

SARSAIGUA-2023

Informe de Vigilància de Variants dels SARS-CoV-2 en aigua residual

Setmana 2023.10 (06/03/23)

A destacar

Seqüenciació

La **seqüenciació completa del gen S** s'ha realitzat en 41 mostres de la setmana 2023.10. 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 06 març 2023).

Variants d'interès (Vol)

- **Òmicron BA.2.75:** es detecta a 8/41 EDARs en freqüències baixes (4%±3%)
- **Òmicron BQ.1:** es detecta a 21/41 EDARs en freqüències intermèdies (18%±31%)
- **Òmicron XBB₂** es detecta a 38/41 EDARs en freqüències altes (73%±20%)
 - **Òmicron XBB.1.5:** es detecta a 38/41 EDARs en freqüències altes (59%±32%)

Variants en seguiment (VuM)

- **Òmicron BN.1:** es detecta a 3/41 EDARs (Vic, Sort i Tarragona) en freqüències baixes (8%±25%)
- **Òmicron CH.1.1:** es detecta a 6/41 EDARs en freqüències baixes (13%±19%)
- **Òmicron XBC i XAY:** no es detecten en cap de les EDARs analitzades

En el reinici d'activitats de la Xarxa SARSAIGUA per l'any 2023, l'anàlisi de variants del virus SARS-CoV-2 en les aigües residuals de Catalunya esdevé prioritari. L'objectiu, doncs, és el de proporcionar una 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*¹, 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.

¹ <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 circulants².

A 6 de març de 2023, el ECDC va decidir deixar de seguir les VOCs BA.2, BA.4 i BA.5 degut a la baixa prevalença actual al ser reemplaçats pels seus llinatges descendents. Per tant, actualment només es segueixen 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 i XAY.

En les mostres de la **setmana 2023.10**, pel que fa a les variants d'interès (VOI), detectem la variant BA.2.75 a 8 EDARs però en freqüències baixes ($4\pm 3\%$). D'altra banda, seguim observant una reducció del llinatge BQ.1, que encara és present a 21 EDARs amb freqüències intermèdies ($18\pm 31\%$). Per contra, **el llinatge XBB.1.5 continua incrementant la seva presència, detectant-se al 92% de les EDARs analitzades (38/41) en freqüències altes ($59\pm 32\%$)**.

Pel que fa a les Variants en seguiment (VUM), **es detecten els llinatges CH.1.1 i BN.1**. El llinatge CH.1.1 es detecta a 6 EDARS repartides per Barcelona i Girona a freqüències baixes ($13\pm 19\%$) mentre que el llinatge BN.1 es detecta a 3 EDARs (Vic, Sort i Tarragona ciutat).

A la **Figura 1** es presenta l'evolució dels llinatges dominants al llarg dels darrers mesos juntament amb l'evolució de la càrrega viral diària. A la **Figura 2** es pot apreciar la transició entre aquests llinatges i la seva distribució al territori.

Finalment, a les **Figures 3 i 4** i a la **Taula 2**, es presenten els resultats de concentració viral agregada per tota Catalunya i per EDAR analitzada.

