

SARSAIGUA-2023

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

Setmana 2023.28 (10/07/23)

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

Setmana 10/07/2023 (2023.28)

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) **en el 45% de les EDAR en seguiment** (22/55) i es mouen en **valors intermedis** (10^4 – 10^5 CG/L) **en el 40% de les EDAR** (20/55). En les 8 EDARs restants (15%) les concentracions són baixes ($< 10^4$ CG/L)

Circulació	Nº EDARs	%
Alta	22	45
Intermèdia	20	40
Baixa	8	15
No Circula	0	0

Les concentracions de SARS-COV-2 mesurades a l'aigua residual a les 55 EDAR en seguiment durant la setmana en curs (2023.28) són altes en el 45% de les EDARs (22/55), intermèdies al 40% (20/55) i baixes a 8 EDARs (15%)¹. L'evolució temporal de les concentracions mitjanes de SARS-CoV-2 mesurades a l'aigua residual per tot Catalunya mostra una baixada, desviant-se de la dinàmica a l'alça de la Taxa COVI19 estimada a partir de les dades del SIVIC (**Figura 1**).

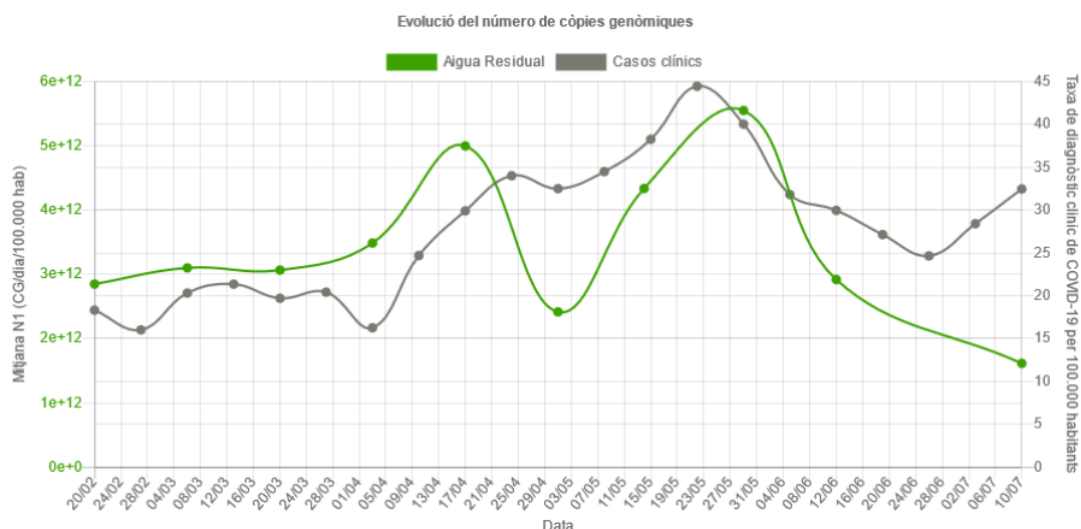


Figura 1 | Comparació entre la mitjana geomètrica de càrrega viral (normalitzada per 100.000 habitants) de totes les EDARs analitzades de Catalunya (línia verda) i la taxa COVID19 (normalitzada també per 100.000 habitants) obtinguda a partir de Sistema d'Informació per a la Vigilància d'Infeccions a 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 10/07/2023 (2023.28)

A destacar

Seqüenciació

La **seqüenciació completa del gen S** s'ha realitzat en 47 mostres de la setmana 2023.28. 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 13 de juliol 2023).

Variants d'interès (Vol)

- **Òmicron BA.2.75:** no es detecta a cap de les EDARs en seguiment
- **Òmicron BQ.1:** no es detecta a cap de les EDARs en seguiment
- **Òmicron XBB:** es detecta a les 47 EDARs en freqüències altes (97,8%±2%)
 - **Òmicron XBB.1.5:** es detecta a 45/47 EDARs en freqüències altes (40,6%±33%)

Variants en seguiment (VuM)

- **Òmicron CH.1.1:** no es detecta a cap de les EDARs en seguiment
- **Òmicron XBB.1.16:** es detecta a 25/47 EDARs en freqüències baixes (15,5%±14%)
- **Òmicron FE.1:** es detecta a 9/47 EDARs en freqüències baixes (5,7%±4%)
- **Òmicron XBB.1.9:** es detecta a 27/47 EDARs en freqüències intermèdies (26,2%±18%)

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 13 de juliol 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, el recombinant XBB.1.16 i el llinatge FE.1 (un subllinatge de XBB.1.9).

