

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

Setmana epidemiològica 46 de 2025 (2025.46ª setmana)

Taules de circulació

Circulació	Nº EDARs	%
Alta	9	38
Intermèdia	8	33
Baixa	3	13
No Circula	4	17

Observacions

- A data 11 de novembre, el 17% de les EDARs analitzades no mostren presència del virus circulant en les aigües residuals, el 13% mostren circulació baixa, un 33% nivells intermedis i el 38% restant mostren nivells alts.
- La Figura 2 mostra un cert repunt de la concentració mitjana a Catalunya, i ens situem a valors similars als de l'hivern passat (mostreig de febrer 2025).

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

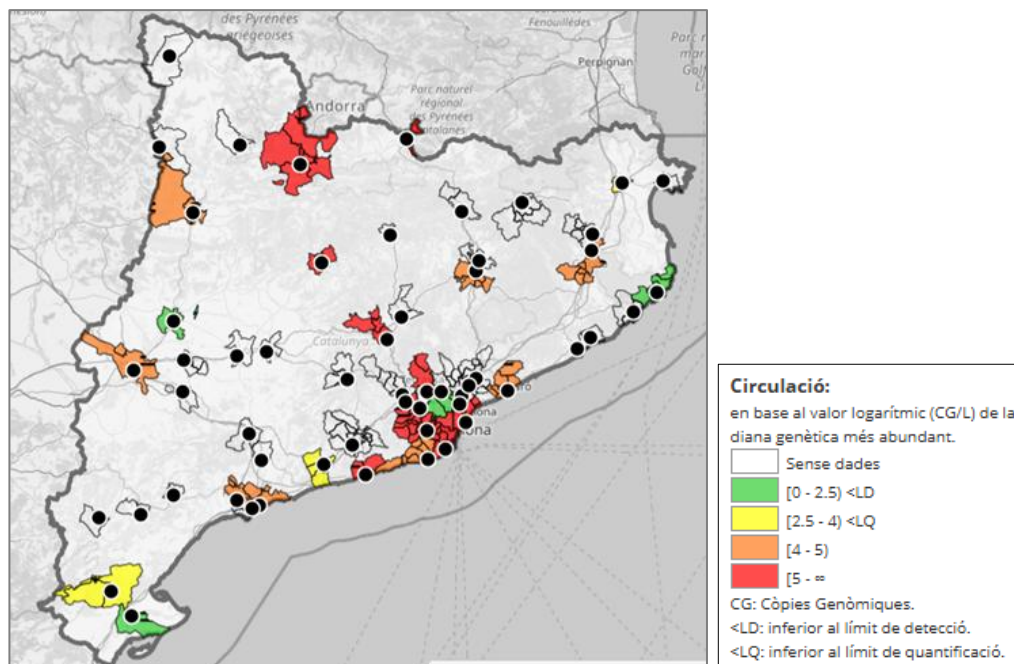
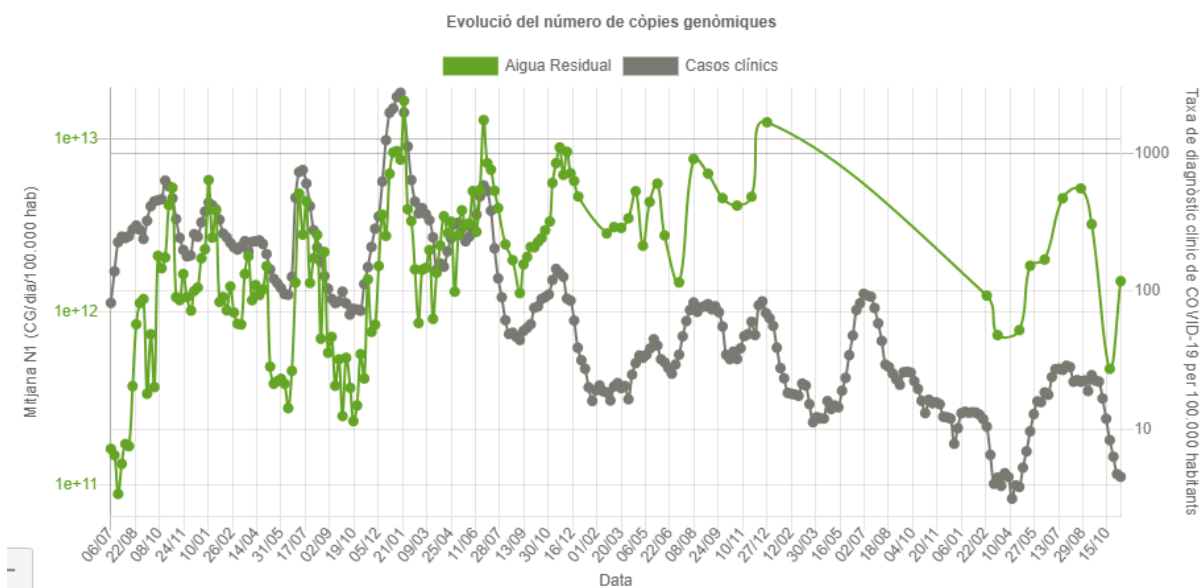


Figura 2. Evolució del número de còpies genòmiques en aigües residuals (línia verda) expressat en còpies genòmiques/dia per cada 100.000 habitants (eix esquerre) i evolució de la taxa de diagnòstic clínic de COVID-19 per cada 100.000 habitants (dades SIVIC), eix dret.



