

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

Setmana epidemiològica 48 de 2025 (2025.48ª setmana)

Taules de circulació

Circulació	Nº EDARs	%
Alta	8	33
Intermèdia	4	17
Baixa	11	46
No Circula	1	4

Observacions

- A data 24 de novembre, observem en general una càrrega baixa del SARS-CoV-en les aigües residuals de Catalunya. Tan sols el 33% de les EDARs analitzades mostren una càrrega alta, 17% intermèdia i un 46% baixa i a Tortosa es troba per sota el límit de detecció.
- La Figura 1 mostra com les càrregues més altes es concentren a la província de Barcelona majoritàriament.
- La Figura 2 mostra com la segona quinzena de novembre els valors tornen a estar al nivell de finals d'octubre.

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

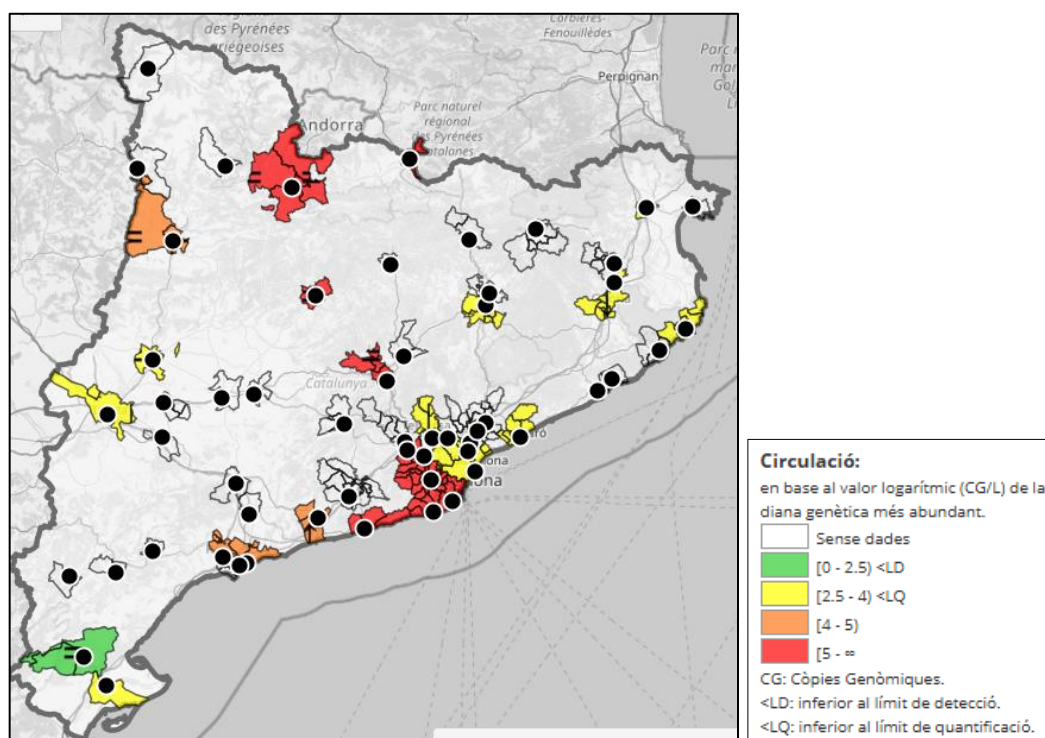
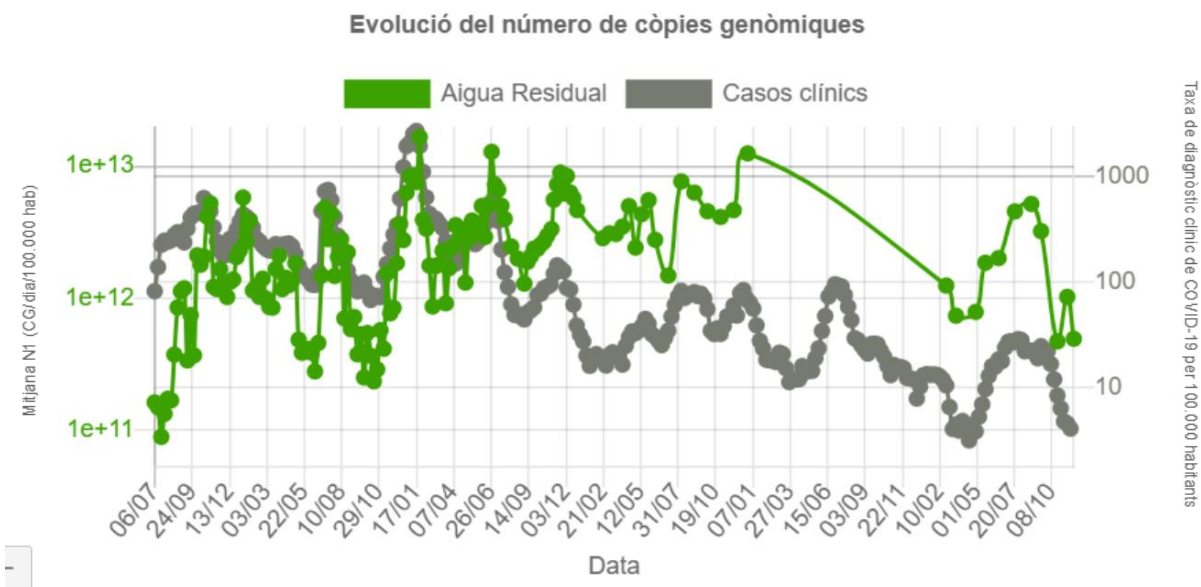


