

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

Setmanes 2022.05 (31/01/22) i 2022.06 (07/02/22)

A destacar

1) Cribratge qPCR Òmicron

Totes les mostres d'aquestes dues setmanes s'han analitzat per la **inserció214 o G339D** (mutacions exclusives –**signatura**– de la variant Òmicron). D'acord amb els resultats tenim:

- La detecció de la mutació *ins214 o G339D* és positiva a totes les mostres analitzades des de la setmana 2021.52 fins la setmana 2022.06 (100%, 45 EDARs).
- En una aproximació semi-quantitativa, s'observa que les mutacions ins214/G339D són majoritàries en el 89% de les mostres de la setmana 2022.05 (40/45 EDARs) i en el 96% de les mostres de la setmana 2022.06 (43/45 EDARs)

2) Seqüenciació

La **seqüenciació completa del gen S** s'ha realitzat en les mostres de 42 EDAR de la setmana 2022.05. A partir de les **mutacions d'interès exclusives** per una variant determinada (*Mutation of Interest*, MoI), podem estimar la presència de les diferents variants d'interès/preocupació¹.

- **Òmicron (B.1.1.529):** Els resultats indiquen la presència d'alguna de les mutacions exclusives **d'Òmicron** en el 98% de les EDAR (41/42). La freqüència relativa mitjana de les mutacions exclusives d'Òmicron detectades per seqüenciació és del 63%±17% en les mostres de la setmana 2022.05.
 - **Òmicron BA.1.1:** es detecten mutacions associades a aquest llinatge en el 76% de les EDARS (32/41)
 - **Òmicron BA.2:** es detecten mutacions exclusives d'aquest llinatge en el 62% de les EDARs (26/41).
- **Delta (B.1.617.2):** Els resultats de la setmana 2022.05 indiquen la presència d'alguna de les mutacions exclusives de **Delta** en 4 de les 41 mostres analitzades (10%) amb freqüències mitjanes del 40%±32%.

L'anàlisi de variants en mostres d'aigua residual de la Xarxa identifica marques genètiques associades a variants de preocupació i/o interès (VOCs/VOIs de les seves sigles en angles).

El 26 de novembre 2021, el Grup Assessor Tècnic de l'Organització Mundial de la Salut (OMS) sobre l'evolució del SARS-CoV-2 va classificar una nova variant de preocupació anomenada Òmicron (B.1.1.529) basant-se en la presència de mutacions associades amb una major transmissibilitat, virulència i l'escapament immune i la disminució de l'eficàcia de les mesures de salut pública per a variants anteriors ².

