

# SARSAIGUA-2023

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

Setmana 2023.08 (20/02/23)

### A destacar

#### Seqüenciació

La **seqüenciació completa del gen S** s'ha realitzat en 31 mostres de la setmana 2023.08. A partir de l'estudi de mutacions per a cada variant i basant-se en el nou protocol d'anàlisi (*Freyja*, veure a sota) s'ha estimat la presència de les variants de preocupació (VoC), variants d'interès (VoI) i variants en seguiment (VuM). Aquesta classificació s'ha fet d'acord amb la del *European Center of Disease Control* (actualització del 23 febrer 2023).

#### Variants de preocupació (VoC)

- **Òmicron BA.2:** detectada en 3 EDARs en freqüències baixes (2,5%±3,7%)
- **Òmicron BA.4:** no es detecta en cap de les EDARs analitzades
- **Òmicron BA.5:** detectada en 3 EDARs en freqüències baixes (7,9%±7,5%)

#### Variants d'interès (VoI)

- **Òmicron BA.2.75:** es detecta a 9 EDARs en freqüències baixes (14%±16%)
- **Òmicron BQ.1:** es detecta a 18 EDARs en freqüències intermèdies (31%±32%)
- **Òmicron XBB:** es detecta a 26 EDARs en freqüències altes (66%±20%)
  - **Òmicron XBB.1.5:** es detecta a 24 EDARs en freqüències altes (52%±20%)

#### Variants en seguiment (VuM)

- **Òmicron BN.1:** es detecta a 2 EDARs (Manlleu i Lleida ciutat) en freqüències baixes (2%±0,5)
- **Òmicron CH.1.1:** es detecta a 6 EDARs en freqüències baixes (13%±13)
- **Òmicron BA.2.3.20, BF.7, 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 és el de proporcionar una informació complementària sobre 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>1</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

<sup>1</sup> <https://github.com/andersen-lab/Freyja>

freqüències dels canvis per a cadascuna de les mutacions associades a cada llinatge per estimar-ne 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.

Els resultats d'aquestes anàlisis 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>2</sup>.

A 23 de febrer de 2023, les VOCs designades pel ECDC pertanyen als subllinatges d'Òmicron BA.2, BA.4 i BA.5, les VOIs són la BA.2.75, la BQ.1 i el recombinant XBB i el seu subllinatge XBB.1.5. A més, les VUMs sota seguiment són la BA.2.3.20, la BF.7, la BN.1, la CH.1.1 i els recombinants XBC i XAY.

En les mostres de la **setmana 2023.08**, la presència de BA.2 es detecta en un 9% de les EDARs (3/31) amb freqüències baixes ( $4,9\% \pm 5,3\%$ ). La variant BA.4 no es detecta en cap EDAR i la variant BA.5 disminueix fins només detectar-se a 3 EDARs en freqüències baixes de  $7,9\% \pm 7,5\%$ .

Pel que fa a les variants d'interès (VOI), aquesta setmana es detecta la variant BA.2.75 a 9 EDARs però en freqüències baixes ( $14\% \pm 16\%$ ). D'altra banda, i en comparació amb les darreres dades de 2022, **s'observa una reducció del llinatge BQ.1**, que encara és present a 18 EDARs amb freqüències intermèdies ( $31\% \pm 32\%$ ). Així mateix, **destaca l'increment del llinatge XBB.1.5, que apareix al 77% de les EDARs analitzades (24/31) en freqüències altes ( $52\% \pm 20\%$ )**.

Pel que fa a les Variants en seguiment (VuM), **s'han detectat els llinatges CH.1.1 i BN.1**. El llinatge CH.1.1 es detecta a 6 EDARS repartides per Barcelona, Girona i Lleida a freqüències baixes ( $19\% \pm 13\%$ ) mentre que el llinatge BN.1 es detecta a 2 EDARs (Manlleu i Lleida 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.

---

<sup>2</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 de preocupació (VoC), variants d'interès (VoI) i variants en seguiment (VuM) designades pel ECDC.