² <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 #10.2023 (06/03)																																										
	Edars	DABR	DBER	DBSS	DGRA	DGVC	DIGU	DMAN	DMAS	DMAT	DMIR	DMRT	DRUB	DSFL	DSLL	DSRS	DTRS	DVDP	DVIC	DVLG	DBAY	DLDM	DOLO	DPAM	DPUI	DRIP	DBAL	DBBL	DCER	DILE	DWOF	DSOL	DSOR	DVIE	DAMP	DFAL	DMLN	DRUS	DTAR	DTOT	DVAL	DVEN		
	Provincia	Barcelona																			Girona					Lleida						Tarragona												
Variants of Interest (VOI)																																												
BA.2.75*		0	0,06	0,02	0	0	0	0	0	0,02	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,03	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,08	0,02	0	0,06	0,1	0		
BQ.1*		0	0,18	0,14	0,99	0	0	0,48	0,27	0	0	0	0	0,27	0	0,1	0	0	0,1	0	0	0,11	0	0	0,43	0	0,48	0,08	0,02	0,09	0,98	0,96	0	0	0	0,17	0	0,33	0,04	0,1	0	0,1		
XBB*		0,99	0,59	0,83	0	0,99	0,99	0,47	0,59	0,93	0,99	0,99	0,99	0,72	0,99	0,68	0,99	0,99	0,85	0,8	0,5	0,79	0,99	0,5	0,49	0,91	0,5	0,79	0,89	0,71	0	0	0,41	0,94	0,24	0,73	0,83	0,44	0,78	0,67	0,88	0,88		
XBB.1.5*		0,82	0,47	0,75	0	0,93	0,93	0,44	0,38	0,66	0,86	0,81	0,94	0,63	0,74	0,74	0,93	0,66	0,82	0,73	0,46	0,74	0,94	0,33	0,3	0,86	0,42	0,65	0,69	0,7	0	0,02	0	0,73	0,87	0,57	0,63	0,42	0,69	0,62	0,68	0,7		
Variants under monitoring																																												
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		
BN.1*		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,03	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,48	0	0	0	0	0	0	0,04	0	0	0	0
CH.1.1*		0	0,15	0	0	0	0	0	0,03	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,09	0,49	0,07	0	0,4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	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

0.00 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.