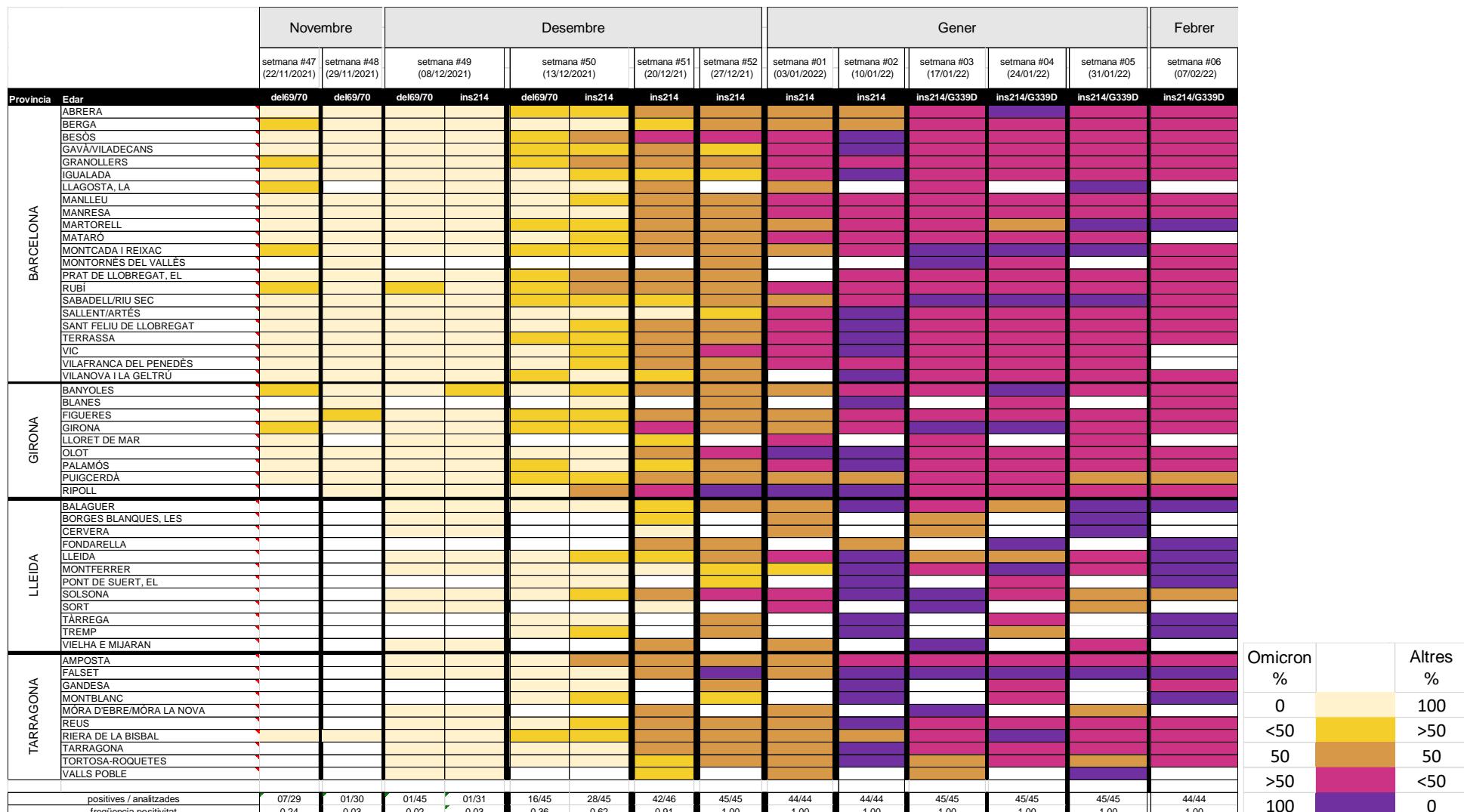
Degut a l'interès en seguir la disseminació potencial de la variant Òmicron al territori català, aquestes setmanes hem seguit amb l'estudi de variants en l'aigua residual iniciat la setmana 2021.47 amb dues aproximacions metodològiques: *i)* la seqüenciació massiva del gen *S* a totes les mostres de la Xarxa amb una freqüència quinzenal, i *ii)* el cribratge setmanal per RT-qPCR de mutacions compatibles o exclusives d'Òmicron.

Segons els resultats del cribratge per RT-qPCR de les mutacions ins214/G339D ambdues exclusives d'Òmicron, el percentatge de positivitat en les mostres s'ha incrementat progressivament des d'un 3% (setmana 2021.49), a un 62% (2021.50), un 91% (2021.51) i al 100% (2021.52). Aquest percentatge s'ha mantingut al 100% en les setmanes posteriors (2022.01 a 2022.06, **Taula 1**)

La RT-qPCR ens permet també avaluar quan el senyal de la mutació exclusiva d'Òmicron es detecta en una proporció majoritària respecte el senyal de la regió no mutada (resta de variants) per a cada mostra. La setmana 2021.51 trobem un senyal majoritària d'Òmicron en 3 de les 46 EDAR (7%) que s'incrementa progressivament les setmanes 2021.52, 2022.01, 2022.02, 2022.03, 2022.04, 2022.05 i 2022.06 en 13%, 45%, 89%, 89%, 91%, 89% i 96% respectivament.

¹ <https://covariants.org/shared-mutations>

² [https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-\(b.1.1.529\)-sars-cov-2-variant-of-concern](https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-(b.1.1.529)-sars-cov-2-variant-of-concern)

Taula 1 | Resultats de variants a les mostres de SARSAIGUA les setmanes #47-52 de 2021 i #01-06 de 2022. En blanc = No analitzat.³

³ Per als assajos de RT-qPCR (del69/70, ins214 i G339D) s'estableix la proporció segons nombre de cicles quantificats per la mutació exclusiva d'Òmicron en relació amb la no mutació. Si la diferència és major a 3 cicles, es considera que una preval sobre l'altra. Si només hi ha detecció de la mutació exclusiva d'Òmicron, es considera que aquesta és l'única variant circulant

D'altra banda, els resultats de la seqüenciació també evidencien un increment progressiu en la prevalença d'Òmicron a totes les EDARs entre les setmanes 2021.47 i 2022.05.

