

1. Resultats de la quantificació de SARS-CoV-2 en aigua residual

Setmana epidemiològica 30 de 2025 (2025.30ª setmana)

Taules de circulació

Circulació	Nº EDARs	%
Alta	20	83
Intermèdia	4	17
Baixa	0	0
No Circula	0	0

Observacions

- En data 21 de juliol, hi ha un clar increment de la càrrega viral de SARS-CoV-2 a nivell de tot Catalunya. El 83 % de les EDARs mostren una càrrega alta i el 17% restant càrrega intermèdia. Els valors de càrrega viral arriben als nivells de la tardor de 2023 quan va aparèixer la variant
- Les províncies de Barcelona i Tarragona són les que presenten major percentatge de EDARs amb càrrega alta, amb un 90% i 100%, respectivament. A Girona el 75% mostren una càrrega alta i el 25% intermèdia i a la província de Lleida el 60% mostren càrrega alta mentre el 40% restant intermèdia.

Figura 1. Mapa de circulació de marcadors virals, en base al valor logarítmic de la diana genètica més abundant (CG/L)

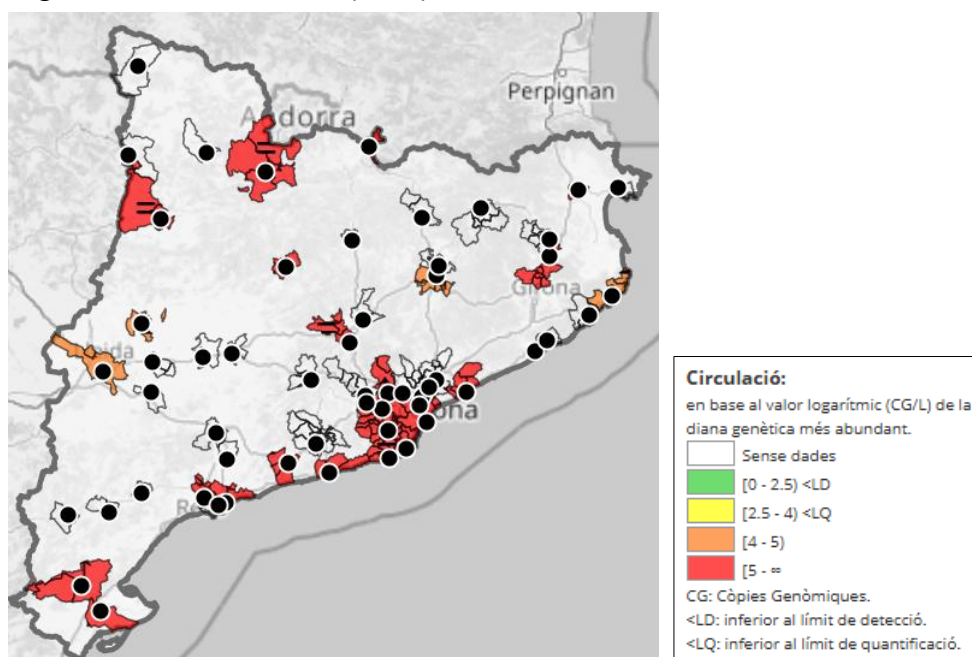
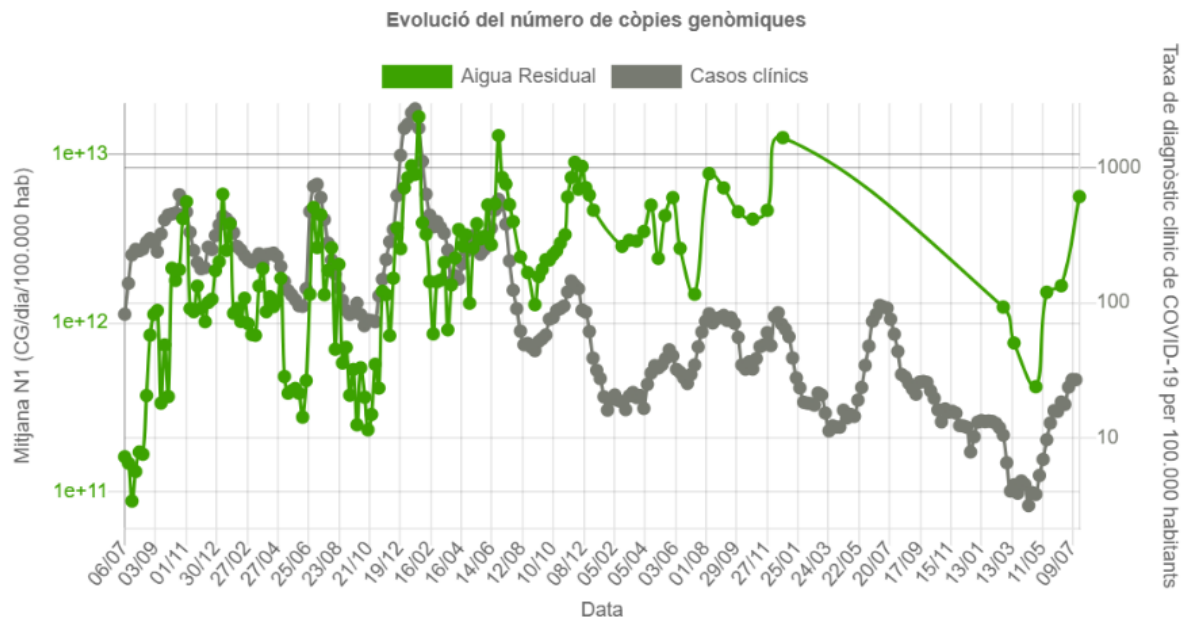