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	Jul	Ago	Set	Octubre43ena setmana 2025)			Novembre46ena setmana 2025)		
										gen diana (CG/L)			gen diana (CG/L)		
BARCELONA	Codi mostra									N1	N2	IP4	N1	N2	IP4
Besòs	DBSS									1.75E+04	1.40E+04		6.70E+04	1.57E+05	
Gavà i Viladecans	DGVC									3.05E+05		6.15E+04	4.17E+04		4.53E+03
Manresa	DMAS									5.69E+05		1.61E+05	3.88E+05		1.20E+05
Mataró	DMAT									8.59E+03	1.48E+04		1.39E+04	<LD	
Montcada i Reixac	DMIR									8.95E+04	7.42E+04		<LD	<LD	
Prat del Llobregat	DPDL									2.53E+05		6.65E+04	2.21E+05		1.93E+04
Sant Feliu de Llobregat	DSFL									2.41E+05		3.22E+04	4.08E+05		7.15E+03
Terrassa	DTRS									1.58E+04	7.51E+03		4.80E+04	2.07E+05	
Vic	DVIC									3.54E+03	2.62E+03		<LD	2.26E+04	
Vilanova i la Geltrú	DVLG									3.10E+05		4.05E+04	1.08E+06		3.17E+05
GIRONA															
Figueres	DFIG									7.97E+03	1.89E+03		8.11E+03	<LD	
Girona	DGIR									4.09E+04	6.98E+03		7.31E+03	7.96E+04	
Palamós	DPAM									<LD	1.85E+03		<LD	<LD	
Puigcerdà	DPUI									8.11E+05		1.69E+05	2.26E+05		1.30E+04
LLEIDA															
Balaguer	DBAL									2.77E+04	2.30E+04		<LD	<LD	
Lleida	DLLE									7.82E+03	1.33E+04		1.61E+04	2.80E+03	
Montferrer	DMOF									1.30E+06	2.59E+05		1.95E+05		1.54E+04
Solsona	DSOL									8.23E+04	4.45E+04		3.05E+05		4.73E+04
Tremp	DTRP									9.92E+04	8.92E+04		6.82E+04	2.35E+04	
TARRAGONA															
Amposta	DAMP									1.94E+03	8.33E+03		<LD	<LD	
Reus	DRUS									4.15E+04	1.35E+04		1.67E+04	2.73E+03	
Riera de la Bisbal	DVEN									2.71E+03	9.37E+03		3.09E+03	7.82E+02	
Tarragona	DTAR									1.39E+03	1.07E+03		1.76E+04	3.57E+03	
Tortosa	DTOT									2.16E+04	2.17E+03		6.54E+03	5.13E+02	

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 2025.43

A destacar

Seqüenciació

La **seqüenciació completa del gen S** s'ha realitzat en 24 mostres de la setmana 2025.46. 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 d'octubre 2025)

Variants d'Interès (Vol)

- **Òmicron BA.2.86:** es detecta a 16/24 EDARs amb freqüències baixes ($5\% \pm 7.8\%$)

Variants en seguiment (VuM)

- **Òmicron NB.1.8.1:** es detecta a 12/24 EDARs a majoritàriament amb freqüències baixes ($17\% \pm 28\%$)
- **Òmicron XFG:** es detecta a 23/24 EDARs en freqüències altes ($88\% \pm 13\%$)

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 11 de novembre de 2025 (46ena 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 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, la XFG continua sent la variant dominant, es troba a 23/24 de les EDARs analitzades i en totes presenta freqüències altes. La BA.2.86 segueix sent present a gran part del territori (16/24 EDARs) majoritàriament es troba en freqüències baixes, desaca la platja de Balaguer superant el 20%. La variant Nimbus (NB.1.8.1) es troba repartida per tot el territori, detectant-se en 12/24 EDARs en freqüències baixes en la majoria de casos excepte al Prat on representa el 36% de les seqüències i destaca Tortosa pel fet que totes les seqüències recuperades s'associen a aquesta variant.

Les seqüències classificades dins la variant NB.1.8.1 són majoritàriament de la subvariant PQ, destacant la PQ.32 que representa el 99% de seqüències a Tortosa.

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.

