

SARSAIGUA-2023

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

Setmana 2023.22 (29/05/23)

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

Setmana 29/05-04/06/2023 (2023.22)

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 80% de les EDAR en seguiment (33/41) mentre que al 20% restant (08/41) les concentracions es mouen en valors intermedis** (10^4 – 10^5 CG/L).

Circulació	Nº EDARs	%
Alta	33	80
Intermèdia	8	20
Baixa	0	0
No Circula	0	0

Les concentracions de SARS-COV-2 mesurades a l'aigua residual a les 41 EDAR en seguiment durant la setmana en curs (2023.22) continuen altes al 80% de les EDARs (33/41) i intermèdies al 20% restant (08/41)¹. L'evolució temporal de les concentracions de SARS-CoV-2 mesurades a l'aigua residual i agregades per tot Catalunya mostra un bon ajust 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).

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 29/05/2023 (2023.22)

A destacar

Seqüenciació

La **seqüenciació completa del gen S** s'ha realitzat en 40 mostres de la setmana 2023.22. 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 1 de juny 2023).

Variants d'interès (Vol)

- **Òmicron BA.2.75:** es detecta només a 1 EDAR de 40 (Lloret de Mar) en freqüència baixa (1%)
- **Òmicron BQ.1:** es detecta a 2/40 EDARs en freqüències baixes ($3\% \pm 2\%$)
- **Òmicron XBB:** es detecta a les 40 EDARs en freqüències altes ($95\% \pm 3\%$)
 - **Òmicron XBB.1.5:** es detecta a les 40 EDARs en freqüències altes ($54\% \pm 21\%$)

Variants en seguiment (VuM)

- **Òmicron CH.1.1:** es detecta només a 1 EDAR de 40 EDARs (Granollers) en freqüència baixa (2%)
- **Òmicron XBB.1.16:** es detecta a 15 de les 40 EDARs en freqüències baixes ($6\% \pm 6\%$)
- **Òmicron XBB.1.9:** es detecta a 27 de les 40 EDARs en freqüències intermèdies ($18\% \pm 8\%$)

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 1 de juny 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 CH.1.1 i el recombinant XBB.1.16.

En les mostres de la **setmana 2023.22**, pel que fa a les variants d'interès (VOI), observem com les variants BA.2.75 i BQ.1 estan a nivells molt baixos de freqüència. La variant BA.2.75 es detecta a 01/40 EDARs (Lloret de Mar) en una freqüència del 1%. D'altra banda, només detectem BQ.1 a 02/40 EDARs (Manresa i Solsona) en freqüències baixes ($3\% \pm 2\%$). **Els llinatges de XBB encara dominen al territori** i es troben a 40/40 EDARs analitzades en freqüències altes ($95\% \pm 3\%$). Dins el llinatge XBB, el subllinatge **XBB.1.5 continua sent el majoritari**, detectant-se a totes les EDARs en freqüències altes ($54\% \pm 21\%$).

Pel que fa a les Variants en seguiment (VUM), veiem un patró similar al mostreig de la setmana 2023.20, detectant **el llinatge XBB.1.16** a 15 EDARs a freqüències baixes ($9\% \pm 12\%$) i el subllinatge **XBB.1.9** (categoritzat com a variant de seguiment per la WHO)⁴ detectat a 27 EDARs en freqüències intermèdies ($18\% \pm 8\%$). A més, detectem el llinatge **CH.1.1** en 1 EDAR (Granollers) en una freqüència del 2%.

Finalment, mencionem també que el **llinatge XBB.2.3**, inclòs recentment per la WHO com a Variant en seguiment (VuM)⁴, es detecta aquesta setmana a 10 EDARs però en freqüències baixes ($3\% \pm 3\%$).

