

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

Setmana 2022.13 (28/03/22)

A destacar

Seqüenciació

La seqüenciació completa del gen S s'ha realitzat en 38 mostres de la setmana 2022.13. A partir de les **mutacions d'interès exclusives** per a cada variant (*Mutation of Interest*, Mol), s'ha estimat la presència de les variants d'interès/preocupació¹.

- **Òmicron (B.1.1.529)**: Els resultats indiquen la presència d'alguna de les mutacions exclusives d'**Òmicron** en el 100% de les EDAR (38/38). La freqüència relativa mitjana de les mutacions exclusives d'Òmicron detectades per seqüenciació és del 87%±6% en les mostres de la setmana 2022.13, mostrant un increment significatiu respecte la de les setmanes anteriors 2022.09 i 2022.11 (del 76%±6% i del 80%±7%, respectivament).
 - **Òmicron BA.1.1**: es detecta una mutació associada a aquest llinatge en el 55% de les EDARS (21/38)
 - **Òmicron BA.2**: es detecten mutacions exclusives d'aquest llinatge en el 100% de les EDARS (38/38).
- **Delta (B.1.617.2)**: Els resultats de la setmana 2022.13 indiquen l'absència de mutacions exclusives de **Delta**.

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 anglès).

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.

El cribratge per RT-qPCR de les mutacions ins214/G339D (ambdues exclusives d'Òmicron) es va realitzar entre les setmanes 2021.49 i 2022.08, sent interromput posteriorment degut a la prevalença consolidada d'Òmicron a totes les EDARs. Els resultats de tota la sèrie es poden consultar a l'informe de la setmana 2022.07³.

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 2022.13.

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, a un 98% la setmana del 2022.05 i a un 100% les setmanes posteriors (de 2022.07 fins 2022.13).

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 1**, on s'indica el nombre de mutacions exclusives detectades (*exclusive detected*) a partir de les quals s'ha calculat la mitjana de freqüències (Mean Freq. (exclusive)).

Pel que fa a les freqüències relatives mitjanes de mutacions associades a la variant Òmicron veiem un increment progressiu que indica una prevalença creixent. A les EDARs

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)

³ https://salutpublica.gencat.cat/web/.content/minisite/aspcat/proteccio_salut/Aigues-residuals/Sarsaigua/Informes/Informe-de-Vigilancia-de-les-Variants-SARS-CoV-2-en-les-Aigues-Residuals-Catalunya.-Setmanes-07.2022.pdf

positives 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, estabilitzant-se en un $63\% \pm 17\%$ la setmana 2022.05 i incrementant a un $73\% \pm 18\%$ la setmana 2022.07, a un $75\% \pm 6\%$ la setmana 2022.09, a un $80\% \pm 7\%$ la setmana 2022.11 i a un $87\% \pm 6\%$ la setmana 2022.13.

Atès el creixent interès per traçar la introducció al territori dels diferents llinatges d'Òmicron (**BA.1**, **BA.1.1** i **BA.2**), s'han analitzat retrospectivament les seqüències generades fins ara per tal de rastrejar-los (**Taula 2**). La detecció de mutacions específiques d'aquests llinatges la setmana del 2022.13 ha resultat positiva en 23/38 de les mostres per BA.1, en 21/38 mostres per BA.1.1 (BA.1 i BA.1.1 no detectades a Berga, Montornès, Rubí, Vilafranca del Penedès, Balaguer, Cervera, Lleida, Pont de Suert, Tàrraga, Tremp, Amposta, Falset i Valls) i en 38/38 mostres per BA.2. Aquests resultats indiquen clarament **l'actual dominància del llinatge BA.2 a tot al territori**, i que ja es va reportar a totes les EDARs la setmana 2022.11.

És necessari aclarir aspectes tècnics sobre les recentment descrites **soques recombinants** d'Òmicron BA.1 i BA.2, anomenades **XE** i **XD**⁴. Val a dir que la metodologia utilitzada actualment per seqüenciar les mostres de la xarxa no ens permet discriminar entre el llinatge BA.2 i el llinatge recombinant XE, ni entre un BA.1 i un recombinant XD.

A més, en les mostres corresponents a les setmanes epidemiològiques compreses entre el 2021.47-48 i 2022.13, 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, només es va detectar en un 10% de les EDAR, però amb freqüències molt variables (mitjana: $40\% \pm 32\%$). A la setmana 2022.07 no es va detectar cap mostra positiva. A la setmana del 2022.09 es va detectar en 2 de les 40 EDARs, concretament a Manlleu i Vilanova i la Geltrú. A la setmana 2022.11 es va detectar en una EDAR de les 38 analitzades (Vic) amb una freqüència baixa (16%). I en la darrera setmana 2022.13 no s'ha detectat a cap EDAR analitzada.
- De la resta de VOCs/Vols estudiades, s'ha identificat puntualment una mutació associada a la variant **Eta** (Q677H) a 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.

0.00	Legenda abundância	1.00
------	--------------------	------

The Gantt chart displays the following tasks and their durations:

- Task 1 (Blue):** Duration 10, from 0 to 10.
- Task 2 (Green):** Duration 20, from 10 to 30.
- Task 3 (Red):** Duration 10, from 30 to 40.
- Task 4 (Yellow):** Duration 10, from 40 to 50.
- Task 5 (Purple):** Duration 10, from 50 to 60.
- Task 6 (Orange):** Duration 10, from 60 to 70.
- Task 7 (Light Blue):** Duration 10, from 70 to 80.
- Task 8 (Light Green):** Duration 10, from 80 to 90.
- Task 9 (Light Red):** Duration 10, from 90 to 100.

The chart also includes a legend for task types:

- Task 1 (Blue)
- Task 2 (Green)
- Task 3 (Red)
- Task 4 (Yellow)
- Task 5 (Purple)
- Task 6 (Orange)
- Task 7 (Light Blue)
- Task 8 (Light Green)
- Task 9 (Light Red)

0.00	Legenda abundância	1.0
------	--------------------	-----

Figure 1: Schematic representation of the 1000 Genomes Project. The figure shows a timeline from 2008 to 2015, with a central bar chart representing the number of samples (n) and a secondary bar chart representing the number of variants (m). The timeline is divided into two main phases: 'Phase 1' (2008-2012) and 'Phase 2' (2012-2015). The bar chart shows a significant increase in both n and m over time, with a peak in 2012. The secondary bar chart shows a similar trend, with a peak in 2012. The figure is labeled 'Figure 1: Schematic representation of the 1000 Genomes Project'.