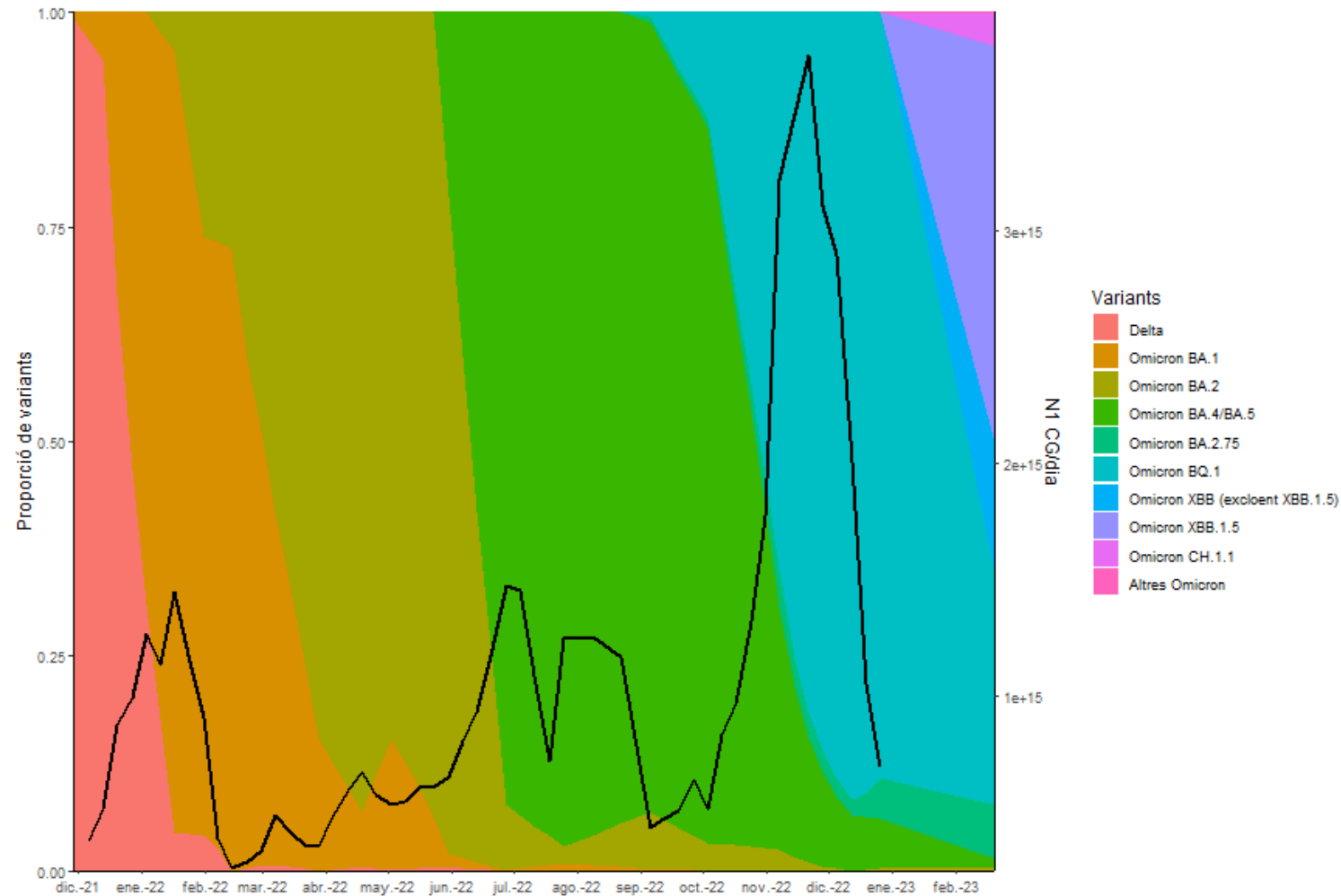
Variants	Run	Setmana #08-2023 (20/02)																															
	Edars	DBSS	DGVC	DIGU	DMAN	DMAS	DMAT	DMIR	DMRT	DSFL	DSRS	DTRS	DVDP	DVIC	DVLG	DBLN	DFIG	DPAM	DPUI	DFON	DILLE	DMOF	DPSU	DSOL	DTRG	DTRP	DAMP	DGAN	DMOB	DRUS	DTAR	DTOT	
	Província	Barcelona														Girona				Lleida						Tarragona							
Variants of Concern (VOC)																																	
BA.2		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,02	0	0,01	0	0,08	0	0	0	0	
BA.4		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	
BA.5		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,21	0	0	0	0	0	0	0,04	0,06	0	0	
Variants of Interest (VOI)																																	
BA.2.75		0	0,08	0,02	0,16	0	0	0	0	0	0	0,14	0	0	0	0	0	0,09	0	0	0,09	0,33	0	0	0	0	0	0,43	0	0	0	0,51	0
BQ.1		0,15	0	0	0,19	0,55	0	0	0,31	0,17	0	0	0	0,49	0,33	0	0,89	0	0	0,02	0,24	0,18	0,98	0,97	0	0,98	0	0,2	0,39	0,11	0	0,86	
XBB		0,74	0,88	0,62	0,14	0,36	0,91	0,91	0,61	0,83	0,95	0,61	0,9	0,5	0,66	0,99	0	0,78	0,9	0,89	0,53	0,44	0	0	0,88	0	0,73	0,72	0,46	0,66	0,71	0	
XBB.1.5		0,69	0,78	0,27	0,12	0,35	0,71	0,54	0,5	0,63	0,88	0,46	0,76	0,42	0,6	0,94	0	0,74	0,68	0,77	0,36	0	0	0	0,76	0	0	0,53	0,43	0,49	0,35	0	
Variants under monitoring																																	
BA.2.3.20		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	
BF.7		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	
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	
BN.1		0	0	0	0,03	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,02	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
CH.1.1		0,07	0	0,34	0,39	0	0	0	0	0	0	0,18	0	0	0	0	0	0,09	0	0	0,04	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	