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>

⁴ <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>

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 #22.2023 (29/05)																																											
	Edars	DABR	DBER	DBSS	DGRA	DGVC	DIGU	DILL	DVAN	DVAS	DMIR	DPDL	DRUB	DSFL	DSLL	DSRS	DTRS	DVDP	DVIC	DVLG	DBAY	DFIG	DGIR	DLDM	DOLO	DPUI	DRIP	DBAL	DBBL	DCER	DLE	DMOF	DSOL	DSOR	DVIE	DAMP	DRUS	DTAR	DTOT	DVAL	DVEN				
	Província	Barcelona																			Girona							Lleida							Tarragona										
Variants of Interest (VOI)																																													
BA.2.75*		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,01	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
BQ.1*		0	0	0	0	0	0	0	0	0,02	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,07	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
XBB*		0,9	0,94	1	0,96	0,99	1	0,94	1	0,97	0,96	0,95	0,96	1	1	0,91	1	0,92	1	0,99	0,93	0,96	0,9	0,97	1	0,9	1	0,96	0,94	0,92	0,94	0,97	0,87	0,92	0,95	0,91	0,92	0,93	0,93	0,92	0,95	0,95	0,95	0,95	0,95
XBB.1.5*		0,39	0,56	0,69	0,42	0,46	0,61	0,62	0,96	0,51	0,3	0,37	0,57	0,75	0,55	0,44	0,86	0,18	0,99	0,98	0,51	0,53	0,34	0,97	0,83	0,46	0,99	0,68	0,6	0,71	0,55	0,37	0,29	0,68	0,29	0,44	0,41	0,83	0,53	0,51	0,58	0,58	0,58	0,58	
Variants under monitoring																																													
CH.1.1*		0	0	0	0,02	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	0,02	0	0,19	0	0	0,05	0	0	0,15	0,2	0,13	0	0	0	0	0	0,14	0	0	0	0,04	0,03	0	0	0,05	0	0	0	0	0	0,02	0	0	0	0,02	0,08	0,1	0	0	0	0	0,08	
XBB.1.9*		0,18	0,2	0	0,08	0	0	0,15	0	0	0,15	0,07	0,17	0	0	0,29	0	0,15	0	0	0,25	0,23	0,22	0	0	0,27	0	0,17	0,24	0,16	0,26	0,18	0,17	0,2	0,49	0,24	0,21	0,07	0,28	0,29	0,2	0,2	0,2		
XBB.2.3*		0,08	0	0	0,11	0	0	0	0	0	0,02	0	0,01	0	0	0	0	0,07	0	0	0	0	0	0,04	0	0	0	0	0	0	0	0	0,07	0,06	0	0	0	0	0,02	0	0	0,01	0	0	

0,00

Llegenda abundància

1,00

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.