En les mostres de la **setmana 2023.28**, pel que fa a les variants d'interès (VOI), la BA.2.75 i BQ.1 no es detecten a cap de les EDARs en seguiment. En canvi, **els llinatges de XBB són dominants arreu**, trobant-se a totes les EDARs analitzades en freqüències molt altes ($97,8\% \pm 2\%$). Dins el llinatge XBB, el subllinatge **XBB.1.5 continua sent el majoritari**, detectant-se a 45/47 EDARs en freqüències altes ($40,6\% \pm 33\%$).

Pel que fa a les Variants en seguiment (VUM), detectem **el llinatge XBB.1.16** a 25 EDARs a freqüències baixes ($15,5\% \pm 14\%$), el subllinatge **XBB.1.9** (categoritzat com a variant de seguiment per la WHO)⁴ es detecta a 27 EDARs en freqüències intermèdies ($26,2\% \pm 18\%$) i el recent designat llinatge **FE.1** es detecta a 9 EDARs en freqüències baixes ($5,7\% \pm 4\%$).

Finalment, mencionem també que el **llinatge XBB.2.3**, inclòs per la WHO com a Variant en seguiment (VuM)⁴, es detecta aquesta setmana a 10 EDARs en freqüències baixes ($4,8\% \pm 3\%$).

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 #28.2023 (10/07)																																																	
	Edars	DABR	DBER	DBSS	DGRA	DGVC	DIGU	DLLL	DMAN	DMA5	DMAT	DMDV	DMIR	DMRT	DPDL	DRUB	DSFL	DSLL	DSRS	DTRS	DVDP	DVIC	DVLG	DBAY	DBLN	DCPA	DFIG	DGIR	DIDM	DOLO	DPAM	DPUI	DRIP	DBAL	DFON	DLE	DPJU	DSOL	DSOR	DTRG	DVIE	DAMP	DMOB	DTAR	DTOT	DVAL	DVEN	DVLC			
	Provincia	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	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		
BQ.1		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	0	0	0	0	0	
XBB		0,96	0,97	1	0,97	1	1	0,97	1	0,99	1	0,96	0,93	0,98	0,98	0,98	0,97	1	0,98	1	0,96	1	1	0,98	1	1	0,96	0,9	1	1	1	0,97	1	0,97	0,98	0,96	0,96	0,98	0,98	0,96	0,98	0,98	0,99	0,96	0,96	0,98	0,98	0,97	0,98	0,97	
XBB.1.5		0,41	0,32	0,48	0,25	0,23	0,75	0,22	1	0,99	0,96	0,31	0,19	0,16	0,22	0,16	0,97	1	0,11	0,95	0,14	0,99	0,9	0,48	1	0,99	0,17	0,21	1	1	0,99	0,11	0,69	0,35	0,49	0,46	0,2	0,07	0,36	0,26	0,45	0	0	0,34	0,66	0,79	0,42	0,22	0,22		
Variants under monitoring (VUM)																																																			
CH.1.1		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	0	0	0	0	0	
XBB.1.16		0,22	0,14	0	0,13	0	0	0,15	0	0	0	0,06	0,08	0,17	0,27	0,14	0	0	0,25	0	0,42	0	0	0	0	0	0,27	0,13	0	0	0	0	0,35	0	0	0,49	0,02	0	0,21	0,53	0,01	0,36	0,31	0,33	0	0	0,09	0,02	0,34	0,34	
FE.1		0,09	0	0	0	0	0	0,11	0	0	0	0,02	0	0,05	0,07	0	0	0	0	0	0,04	0	0	0,14	0	0	0	0,04	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,04	0	0	0	0
XBB.1.9		0,19	0,42	0	0,31	0	0	0,44	0	0	0	0,39	0,28	0,34	0,2	0	0	0	0,2	0	0,17	0	0	0,11	0	0	0,16	0,19	0	0	0	0,38	0	0,15	0	0,29	0,71	0,62	0,05	0,62	0,14	0,6	0	0,57	0,19	0,11	0,26	0,35			
XBB.2.3		0	0	0	0,1	0	0	0	0	0	0	0,07	0	0,04	0,06	0,07	0	0	0,09	0	0,05	0	0	0	0	0	0,02	0,03	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,02	0	0