0.00

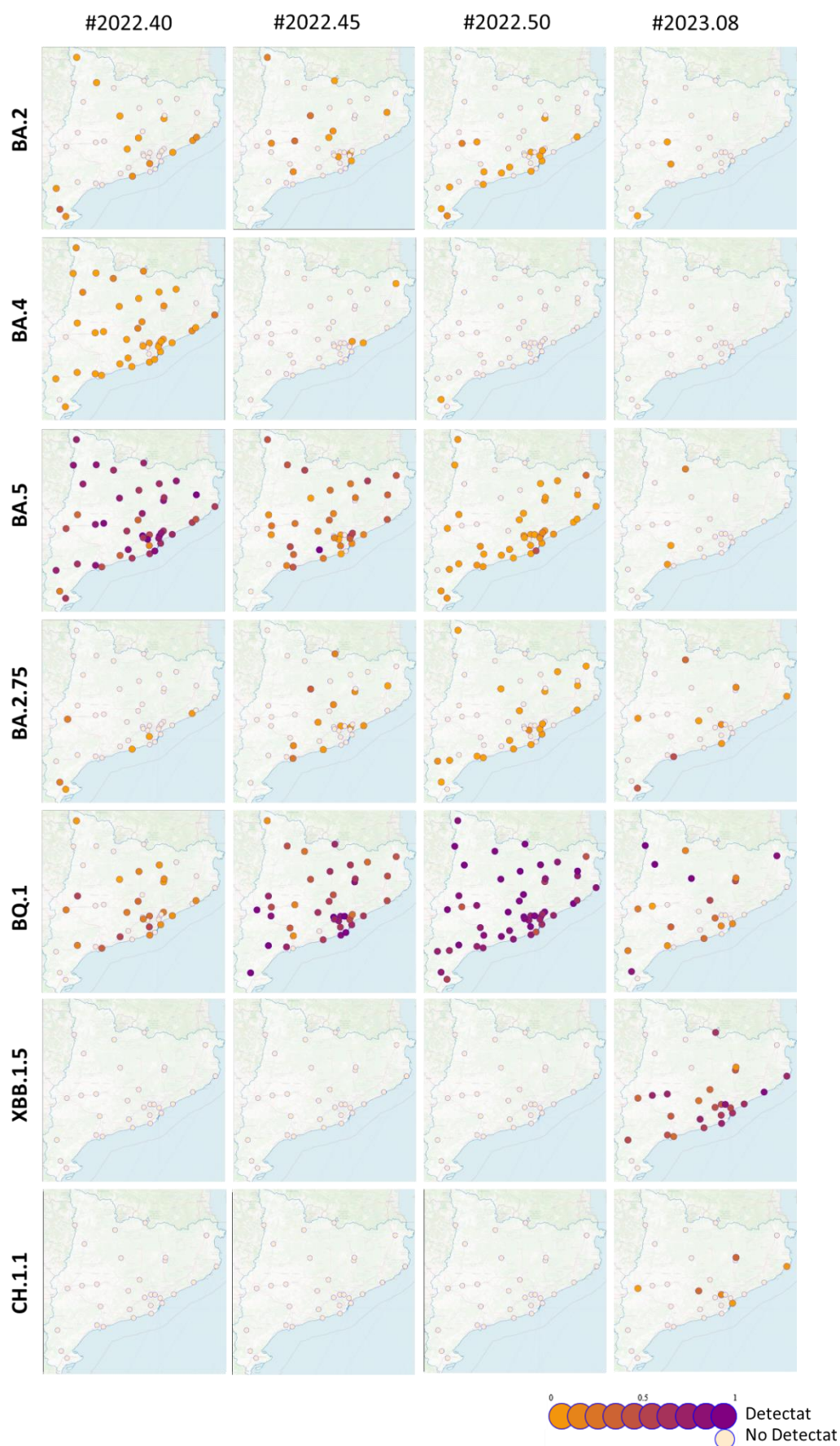
Llegenda abundància

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.



**Figura 1** | Evolució de les variants Delta i els diferents llinatges d'Òmicron. 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).