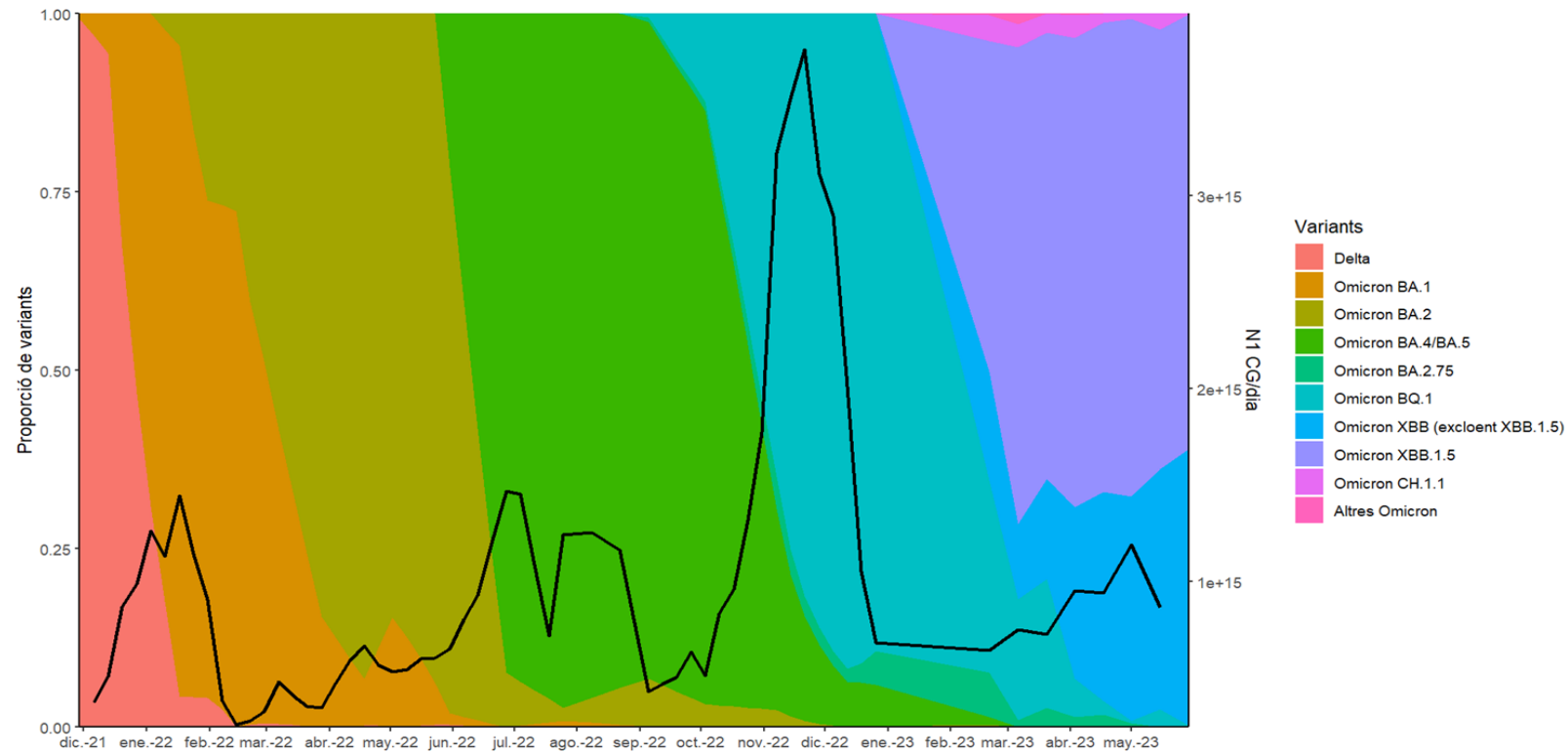
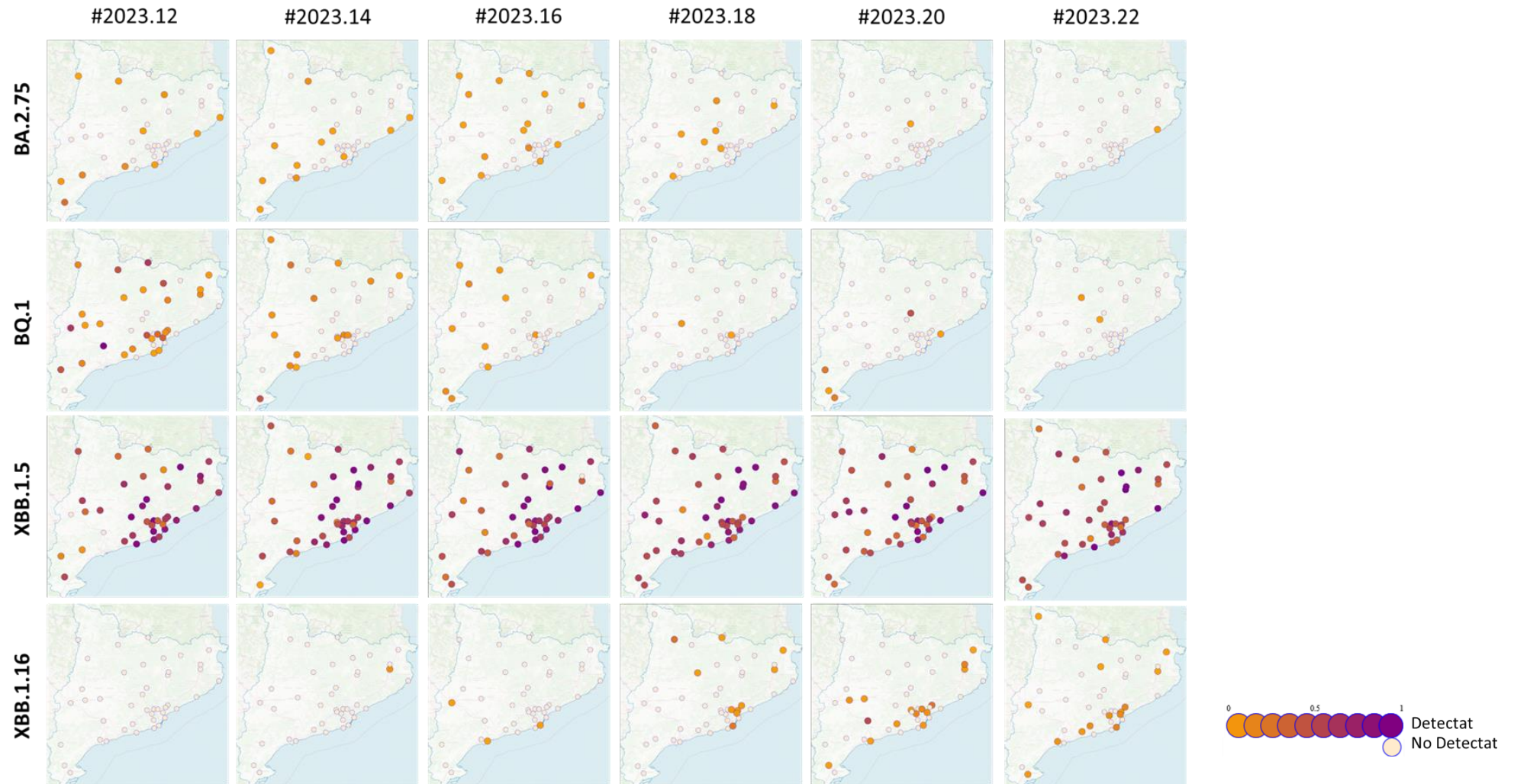