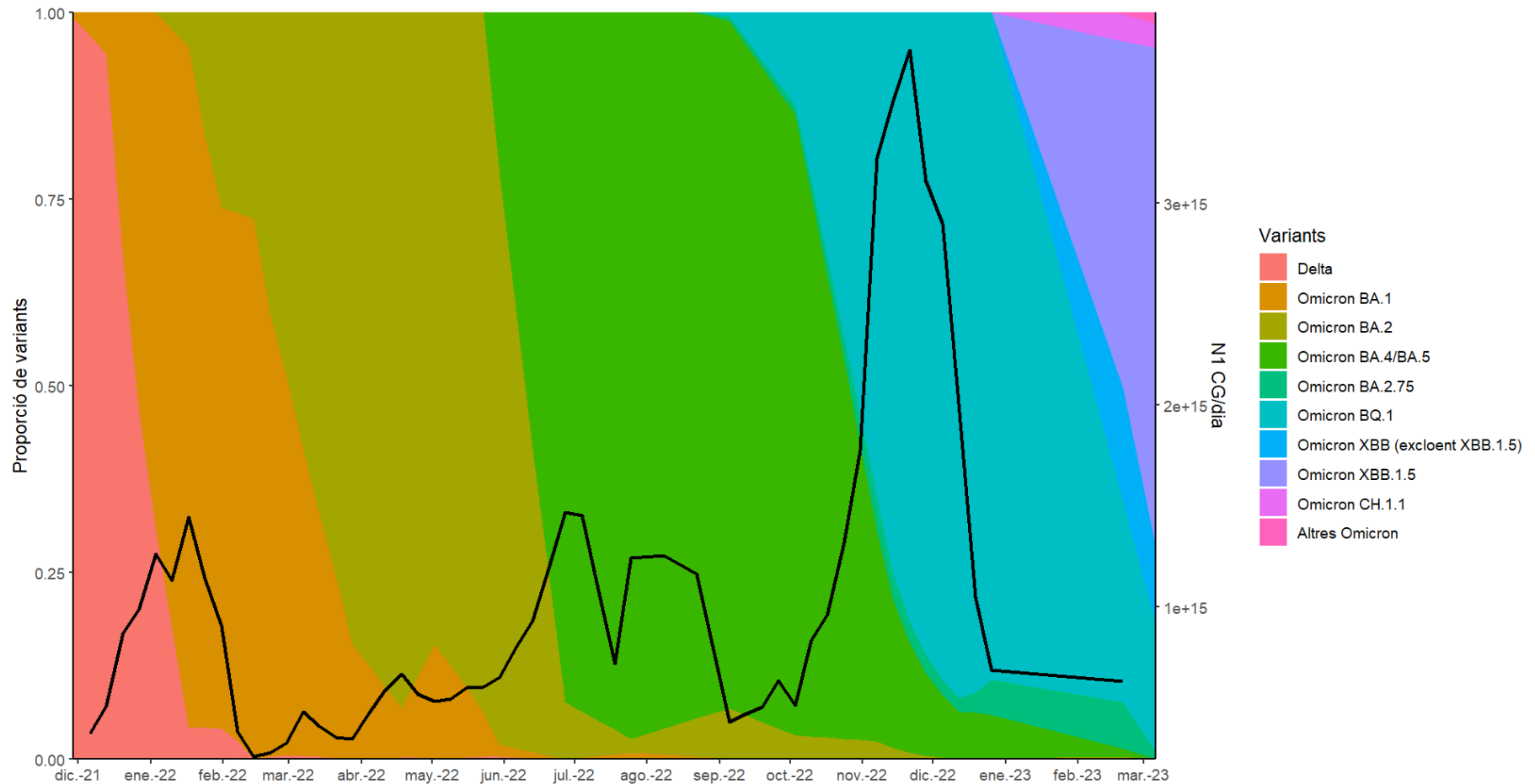


Figura 1 | Evolució dels diferents llinatges de SARS-CoV-2 en circulació des de desembre de 2021. Es mostren les dades agregades de totes les EDARs a nivell de Catalunya. Les àrees acolorides representen els percentatges de freqüència de les diferents variants (veure llegenda) normalitzades pel total 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 2 | Resultats de l'estudi espacial dels sublinatges d'Òmicron entre les setmanes #2022.40 i #2023.10. 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 06-12/03 de 2023 (2023.10ª setmana)

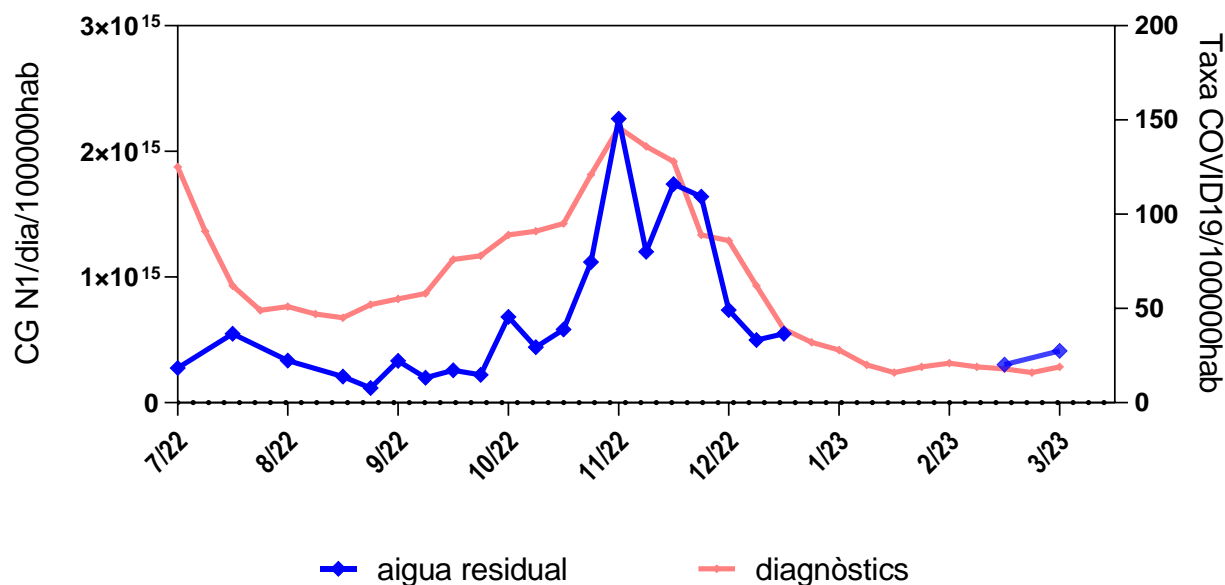
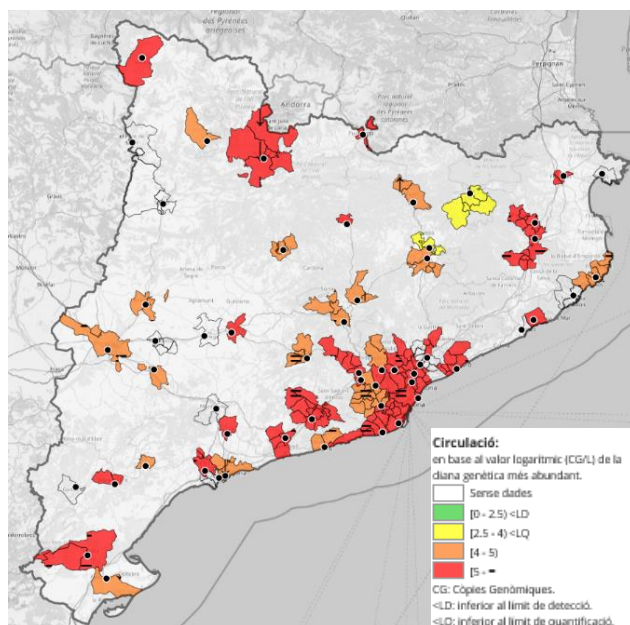


