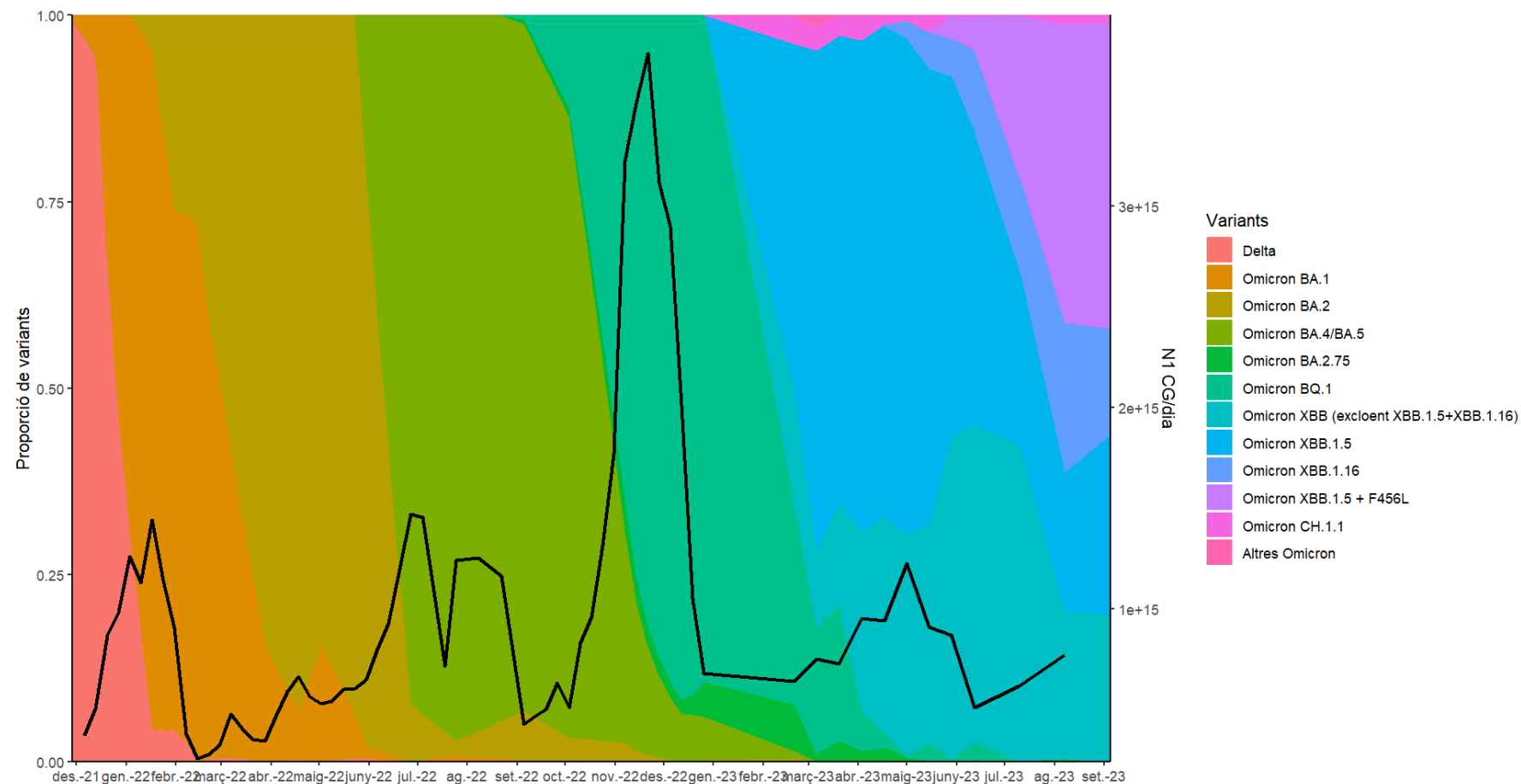