Figura 2. Evolució del número de còpies genòmiques en aigües residuals (línia verda) expressat en còpies genòmiques/dia per cada 100.000 habitants (eix esquerre) i evolució de la taxa de diagnòstic clínic de COVID-19 per cada 100.000 habitants (dades SIVIC), eix dret.



Taula 1 | Abundància dels gens analitzats mensualment des de febrer de 2025 (Còpies Genòmiques/ Litre d'aigua residual). S'indica també la classificació colorimètrica d'acord amb les categories establertes d'acord amb el número d'unitats logarítmiques de la concentració de la diana genètica més abundant (veure llegenda).

		Feb	Mar	Abr	Mai	Jun	Juliol(30ena setmana 2025)		
							gen diana (CG/L)		
BARCELONA	Codi mostra						N1	N2	IP4
Besòs	DBSS						2.76E+05	9.52E+04	
Gavà i Viladecans	DGVC						9.06E+05		2.25E+05
Manresa	DMAS						7.31E+05		2.96E+05
Mataró	DMAT						2.32E+05	1.13E+05	
Montcada i Reixac	DMIR						3.82E+06	6.61E+05	
Prat del Llobregat	DPDL						8.61E+05		4.09E+05
Sant Feliu de Llobregat	DSFL						7.04E+05		3.22E+05
Terrassa	DTRS						1.29E+05	1.11E+05	
Vic	DVIC						6.33E+04	4.51E+04	
Vilanova i la Geltrú	DVLG						7.14E+05		4.54E+05
GIRONA									
Figueres	DFIG						1.20E+05	9.43E+04	
Girona	DGIR						1.51E+06	5.56E+05	
Palamós	DPAM						1.15E+04	1.02E+04	
Puigcerdà	DPUI						9.75E+05		1.31E+06
LLEIDA									
Balaguer	DBAL						9.22E+04	4.57E+04	
Lleida	DLLE						6.04E+04	7.61E+04	
Montferrer	DMOF						2.15E+05		1.99E+05
Solsona	DSOL						3.79E+05		1.46E+05
Tremp	DTRP						1.19E+05	1.75E+04	
TARRAGONA									
Amposta	DAMP						2.15E+05	1.16E+05	
Reus	DRUS						2.05E+05	1.21E+05	
Riera de la Bisbal	DVEN						1.04E+05	5.67E+04	
Tarragona	DTAR						1.85E+05	1.32E+05	
Tortosa	DTOT						6.17E+05	3.50E+05	

Circulació:	
en base al valor logarítmic (CG/L) de la diana genètica més abundant.	
	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.	