Figura 3 | Comparació temporal entre la càrrega viral (normalitzada per 100.000 habitants) en l'aigua residual agregada per tota Catalunya (línia blava) i la taxa COVID19 (normalitzada també per 100.000 habitants) obtinguda a partir de Sistema d'Informació per a la Vigilància d'Infeccions a Catalunya (SIVIC) (línia vermella).



Circulació	Nº EDARs	%
Alta	26	58
Intermèdia	17	38
Baixa	2	4
No Circula	0	0

Figura 4 | Mapa de circulació i taula resum del nombre i % d'EDARs per cada categoria segons el valor logarítmic de la diana genètica més abundant.

Taula 2 | Concentració de les diferents dianes analitzades la setmana 2023.10 (06/03/2023) 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	1,19E+06		2,82E+05	
	Berga	3,67E+05		1,72E+05	
	Besòs	1,41E+05	9,15E+04		
	Granollers	2,05E+06		2,05E+05	
	Gavà/Viladecans	1,01E+05	4,80E+04		
	Igualada	2,36E+04	3,99E+03		
	DLLL	3,35E+05		5,15E+04	
	Manlleu	5,94E+03	1,19E+03		
	Manresa	4,89E+04	2,75E+04		
	Mataró	1,01E+05	5,69E+04		
	Montcada i Reixac	1,43E+06		1,82E+05	
	Martorell	1,30E+06		2,07E+05	
	Prat del Llobregat	1,59E+06		3,17E+05	
	Rubí	1,90E+06		1,95E+05	
	Sant Feliu del Llobregat	8,07E+04	2,18E+04		
	Sallent	5,10E+04	1,66E+04		
	Sabadell Riu Sec	1,49E+06		1,58E+05	
	Terrassa	8,01E+04	4,11E+04		
	Vilafranca del Penedès	1,17E+06		2,69E+05	
	Vic	1,18E+04	5,56E+03		
	Vilanova i la Geltrú	4,53E+04	1,90E+04		
Girona	Banyoles	9,32E+05		1,10E+05	
	Figueres	7,29E+06		6,17E+04	
	Girona	1,29E+06		1,24E+05	
	Lloret de Mar	1,23E+05	4,74E+04		
	Olot	2,54E+03	2,35E+03		
	Palamós	4,20E+04	9,38E+03		
	Puigcerdà	6,65E+05		2,66E+04	
	Ripoll	6,77E+04	9,66E+04		
Lleida	Balaguer	4,43E+04	1,60E+04		
	Borges Blanques	1,17E+04	4,05E+03		
	Cervera	1,57E+05	5,04E+04		
	Lleida	4,92E+04	3,98E+04		
	Solsona	9,13E+04	4,64E+04		
	Montferrer	1,23E+05	6,44E+04		
	Sort	1,65E+04	7,48E+03		
	Vielha	9,98E+05	5,25E+05		
Tarragona	Amposta	3,55E+04	1,65E+04		
	Falset	1,79E+04	3,91E+03		
	Tortosa	1,87E+05	1,01E+05		
	Mora La Nova	1,39E+05	7,02E+04		
	Reus	1,67E+05	1,07E+05		
	Tarragona	6,16E+04	1,89E+04		
	Valls	1,88E+05	1,32E+05		
	Vendrell	7,04E+05		2,80E+04	

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.