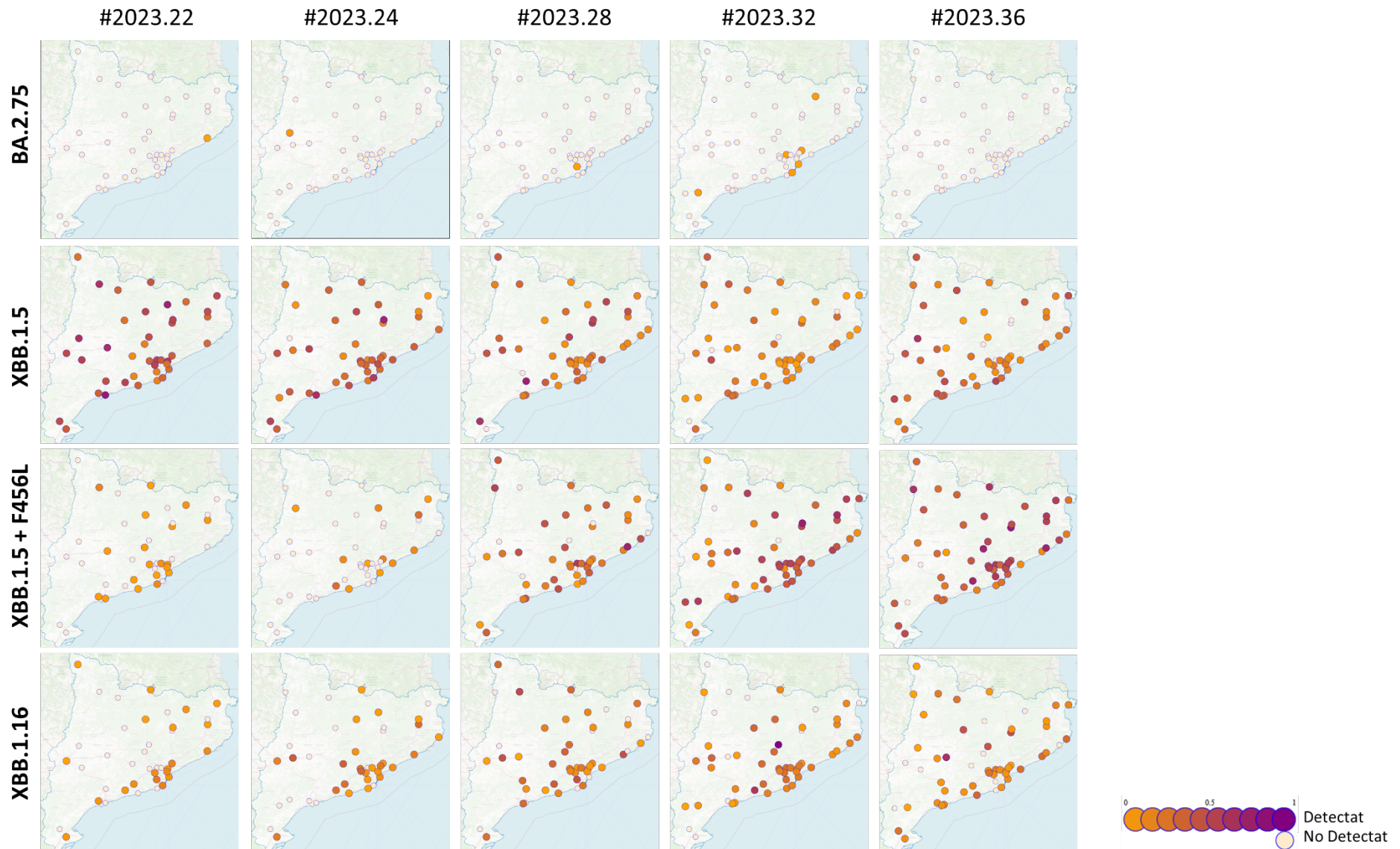