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

Setmana 2025.30

A destacar

Seqüenciació

La **seqüenciació completa del gen S** s'ha realitzat en 24 mostres de la setmana 2025.30. 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 juliol 2025)

Variants d'Interès (Vol)

- **Òmicron BA.2.86:** es detecta a 18 EDARs en freqüències baixes ($8\pm 17\%$)

En data 27 de juny la ECDC ha canviat la classificació de KP.3 de VOI a De-escalated variant. Les deteccions de KP.3 i els seus sublinatges s'assignaran a partir d'ara com a subvariants de BA.2.86

Variants en seguiment (VuM)

- **Òmicron LP.8.1:** es detecta a 10 EDARs en freqüències baixes ($8\pm 5\%$)
- **Òmicron NB.1.8.1:** es detecta a 11 EDARs a freqüència intermèdia ($14\pm 5\%$)
- **Òmicron XFG:** es detecta a les 24 EDARs en freqüències altes ($75\pm 18\%$)

En data 27 de juny la ECDC ha canviat la classificació de XEC de VUM a De-escalated variant.

En el reinici de les activitats de la Xarxa SARSAIGUA per l'any 2025, ha esdevingut prioritari l'anàlisi de variants del virus SARS-CoV-2 en les aigües residuals de Catalunya. L'objectiu és el de proporcionar un sistema de detecció de l'entrada i circulació de noves variants al territori.

L'estudi de variants en les aigües residuals 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 Freyja¹, 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 en les aigües residuals, incloses les VOCs/VOIs/VUMs, d'interès en cada moment.

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 circulants².

A data 21 de juliol de 2025 (30ena setmana epidemiològica), l'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 el llinatge **BA.2.86** (amb les mutacions d'interès: I332V, D339H, R403K, V445H, G446S, N450D, L452W, N481K, 483del, E484K, F486P). D'altra banda, dins les VUM hi trobem la variant **LP.8.1** (amb les mutacions d'interès H445R, Q493E, F186L, R190S), la variant coneguda com a Nimbus NB.1.8.1 (amb les mutacions d'interès G184S, A435S, K478I) i la variant recombinant XFG (amb les mutacions d'interès S31P, K182R, K444R, N487D, T572I).

En termes generals, actualment la XFG és la variant dominant, es troba a totes les EDARs i presenta freqüències altes a 23/24. La BA.2.86 segueix sent present a bona part del territori (18/24 EDARs) però ara ja només en freqüències baixes. LP.8.1 només es troba en 10/24 EDARs en freqüència baixa. La variant Nimbus (NB.1.8.1) segueix present a 11/24 EDARs en freqüència intermèdia.

Aquesta distribució a nivell de Catalunya es repeteix a les quatre províncies. Dominància clara de XFG que desplaça les que fins ara dominaven i NB.1.8.1 que sembla que es manté. Només destaca Palamós que presenta un percentatge del 76% de BA.2.86 i un 22% de XFG.

<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>

Taula 1 | Resultats de seqüenciació del gen Spike per a la identificació de llinatges i l'estudi de la seva freqüència relativa. A taula es mostren les freqüències per cada mostra de les variants d'interès (Vol) i les variants de seguiment (VuM) designades per l'ECDC.

	DVLG	DVIC	DTRS	DSFL	DPDL	DMIR	DMAT	DMAS	DGVC	DBSS	DPUI	DPAM	DGIR	DFIG	DTRP	DSOL	DMOF	DLLE	DBAL	DVEN	DTOT	DTAR	DRUS	DAMP
	BARCELONA										GIRONA					LLEIDA					TARRAGONA			
Variants of Interest (VOI)																								
ΔA.2.86	0.02	0.04	0	0	0.09	0.03	0	0	0	0	0.01	0.76	0.13	0.01	0.15	0.01	0	0.02	0.01	0	0.04	0.15	0.11	0.03
Variants under monitoring (VUM)																								
ΔP.8.1	0	0.14	0	0	0	0	0.05	0.06	0.01	0	0	0	0.11	0	0	0.18	0.11	0	0.08	0	0	0	0.02	0.04
ΔB.1.8.1	0	0	0	0	0	0.16	0.06	0	0	0	0.08	0	0	0.1	0.14	0	0	0.11	0.19	0	0.25	0.15	0.15	0.18
ΔFG	0.94	0.75	0.93	0.98	0.81	0.54	0.83	0.69	0.94	0.94	0.91	0.22	0.71	0.86	0.65	0.75	0.79	0.76	0.63	0.94	0.66	0.56	0.46	0.65
Δmicron Recombinant	0.04	0.07	0.06	0.01	0.09	0.26	0.05	0.24	0.05	0.05	0	0.01	0.03	0.04	0.05	0.05	0.1	0.04	0.04	0.05	0.04	0.14	0.24	0.1

0 0.5 1



Freqüència mitjana de la variant



No detectada

Figura 3 | Resultats de l'estudi espacial dels sublinatges d'Òmicron de la setmana 2025.09 a la 2025.30. 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.