**Figura 2** | Resultats de l'estudi espacial dels subllinatges d'Òmicron entre les setmanes #2022.40 i #2023.08. 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 20-26/02 de 2023 (2023.08ª setmana)

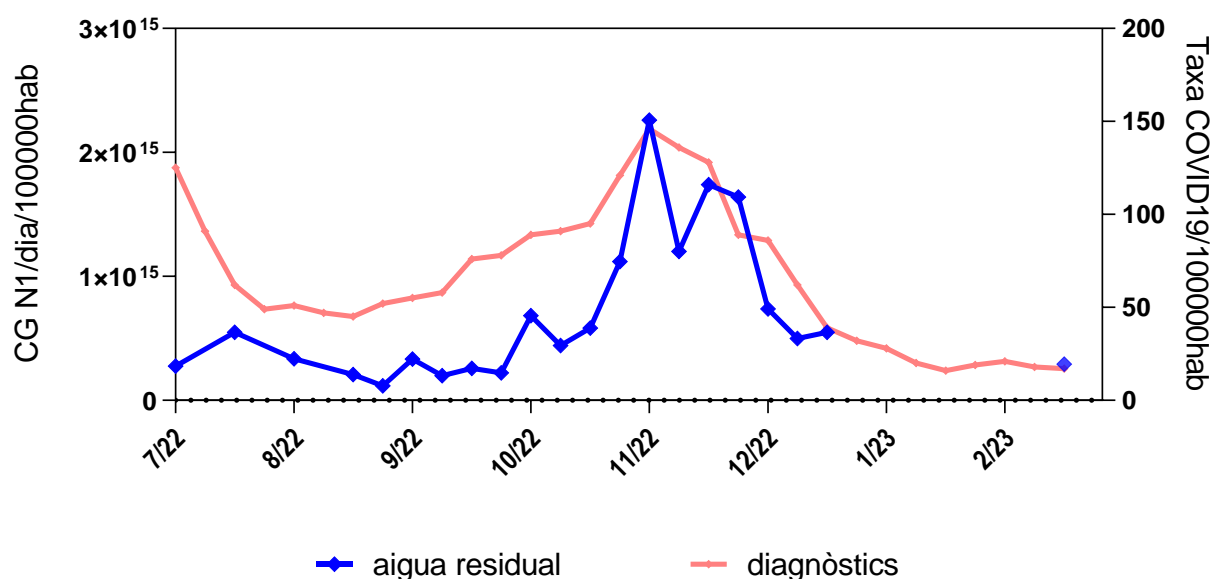
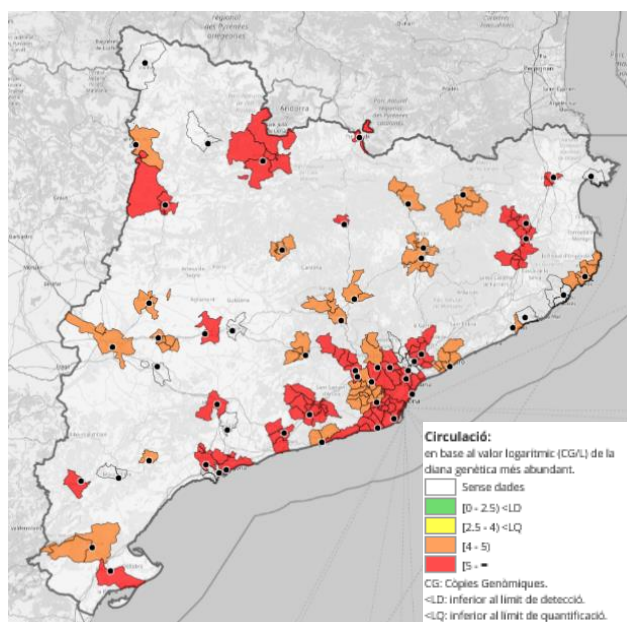