Figura 3 | Resultats de l'estudi espacial dels subllinatges d'Òmicron entre les setmanes #2023.22 i #2023.36. Als mapes es mostren les freqüències per llinatge associat a cada EDAR analitzada. Les mostres on s'ha detectat un llinatge determinat mostra un color en funció a la seva freqüència.



Resultats de l'anàlisi de SARS-CoV-2 en aigua residual

Setmana 04/09 de 2023 (2023.36ª setmana)

Taula 2 | Concentració de les diferents dianes analitzades la setmana 2023.36 (04/09/2023) en les EDAR en seguiment. Es mostra també la categoria de cada EDAR d'acord amb el número d'unitats logarítmiques de la concentració de la diana gènica més abundant (veure llegenda).

Província	EDAR	N1 (CG/L)	N2 (CG/L)	IP4 (CG/L)	Categoria
Barcelona	Abrera	1,30E+06		7,12E+05	
	Berga	1,00E+06		8,43E+05	
	Besós	1,34E+04	7,79E+03		
	Granollers	3,35E+06		2,09E+06	
	Gavà/Viladecans	3,53E+04	2,02E+04		
	Igualada	1,22E+04	7,72E+03		
	La Llagosta	2,57E+06		1,54E+06	
	Manlleu	6,10E+04	3,45E+04		
	Manresa	3,07E+04	1,38E+04		
	Mataró	4,36E+04	3,35E+04		
	Montornés del Vallés	1,35E+06		8,30E+05	
	Montcada i Reixac	2,93E+06		2,13E+06	
	Martorell	2,92E+06		1,87E+06	
	Prat del Llobregat	3,44E+06		1,61E+06	
	Rubí	1,73E+06		1,24E+06	
	Sant Feliu del Llobregat	2,82E+04	2,10E+03		
	Sallent	3,49E+04	2,09E+04		
	Sabadell Riu Sec	2,90E+06		1,35E+06	
	Terrassa	2,49E+04	7,10E+03		
	Vilafranca del Penedès	5,79E+06		3,40E+06	
	Vic	7,59E+03	9,36E+03		
	Vilanova i la Geltrú	7,03E+03	4,11E+02		
Girona	Banyoles	1,42E+06		6,86E+05	
	Blanes	2,23E+04	1,70E+04		
	Castell-Platja d'Aro	2,93E+04	2,02E+04		
	Figueres	3,77E+06		2,16E+06	
	Girona	2,11E+06		1,23E+06	
	Lloret de Mar	9,14E+04	4,51E+04		
	Olot	2,13E+04	8,83E+03		
	Palamos	1,73E+04	9,06E+03		
	Puigcerdà	5,76E+05		3,22E+05	
	Ripoll	3,75E+02	4,14E+02		
Lleida	Roses	2,50E+06		6,42E+05	
	Balaguer	4,56E+05	4,71E+05		
	Borges Blanques	1,26E+05	1,50E+05		
	Cervera	1,84E+05	1,72E+05		
	Fondarella	8,74E+03	6,94E+04		
	Lleida	1,40E+05	1,45E+05		
	Montferrer	1,28E+06	1,26E+06		
	Pont de Suert	7,94E+05	6,35E+05		
	Solsona	4,72E+05	4,21E+05		
	Sort	2,44E+05	2,91E+05		
	Tarrega	7,52E+04	8,19E+04		
	Tremp	3,03E+04	3,65E+04		
Tarragona	Vielha	2,37E+05	2,49E+05		
	Amposta	2,04E+06	1,72E+06		
	Gandesa	3,19E+06	3,07E+06		
	Mora d'Ebre	4,19E+05	4,39E+05		
	Montblanc	3,36E+05	2,77E+05		
	Reus	4,06E+05	4,40E+05		
	Tarragona	4,70E+05	4,75E+05		
	Tortosa-Roquetes	1,27E+06	1,37E+06		
	Valls	2,83E+05	2,09E+05		
	Vendrell	9,43E+05		2,84E+05	
	Vilaseca-Salou	4,61E+05	5,03E+05		

Llegenda

	Sense dades
	[0 - 2.5) <LD
	[2.5 - 4) <LQ
	[4 - 5)
	[5 - ∞

*CG: Còpies Genòmiques.

*<LD: inferior al límit de detecció.

*<LQ: inferior al límit de quantificació.