Figura 2. Evolució del número de còpies genòmiques en aigües residuals (línia verda) expressat en còpies genòmiques/dia per cada 100.000 habitants (eix esquerre) i evolució de la taxa de diagnòstic clínic de COVID-19 per cada 100.000 habitants (dades SIVIC), eix dret.



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	Oct	Novembre46ena setmana 2025)			Novembre48ena setmana 2025)			
												gen diana (CG/L)			gen diana (CG/L)		
BARCELONA	Codi mostra											N1	N2	IP4	N1	N2	IP4
Besòs	DBSS											6.70E+04	1.57E+05		5.90E+03	1.54E+03	
Gavà i Viladecans	DGVC											4.17E+04		4.53E+03	4.82E+05		5.28E+04
Manresa	DMAS											3.88E+05		1.20E+05	2.33E+05		9.88E+04
Mataró	DMAT											1.39E+04	<LD		5.29E+03	8.74E+03	
Montcada i Reixac	DMIR											<LD	<LD		4.00E+02	6.68E+03	
Prat del Llobregat	DPDL											2.21E+05		1.93E+04	1.96E+05		4.20E+04
Sant Feliu de Llobregat	DSFL											4.08E+05		7.15E+03	1.51E+05		2.71E+04
Terrassa	DTRS											4.80E+04	2.07E+05		5.11E+03	5.82E+02	
Vic	DVIC											<LD	2.26E+04		<LD	8.86E+03	
Vilanova i la Geltrú	DVLG											1.08E+06		3.17E+05	1.62E+05		2.05E+05
GIRONA																	
Figueres	DFIG											8.11E+03	<LD		5.57E+03	5.19E+02	
Girona	DGIR											7.31E+03	7.96E+04		3.22E+03	7.53E+03	
Palamós	DPAM											<LD	<LD		<LD	4.13E+03	
Puigcerdà	DPUI											2.26E+05		1.30E+04	1.34E+05		3.50E+04
LLEIDA																	
Balaguer	DBAL											<LD	<LD		8.07E+03	<LD	
Lleida	DLLE											1.61E+04	2.80E+03		2.92E+03	7.78E+02	
Montferrer	DMOF											1.95E+05		1.54E+04	3.61E+05		1.69E+05
Solsona	DSOL											3.05E+05		4.73E+04	2.55E+05		4.16E+04
Tremp	DTRP											6.82E+04	2.35E+04		4.83E+04	7.39E+03	
TARRAGONA																	
Amposta	DAMP											<LD	<LD		1.43E+03	5.13E+02	
Reus	DRUS											1.67E+04	2.73E+03		1.39E+04	6.16E+02	
Riera de la Bisbal	DVEN											3.09E+03	7.82E+02		1.40E+04	2.02E+03	
Tarragona	DTAR											1.76E+04	3.57E+03		2.20E+04	1.14E+04	
Tortosa	DTOT											6.54E+03	5.13E+02		<LD	<LD	