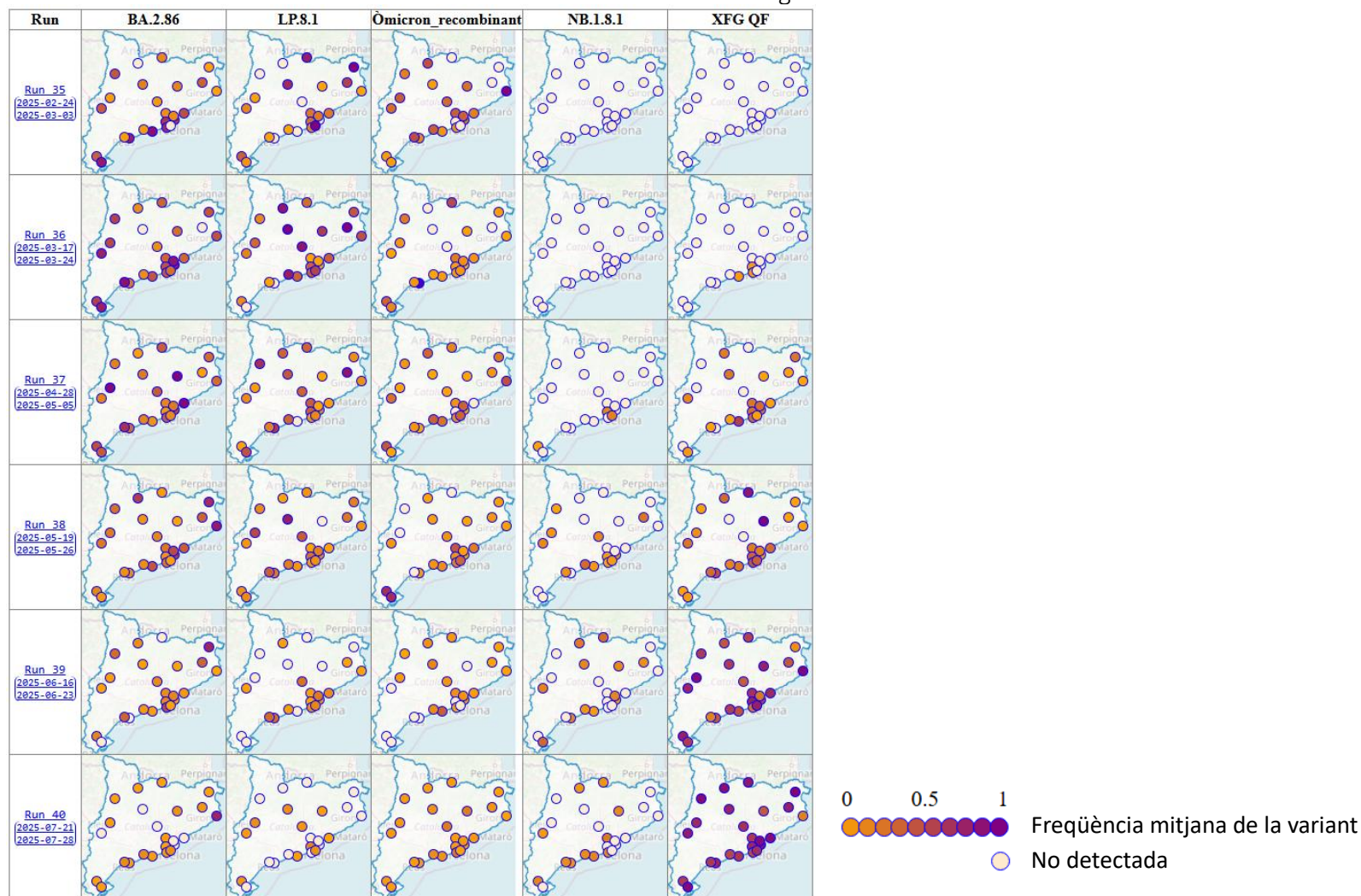


Figura 4 Evolució dels diferents llinatges de SARS-CoV-2 en circulació des de desembre de 2021. Es mostren les dades agregades de totes les EDARs a nivell de Catalunya. Les àrees acolorides representen els percentatges de freqüència de les diferents variants (veure llegenda) normalitzades pel total de 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.

