

# SARSAIGUA-2023

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

Setmana 2023.14 (03/04/23)

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

Setmana 03-10/03/2023 (2023.14)

#### A destacar

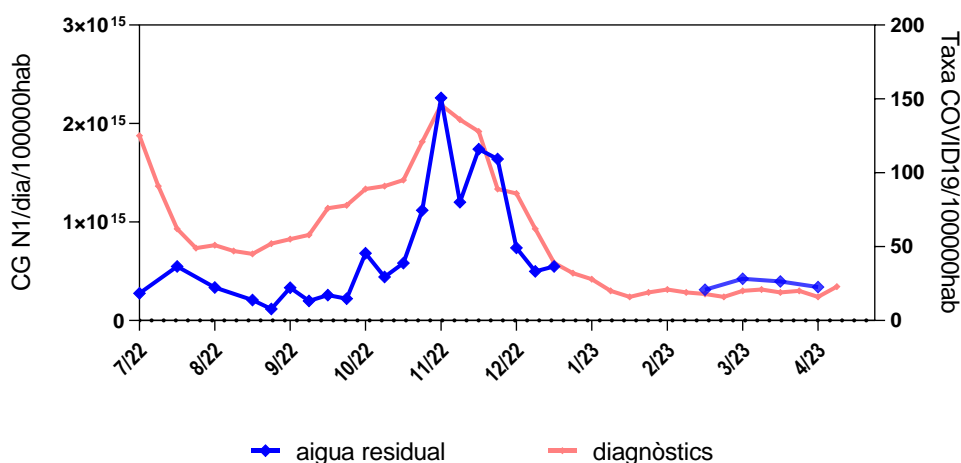
##### Seguiment de la concentració del SARS-CoV-2 a l'aigua residual

Les concentracions de SARS-CoV-2 mesurades a l'aigua residual **continuen altes** ( $\geq 10^5$  CG/L) **al 60% de les EDAR en seguiment (27/45) mentre que al 40% (18/45) les concentracions es mouen en valors intermedis** ( $10^4$ – $10^5$  CG/L).

Circulació	Nº EDARs	%
Alta	27	60
Intermèdia	18	40
Baixa	2	5
No Circula	0	0

Les concentracions de SARS-COV-2 mesurades a l'aigua residual a les 45 EDAR en seguiment durant la setmana en curs (2023.14) continuen altes en la majoria de EDAR (27/45, 60%) i intermèdies a 18 de les EDAR (40%)<sup>1</sup>. L'evolució temporal de les concentracions de SARS-CoV-2 mesurades a l'aigua residual s'ajusta molt bé a l'evolució de la Taxa COVI19 estimada a partir de les dades del SIVIC (**Figura 1**).

**Figura 1** | Comparació entre la càrrega viral (normalitzada per 100.000 habitants) a l'aigua residual agregada per tota Catalunya (línia blava) 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 vermella).



<sup>1</sup> 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 03/04/2023 (2023.14)

### A destacar

#### Seqüenciació

La **seqüenciació completa del gen S** s'ha realitzat en 41 mostres de la setmana 2023.14. 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 23 març 2023).

#### Variants d'interès (Vol)

- **Òmicron BA.2.75:** es detecta a 12/41 EDARs en freqüències baixes (3%±3%)
- **Òmicron BQ.1:** es detecta a 15/41 EDARs en freqüències baixes (9%±11%)
- **Òmicron XBB:** es detecta a 41/41 EDARs en freqüències altes (80%±17%)
  - **Òmicron XBB.1.5:** es detecta a 41/41 EDARs en freqüències altes (49%±26%)

#### Variants en seguiment (VuM)

- **Òmicron CH.1.1:** es detecta a 7/41 EDARs en freqüències baixes (12%±11%)
- **Òmicron BN.1:** es detecta només a l'EDAR de Sant Feliu de Llobregat
- **Òmicron XBB.1.16:** es detecta per primera vegada a l'EDAR de Girona ciutat
- **Òmicron XBB.1.9:** es detecta per primera vegada a 26/45 EDARs en freqüències baixes (9%±8%)
- **Òmicron XBC i XAY:** no es detecten en 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*<sup>2</sup>, 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.

<sup>2</sup> <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 circulants<sup>3</sup>.

A 23 de març 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, BQ.1, el recombinant XBB i el seu subllinatge XBB.1.5. Dins les VUM hi trobem els llinatges BN.1, CH.1.1 i els recombinants XBC, XAY i XBB.1.16.

En les mostres de la **setmana 2023.14**, pel que fa a les variants d'interès (VOI), detectem la variant BA.2.75 a 12/41 EDARs però en freqüències baixes ( $3\% \pm 3\%$ ). D'altra banda, seguim observant el llinatge BQ.1, present a 15/41 EDARs amb freqüències intermèdies ( $9\% \pm 11\%$ ). **Els llinatges de XBB segueixen essent dominants al territori** i es troben en totes les EDAR analitzades (41) en freqüències altes ( $80\% \pm 17\%$ ). Dins el llinatge XBB, el subllinatge **XBB.1.5 és majoritari**, detectant-se també a totes les EDARs i en freqüències altes ( $49\% \pm 26\%$ ).