0.00 1.00 L legenda 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.

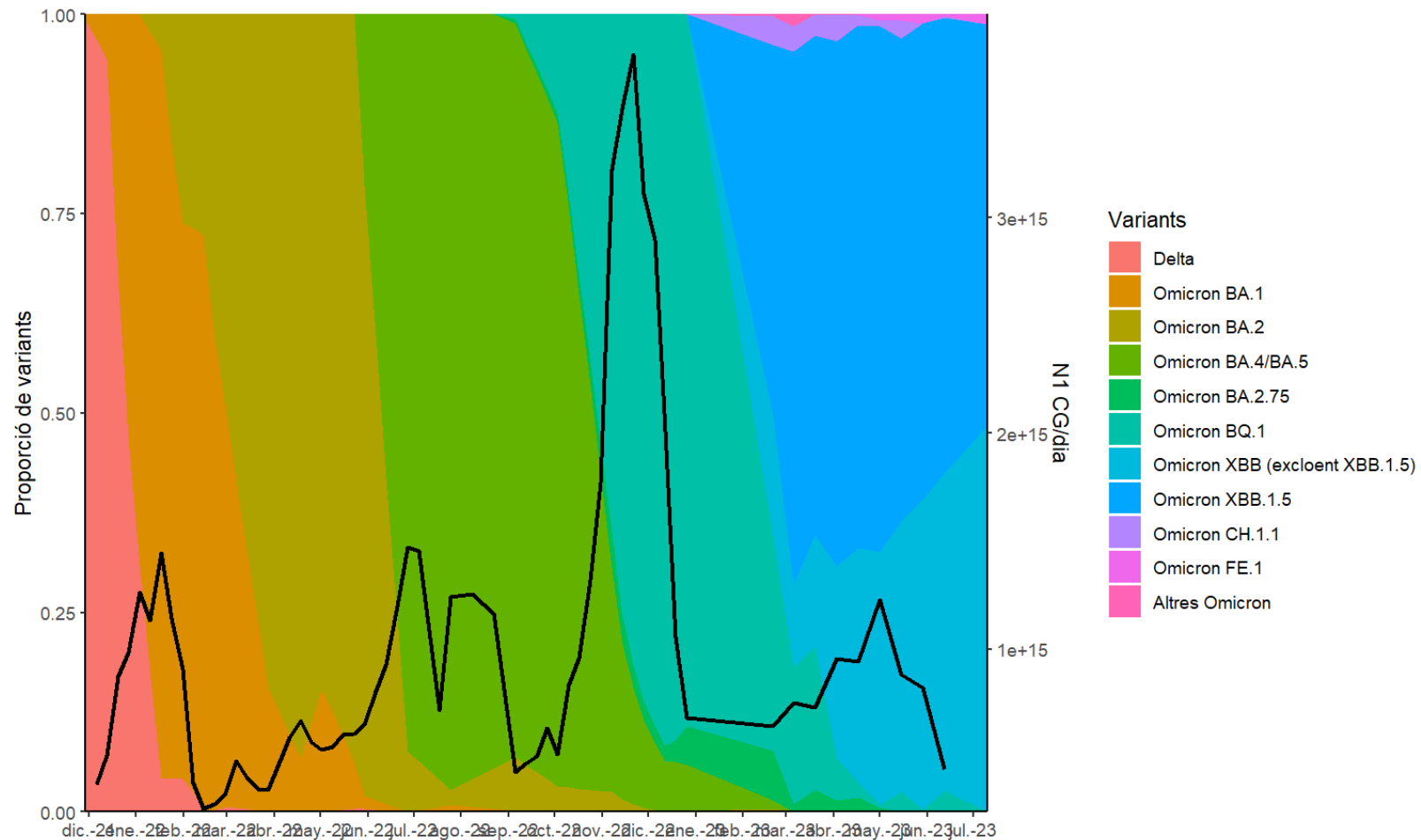


Figura 3 | Resultats de l'estudi espacial dels subllinatges d'Òmicron entre les setmanes #2023.14 i #2023.28. Als mapes es mostren les freqüències per llinatge associat a cada EDAR analitzada. Les mostres on s'ha detectat un llinatge determinat mostra un color en funció a la seva freqüència.



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

Setmana 10/07 de 2023 (2023.28ª setmana)

Taula | Concentració de les diferents dianes analitzades la setmana 2023.28 (10/07/2023) 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	3,74E+05		6,75E+04	
	Berga	5,68E+05		2,19E+05	
	Besós	7,70E+04	3,24E+04		
	Granollers	5,87E+05		2,04E+05	
	Gavà/Viladecans	3,40E+04	6,16E+04		
	Igualada	4,83E+04	5,83E+03		
	La Llagosta	2,57E+05		8,64E+04	
	Manlleu	5,03E+04	7,41E+04		
	Manresa	4,60E+04	4,53E+04		
	Mataró	1,70E+05	2,03E+05		
	Montornés del Vallés	1,70E+06		8,22E+05	
	Montcada i Reixac	4,72E+05		1,86E+05	
	Martorell	7,86E+05		9,61E+04	
	Prat del Llobregat	5,77E+05		3,20E+05	
	Rubí	8,72E+05		1,14E+05	
	Sant Feliu del Llobregat	1,08E+05	1,99E+05		
	Sallent	3,60E+04	5,02E+04		
	Sabadell Riu Sec	6,91E+05		6,22E+04	