Les primeres evidències de la presència d'Òmicron en aigües residuals foren en les setmanes 47 i 48 de 2021 amb 7 mostres de les 39 analitzades (18%), incrementant-se aquest percentatge fins un 69,2% la setmana del 2021.51, a un 98% la setmana 2022.01, a un 100% la setmana 2022.03 i a un 98% la setmana del 2022.05.

A més, l'anàlisi dels resultats de seqüenciació permet quantificar la freqüència relativa de cada mutació analitzada i a partir d'aquests valors estimar el percentatge que tenim d'una variant concreta calculant la mitjana de les freqüències relatives de totes les mutacions exclusives detectades per una variant determinada. Els resultats d'aquests càlculs es mostren a la **Taula 2**, on s'indica entre parèntesis el nombre de mutacions exclusives detectades a partir de les quals s'ha calculat la mitjana de freqüències.

Pel que fa a les freqüències relatives mitjanes de mutacions associades a la variant Òmicron veiem un progressiu increment que indica una abundància creixent. En les EDARs positives de la setmana del 2021.50 les freqüències relatives mitjanes estaven al voltant del 20%, incrementant-se al 48% en les mostres de la setmana 2022.01, al 65% en les mostres de la setmana 2022.03 i estabilitzant-se en un $63\%\pm17\%$ la setmana 2022.05.

D'altra banda, també s'han analitzat retrospectivament els paquets de seqüències generats fins ara per rastrejar la presència dels llinatges **BA.1**, **BA.1.1** i **BA.2** d'Òmicron (**Taula 3**). La detecció de mutacions específiques d'aquests llinatges la setmana del 2022.05 ha resultat positiva en totes les mostres per BA.1, en 32 mostres per BA.1.1 (76%) i en 26 mostres per BA.2 (62%). Aquests resultats posen de manifest que els llinatges BA.1.1 i BA.2 han anat augmentant la seva prevalença des de la setmana 2022.03, on els percentatges foren del 32 i 7%, respectivament.

A més, en les mostres corresponents a les setmanes 2021.47-48, 2021.50, 2022.03 i 2022.05 s'han detectat també mutacions associades a:

- Variant **Delta** (B.1.617.2). Les setmanes 2021.47 i 2021.48 aquesta variant es va detectar al 100% de les mostres amb freqüències relatives mitjanes properes al 80%. La setmana 2021.50 la seva detecció fou del 97%, amb freqüències al voltant del 70%. La setmana 2022.01 la detecció es va reduir fins al 57% amb freqüències al voltant del 30%. La setmana del 2022.03 la seva detecció va ser només en un 15% de les EDARS amb freqüències al voltant del 20%. A la setmana 2022.05 (darrera analitzada) la seva detecció ha estat en un 10% de les EDAR, però amb freqüències molt dispers (mitjana: $40\%\pm32\%$).
- De la resta de VOCs/Vols estudiades s'ha identificat puntualment una mutació associada a la variant **Eta** (Q677H) en 3 EDARs de la província de Barcelona (setmanes 2021.48 i 2021.50) i una mutació associada a la variant **Iota** (D253G) les setmanes del 2022.01 i del 2022.03 a dues EDAR de la província de Barcelona.

Taula 2 | Resultats de seqüenciació del gen Spike per la identificació de mutacions exclusives i l'estudi de la seva freqüència relativa. Mostres de les setmanes 2021.47 i 2022.05. A la taula es mostren el nombre de mutacions identificades agrupades per cada variant associada i la mitjana de freqüència relativa calculades si es detecten més de 3 mutacions exclusives. A la taula superior es mostren els resultats de la setmana 2022.05 i a la taula inferior es mostra tota la sèrie des de la setmana 2021.47.



Taula 3 | Resultats de l'estudi de llinatges Òmicron BA.1, BA.1.1, BA.2. A la taula es mostren les mutacions exclusives agregades per llinatge associat i les seves freqüències relatives. L'asterisc indica que la posició del genoma ha estat analitzada a partir de menys de 500 lectures (no óptim).