Pel que fa a les Variants en seguiment (VUM), aquesta setmana hem detectat **per primera vegada el llinatge XBB.1.16** (Girona ciutat). També detectem el llinatge **CH.1.1** a 7/41 EDARs en freqüències baixes ( $12\% \pm 11\%$ ) i el llinatge **BN.1** a l'EDAR de Sant Feliu de Llobregat. També destaquem l'increment del sub-llinatge **XBB.1.9** (no categoritzat com a variant de seguiment per l'ECDC) que es detecta a 26/41 EDARs en freqüències baixes ( $9\% \pm 8\%$ ).

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.

---

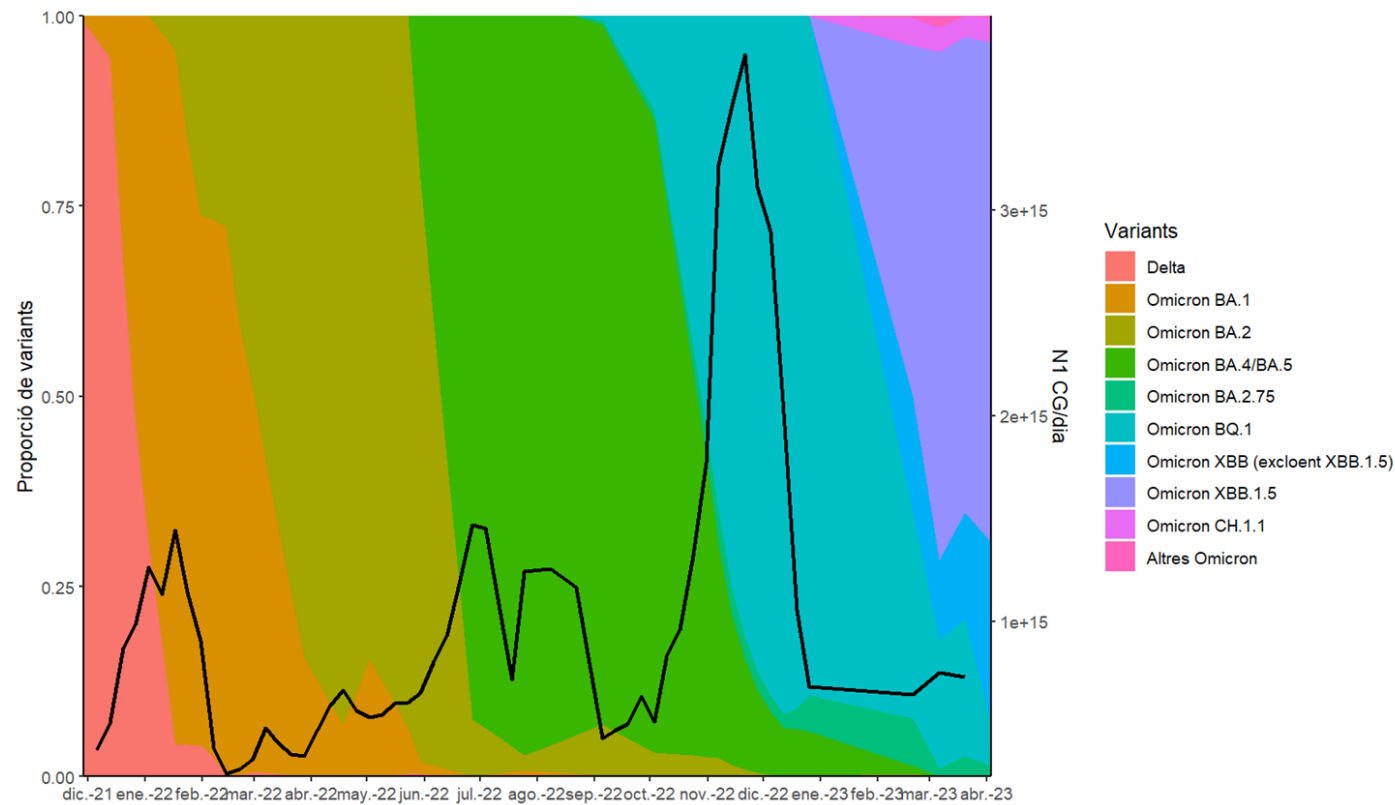
<sup>3</sup> <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>