	DAMP	DBAL	DBSS	DFIG	DGIR	DGVC	DLLE	DMAS	DMAT	DMIR	DMOF	DPAM	DPDL	DPUI	DRUS	DSFL	DSOL	DTAR	DTOT	DTRP	DTRS	DVEN	DVIC	DVLG
Variants Of Interest																								
BA.2.86	0.15	0.21	0.01	0	0	0.01	0	0.01	0	0.01	0.03	0	0	0	0	0	0	0.2	0	0.02	0	0.14	0.02	0
Variants Under Monitoring																								
NB.1.8.1	0.18	0	0.16	0	0	0.01	0	0	0.05	0.04	0	0.04	0.36	0	0	0.01	0	0	0.99	0	0	0.14	0.05	0
XFG	0.66	0.63	0.76	0.97	0.95	0.93	0.99	0.95	0.94	0.91	0.93	0.94	0.61	0.96	0.99	0.97	0.96	0.78	0	0.92	0.99	0.65	0.87	0.91

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 2025.25 a la 2025.46. 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.

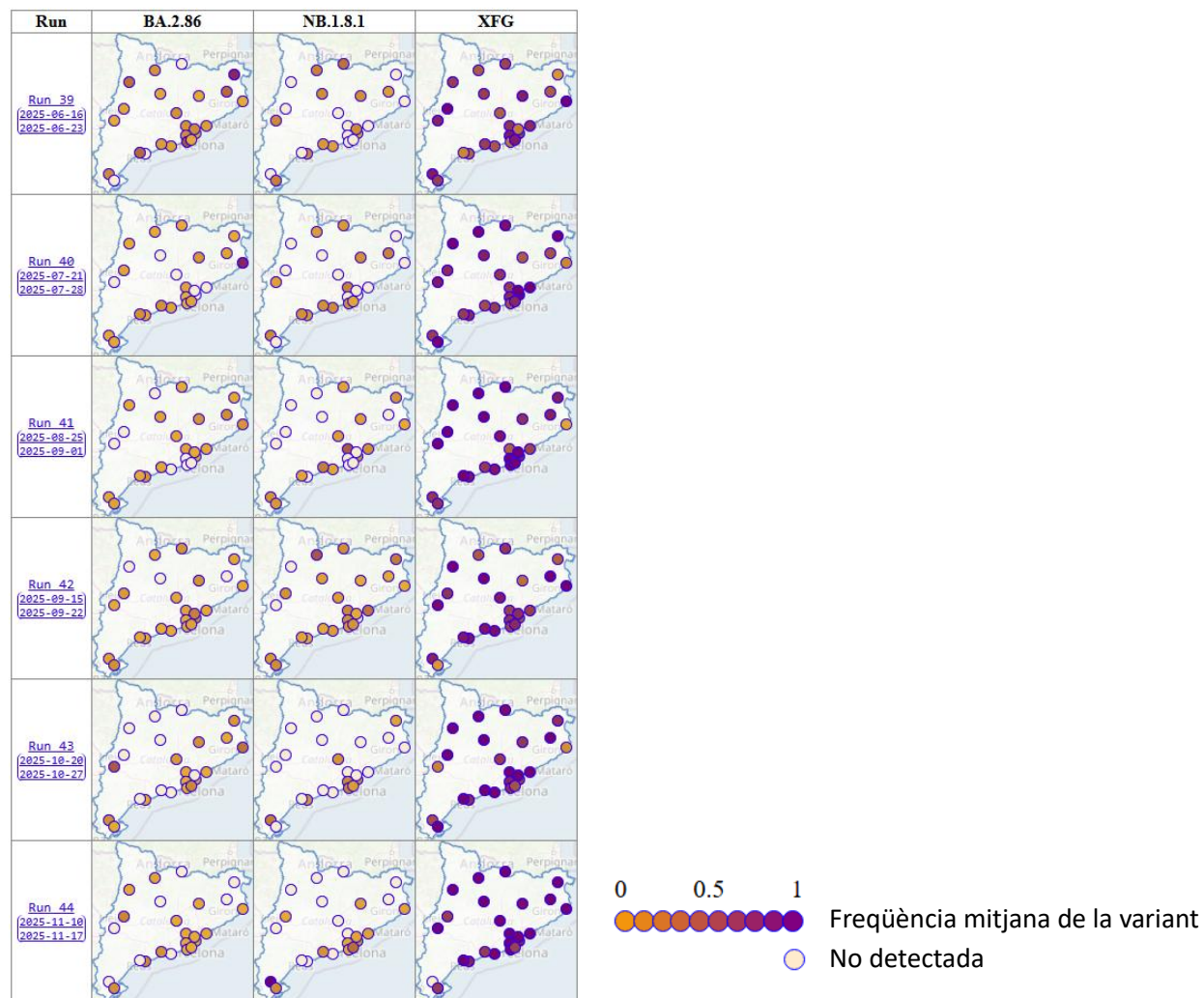


Figura 4 Evolució dels diferents llinatges de SARS-CoV-2 en circulació des de desembre de 2021. Es mostren les dades agregades de totes les EDARs a nivell de Catalunya. Les àrees acolorides representen els percentatges de freqüència de les diferents variants (veure llegenda) normalitzades pel total de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