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 2025.48

A destacar

Seqüenciació

La **seqüenciació completa del gen S** s'ha realitzat en 24 mostres de la setmana 2025.48. 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 novembre 2025)

Variants d'Interès (Vol)

- **Òmicron BA.2.86:** es detecta a 14/24 EDARs amb freqüències baixes ($6\% \pm 9\%$)

Variants en seguiment (VuM)

- **Òmicron NB.1.8.1:** es detecta a 14/24 EDARs a majoritàriament amb freqüències intermèdies ($20\% \pm 28\%$)
- **Òmicron XFG:** es detecta a 24/24 EDARs en freqüències altes ($76\% \pm 29\%$)

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 24 de novembre de 2025 (48ena 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 24/24 de les EDARs analitzades i en totes presenta freqüències altes, excepte al Besòs on hi domina NB.1.8.1. La BA.2.86 segueix sent present a gran part del territori (14/24 EDARs) sempre amb freqüències baixes. La variant Nimbus (NB.1.8.1) es troba en 14/24 EDARs en freqüències intermèdies i es concentra principalment a la província de Barcelona, destacant el Besòs on representa el 91% de les seqüències i Gavà i Viladecans amb un 68%.

Les seqüències classificades dins la variant NB.1.8.1 continuen sent majoritàriament de la subvariant PQ.

Destaquem que s'ha detectat a la depuradora de Vilanova i la Geltrú la variant BA.3.2.2. Aquesta subvariant és un sublinatge de BA.3.2 amb l'afegit de les mutacions: K356T/A575S al gen de la proteïna S. La subvariant Òmicron de SARS-CoV-2 BA.3.2 descendeix de BA.3. Va emergir dos anys després que BA.3 deixés de circular i difereix de BA.3 per 39 mutacions a la proteïna espiga. De manera similar a BA.2.86, que va circular a nivells baixos abans de donar lloc a JN.1, la BA.3.2 mostra una circulació baixa però persistent a escala global. La gran quantitat de mutacions acumulades per aquesta variant i els seus sublinatges i la lenta però continua expansió fa que estigui actualment al punt de mira¹. Es detectà a Moçambic el 17 de març de 2025; entre març i juny va representar cinc (18%) de les 28 seqüències reportades a Sud-àfrica, cosa que suggereix una disseminació més àmplia a l'Àfrica subsahariana. La BA.3.2 es va identificar per primera vegada als Països Baixos el 2 d'abril de 2025, i a Alemanya el 29 d'abril, seguida de la seva detecció en viatgers aeris dels EUA procedents dels Països Baixos el 17 de juny. Posteriorment, la variant va aparèixer a Austràlia. Ara es detecta a Catalunya per primera vegada en les aigües residuals de Vilanova i la Geltrú.

¹ Zesuliwe, J. *et al.*, (2025) Evolution and Viral Properties of the SARS-CoV-2 BA.3.2 1 Subvariant. doi: <https://doi.org/10.1101/2025.10.28.25338622>

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	0	0.06	0	0	0	0	0.3	0.04	0.03	0.2	0	0.09	0	0	0	0	0.04	0.05	0	0	0.06	0	0
Variants Under Monitoring																								
NB.1.8.1	0	0	0.91	0	0	0.68	0	0.27	0.29	0.22	0.18	0	0.08	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.21	0
XFG	0.99	0.96	0.01	0.91	0.66	0.15	0.97	0.42	0.63	0.65	0.23	0.83	0.82	0.96	0.96	0.98	0.99	0.73	0.92	0.97	0.97	0.87	0.67	0.99

0 0.5 1



Freqüència mitjana de la variant



No detectada

Figura 3| Resultats de l'estudi espacial dels subllinatges d'Òmicron de la setmana 2025.39 a la 2025.48. 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.