**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.

Variants	Run	Setmana #14.2023 (03/04)																																												
	Edars	DABR	DBER	DBSS	DGRA	DGVC	DIGU	DILL	DMAN	DMAS	DMAT	DMIR	DMRT	DPDL	DRUB	DSFL	DSLL	DSRS	DTRS	DVDP	DVIC	DVLG	DBAY	DFIG	DGIR	DIDM	DOLO	DPAM	DPUJ	DRIP	DBAL	DBBL	DMOF	DSOL	DSOR	DVIE	DAMP	DMLN	DRUS	DTAR	DVAL	DVEN				
	Provincia	Barcelona																			Girona								Lleida						Tarragona											
Variants of Interest (VOI)																																														
BA.2.75		0	0	0	0	0	0,02	0	0	0,03	0	0	0	0	0	0,02	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,02	0	0,01	0	0	0	0,06	0,12	0	0	0,03	0,04	0,05	0	0,12	0,03	0				
BQ.1		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,05	0	0	0	0	0,11	0,16	0	0	0	0	0,02	0	0	0,13	0	0,07	0	0,09	0,04	0	0,2	0,27	0,11	0,47	0	0,15	0,01	0,13	0				
XBB		0,59	0,99	0,99	0,96	0,99	0,94	0,87	0,99	0,93	0,99	0,97	0,75	0,97	0,96	0,9	0,99	0,83	0,83	0,92	0,99	0,87	0,96	0,91	0,84	0,93	0,84	0,72	0,87	0,99	0,62	0,65	0,52	0,65	0,49	0,78	0,31	0,84	0,71	0,63	0,6	0,97				
XBB.1.5		0,17	0,84	0,94	0,64	0,94	0,9	0,64	0,94	0,88	0,94	0,35	0,48	0,51	0,73	0,9	0,93	0,64	0,67	0,52	0,7	0,81	0,71	0,61	0,38	0,9	0,78	0,66	0,63	0,94	0,32	0,43	0,01	0,28	0,26	0,49	0,03	0,55	0,55	0,21	0,37	0,76				
Variants under monitoring (VUM)																																														
XBC		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
BN.1		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
CH.1.1		0,39	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,02	0	0	0	0	0	0	0	0	0,09	0	0	0,14	0	0	0,25	0	0	0	0	0,23	0	0	0	0	0	0	0	0	0,11	0	0	0	
XAY		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
XBB.1.16		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XBB.1.9.		0,27	0,16	0	0,1	0	0	0,1	0	0	0	0,04	0,15	0,06	0,1	0	0	0,08	0	0,09	0	0	0,11	0,07	0,16	0	0	0	0,12	0	0,06	0,07	0,45	0,16	0,11	0,1	0,02	0,1	0,06	0,06	0,07	0,14				

0.00 1.00  Llegendia 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 sublinatges d'Òmicron entre les setmanes #2022.45 i #2023.14. 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 03-10/04 de 2023 (2023.14<sup>a</sup> setmana)

**Taula** | Concentració de les diferents dianes analitzades la setmana 2023.14 (03/04/2023) 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	5,87E+05		5,29E+04	
	Berga	1,23E+06		1,47E+05	
	Besòs	1,14E+05	1,49E+05		
	Granollers	1,95E+06		3,22E+05	
	Gavà/Viladecans	2,32E+04	7,57E+04		
	Igualada	3,96E+04	2,85E+04		
	La Llagosta	5,19E+05		1,59E+05	
	Manlleu	3,51E+04	8,66E+03		
	Manresa	8,63E+04	1,18E+05		
	Mataró	3,95E+04	6,92E+04		
	Montcada i Reixac	1,40E+06		1,18E+05	
	Martorell	1,46E+06		3,37E+05	
	Prat del Llobregat	9,87E+05		2,36E+05	
	Rubí	1,55E+06		1,40E+05	
	Sant Feliu del Llobregat	3,34E+04	3,73E+04		
	Sallent	7,63E+04	1,95E+04		
	Sabadell Riu Sec	1,31E+06		6,81E+04	
	Terrassa	3,02E+04	1,61E+04		
	Vilafranca del Pendés	1,56E+06		7,71E+04	
	Vic	5,77E+04	4,74E+03		
	Vilanova i la Geltrú	3,66E+04	4,37E+04		
Girona	Banyoles	6,91E+05		1,37E+05	
	Figueres	1,02E+06		1,80E+04	
	Girona	2,03E+06		2,54E+05	
	Lloret de Mar	3,38E+04	2,54E+04		
	Olot	3,81E+04	2,96E+04		
	Palamós	3,86E+04	4,10E+04		
	Puigcerdà	2,36E+06		1,32E+05	
	Ripoll	7,67E+04	4,61E+04		
Lleida	Balaguer	1,42E+05	1,03E+05		
	Borges Blanques	3,51E+04	1,41E+04		
	Cervera	2,40E+05	1,53E+05		
	Lleida	2,10E+04	8,99E+03		
	Montferrer	1,73E+05	9,62E+04		
	Solsona	1,08E+05	6,36E+04		
	Sort	1,25E+05	6,10E+04		
	Vielha	1,27E+05	7,79E+04		
Tarragona	Amposta	1,24E+05	3,81E+04		
	Falset	5,65E+04	3,01E+04		
	Mora La Nova	3,39E+04	2,37E+04		
	Reus	2,40E+05	1,03E+05		
	Tarragona	8,07E+04	4,89E+04		
	Tortosa	2,18E+05	1,17E+05		
	Valls	1,59E+05	7,58E+04		
	Vendrell	1,97E+06		2,83E+05	

## Llegenda

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

\*CG: Còpies Genòmiques.

\*&lt;LD: inferior al límit de detecció.

\*&lt;LQ: inferior al límit de quantificació.