	Terrassa	2,52E+04	1,19E+05		
	Vilafranca del Penedès	1,31E+06		4,65E+05	
	Vic	6,74E+04	1,24E+04		
	Vilanova i la Geltrú	3,46E+04	1,48E+05		
Girona	Banyoles	2,90E+05		5,67E+04	
	Blanes	1,37E+04	2,84E+04		
	Castell-Platja d'Aro	1,11E+05	2,04E+05		
	Figueres	6,66E+05		1,43E+04	
	Girona	4,77E+05		3,22E+05	
	Lloret de Mar	1,27E+05	3,26E+05		
	Olot	1,10E+04	2,75E+04		
	Palamos	1,40E+04	1,44E+04		
	Puigcerdà	4,00E+05		2,47E+04	
	Ripoll	8,43E+04	2,19E+05		
	Roses	1,55E+05		1,31E+04	
Lleida	Balaguer	2,32E+04	1,98E+04		
	Borges Blanques	8,61E+03	4,78E+03		
	Cervera	3,34E+04	1,99E+04		
	Fondarella	1,13E+04	1,47E+04		
	Lleida	2,38E+04	1,54E+04		
	Montferrer	5,62E+02	6,49E+02		
	Pont de Suert	1,49E+05	8,89E+04		
	Solsona	2,95E+04	2,00E+04		
	Sort	5,38E+04	1,62E+04		
	Tarrega	1,52E+04	1,75E+04		
	Tremp	4,18E+03	6,25E+02		
	Vielha	1,62E+04	7,39E+03		
Tarragona	Amposta	5,28E+03	2,74E+03		
	Gandesa	2,95E+03	2,97E+03		
	Mora d'Ebre	2,77E+04	1,54E+04		
	Montblanc	3,29E+03	4,25E+02		
	Reus	6,73E+03	3,10E+03		
	Tarragona	3,42E+04	2,45E+04		
	Tortosa	5,66E+03	5,57E+03		
	Valls	7,74E+04	5,32E+04		
	Vendrell	9,78E+05		1,21E+05	
	Vilaseca-Salou	2,75E+04	3,68E+03		

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.