		Setmana #05-2022 (31/01)																																										
		Barcelona														Girona														Lleida														
DVLG	DVIC	DVOP	DTRS	DSRS	DSLL	DSFL	DRUB	DPOL	DMRT	DMIR	DMAS	DMAN	DLL	DIGU	DGVC	DGRA	DBSS	DBER	DABR	DPUI	DPAM	DOL	DGR	DFIG	DBAY	DSOR	DVIE	DSOL	DWOF	DLE	DCER	DBBL	DBAL	DVIEN	DVAL	DTOT	DTAR	DRUS	DMLN	DFAL	DAMP			
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	-215E				
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	-216P					
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	-217E					
0	0	0	0.35	0	0.16	0.38	0*	0*	0*	0*	0*	0*	0.42	0.19	0*	0.62	0.15	0	0.32	0*	0	0	0.10	0.15	0	0	0	0.20	0.23	0.18	0.35	0*	0	0	0.16	0.17	0*	0.18	0*	S371L				
0.91	0.83	0*	0.92	0	0.85	0.92	0*	0*	0*	0*	0*	0*	0.88	0.82	0*	0.90	0.80	0*	0.81	0*	0	0.93	0.81	0.81*	0*	0	0.63	0.48	0.42	0	0.21	0.73	0.33	0	0*	0.33	0	0.50	0.59	0	0.36	0.25	G496S	BA.1
0.80	0.88	0.69	0.92	0.70	0.92	0.64	1.00	0.57*	0.88	0.89	0.67	0.73	0	0.83	0.90	0	0.15	1.00	0.66	0.64	0.88	0.90	0.82	0.88	0.75	0.18	0.27	0.08	0.71	0.51	0.30	0.49	0.47	0.71	0.68	0	0.08	0	0.51	0.44	T547K			
0.89	0.89	0.93	0.94	0.78	0.86	0.91	0.98	0.91*	0.31	0.94	0.82	0.79	0.83*	0.92	0.89	0.87*	0.83	0.98	0.85	0.42	0.81	0.96	0.87	0.81	0.97	0.81	0.77	0.85	0.70	0.70	0.84	0.65	0	0.82	0.76	0.21	0.74	0.69	N856K					
0.87	0.91	0.67	0.87	0.78	0.91	0.85	0.91	0.81	0.90	0.80	0.82	0.89	0.67*	0.90	0.87	0.67*	0.82	0.92	0.63	0.70	0.91	0.78	0.88	0.80*	0.67	0.74	0.73	0.74	0.81	0.80*	0.71	0	0.79*	0.68*	0	0.70	0.71	L981F						
0	0	0	0	0.25	0.34	0.13	0.24	0.25	0.96	0.36	0.48	0.35	0.11	0.98	0.20	0.07	0	0.20	0.67	0.24	0.05	0.06	0.14	0.36	0.36	0.31	0.27	0	0.15	0	0.11	0.25	0.11	0.12	0.34	0.09	0	0.15	0.22	0	0	0	R346K	BA.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	T19I					
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	L24-					
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	P25-					
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	P26-					
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	A27S					
0	0*	0.98	0.67*	0.70	0	0.86	0.85*	0*	0	0.67*	0.63*	0*	0.56	0.95	0*	0.96	0*	0*	0.56	0*	0.59*	0*	0.47*	0*	0.66	0.51	0	0.86	0	0	0	0	0.54*	0	0	0	0	0	0	V2136				
0	0	0.94	0.23	0.55	0	0	0*	0*	0*	0.16	0.43	0.22*	0.17	0.35	0	0.53	0*	0.96	0.78	0	0.27	0*	0.59*	0.37	0.28	0.15	0	0.61	0	0	0	0.60*	0.15	0	0.28	0.39	0	0	0	R4085				
0	0	0.95	0.28	0.62	0	0	0*	0*	0*	0.21	0.50	0.23*	0.21	0.42	0	0.58	0*	0.98	0.82	0	0.32	0*	0.66*	0.44	0.38	0.20	0	0.73	0	0	0.15	0	0.64*	0.20	0	0.38	0.50	0	0.15	0.18	T376A			