Figura 2| Evolució dels diferents llinatges de SARS-CoV-2 en circulació des de desembre de 2021. Es mostren les dades agregades de totes les EDARs a nivell de Catalunya. Les àrees acolorides representen els percentatges de freqüència de les diferents variants (veure llegenda) normalitzades pel total 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 #2023.12 i #2023.22. 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 29/05-04/06 de 2023 (2023.22^a setmana)

Taula | Concentració de les diferents dianes analitzades la setmana 2023.22 (29/05/2023) 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	5,95E+05		1,22E+05	
	Berga	1,04E+06		4,74E+05	
	Besòs	4,28E+05	2,28E+05		
	Granollers	1,06E+06		8,68E+05	
	Gavà/Viladecans	4,59E+04	2,39E+04		
	Igualada	5,20E+04	7,35E+04		
	La Llagosta	7,55E+05		7,26E+05	
	Manlleu	3,52E+05	3,48E+05		
	Manresa	3,40E+05	3,74E+05		
	Mataró	1,08E+05	5,38E+04		
	Montcada i Reixac	2,08E+06		9,59E+05	
	Prat del Llobregat	4,43E+05		2,97E+05	
	Rubí	1,36E+06		7,86E+05	
	Sant Feliu del Llobregat	1,45E+05	1,35E+05		
	Sallent	3,89E+04	2,06E+04		
	Sabadell Riu Sec	1,80E+06		7,40E+05	
	Terrassa	3,73E+04	1,11E+05		
	Vilafranca del Pendés	1,01E+06		3,03E+05	
	Vic	1,40E+05	1,06E+05		
	Vilanova i la Geltrú	1,43E+04	3,96E+04		
Girona	Banyoles	3,46E+05		1,67E+05	
	Figueres	9,38E+05		1,81E+05	
	Girona	1,38E+06		1,11E+06	
	Lloret de Mar	2,36E+05	1,39E+05		
	Olot	7,51E+04	3,97E+04		
	Puigcerdà	2,58E+05		4,33E+04	
	Ripoll	7,93E+04	4,91E+04		
Lleida	Balaguer	1,71E+05	2,06E+05		
	Borges Blanques	2,78E+05	2,60E+05		
	Cervera	1,69E+05	2,20E+05		
	Lleida	5,66E+04	4,90E+04		
	Montferrer	1,88E+05	1,69E+05		
	Solsona	1,23E+05	1,17E+05		
	Sort	4,70E+04	7,56E+04		
	Vielha	1,03E+05	1,21E+05		
Tarragona	Amposta	1,12E+05	4,24E+05		
	Reus	1,05E+06	8,58E+05		
	Tarragona	1,15E+05	1,55E+05		
	Tortosa	3,77E+05	2,80E+05		
	Valls	1,84E+05	2,47E+05		
	Vendrell	3,45E+05		8,76E+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.