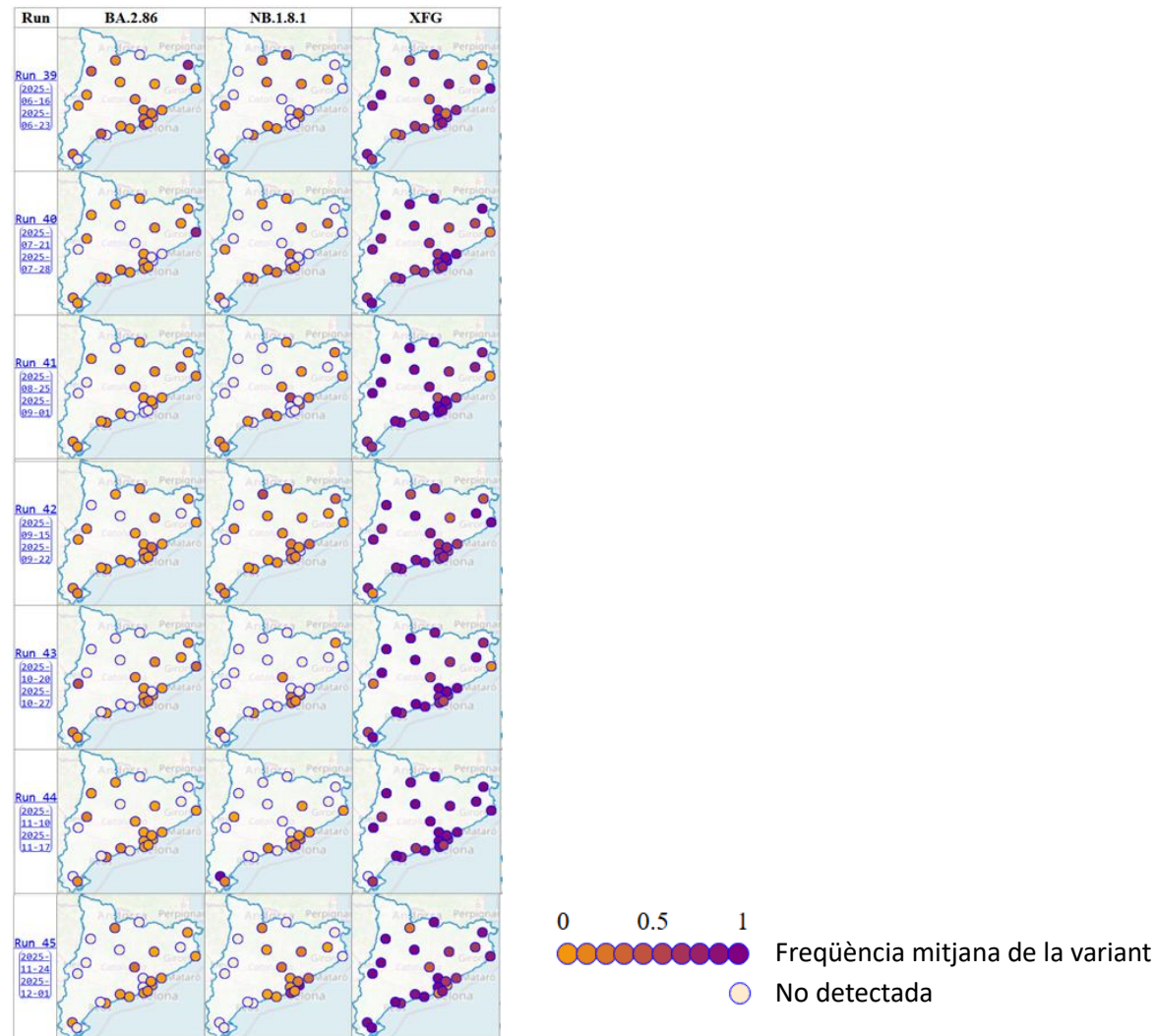


Figura 4 Evolució dels diferents llinatges de SARS-CoV-2 en circulació des de desembre de 2021. Es mostren les dades agregades de totes les EDARs a nivell de Catalunya. Les àrees acolorides representen els percentatges de freqüència de les diferents variants (veure llegenda) normalitzades pel total de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