Figura 3 | Dades de càrrega viral agregades de totes les EDARs a nivell de Catalunya, normalitzades per 100000 habitants. \*Font de dades: Sistema d'Informació per a la Vigilància d'Infeccions a Catalunya (SIVIC)



Circulació	Nº EDARs	%
Alta	25	56
Intermèdia	20	44
Baixa	0	0
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 SARS-CoV-2 per les diferents dianes analitzades i les categories establertes 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	2,10E+06		1,00E+05	
	Berga	7,13E+05		3,06E+04	
	Besòs	1,36E+05	7,47E+04		
	Granollers	8,74E+05		1,16E+05	
	Gavà/Viladecans	1,13E+05	1,22E+05		
	Igualada	3,30E+04	1,50E+04		
	Manlleu	5,69E+04	1,33E+04		
	Manresa	6,60E+04	5,31E+04		
	Mataró	5,65E+04	3,94E+04		
	Montornés del Vallés	8,94E+05		6,92E+04	
	Montcada i Reixac	1,21E+06		7,31E+04	
	Martorell	8,98E+05		1,39E+05	
	Prat del Llobregat	1,41E+06		1,27E+05	
	Rubí	7,18E+05		1,70E+04	
	Sant Feliu del Llobregat	7,38E+04	2,65E+04		
	Sallent	1,10E+04	6,26E+03		
	Sabadell Riu Sec	2,32E+06		1,34E+05	
	Terrassa	5,39E+04	3,53E+04		
	Vilafranca del Penedès	3,20E+06		1,17E+05	
	Vic	1,57E+04	5,96E+03		
	Vilanova i la Geltrú	4,59E+04	5,23E+04		
Girona	Banyoles	7,91E+05		3,00E+04	
	Blanes	5,00E+04	2,96E+04		
	Figueres	5,74E+05		2,67E+03	
	Girona	8,85E+05		3,91E+04	
	Olot	2,99E+04	1,49E+04		
	Palamós	3,29E+04	2,29E+04		
	Puigcerdà	7,80E+05		3,25E+03	
	Ripoll	2,03E+04	1,05E+04		
Lleida	Balaguer	3,09E+04	3,05E+04		
	Fondarella	3,16E+04	1,24E+04		
	Lleida	3,55E+04	5,45E+04		
	Montferrer	2,96E+05	4,27E+05		
	Pont de Suert	2,91E+04	2,67E+04		
	Solsona	3,20E+04	5,64E+04		
	Tarrega	1,03E+05	1,18E+05		
	Tremp	2,08E+05	3,45E+05		
Tarragona	Amposta	8,08E+04	1,39E+05		
	Falset	3,00E+04	2,64E+04		
	Gandesa	1,91E+05	2,27E+05		
	Montblanc	1,07E+05	1,04E+05		
	Reus	1,94E+05	2,03E+05		
	Tarragona	1,30E+05	1,73E+05		
	Tortosa-Roquetes	8,47E+04	8,32E+04		
	Riera la Bisbal	9,26E+05		3,46E+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.