

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

Setmana epidemiològica 12 de 2025 (2025.12^a setmana)

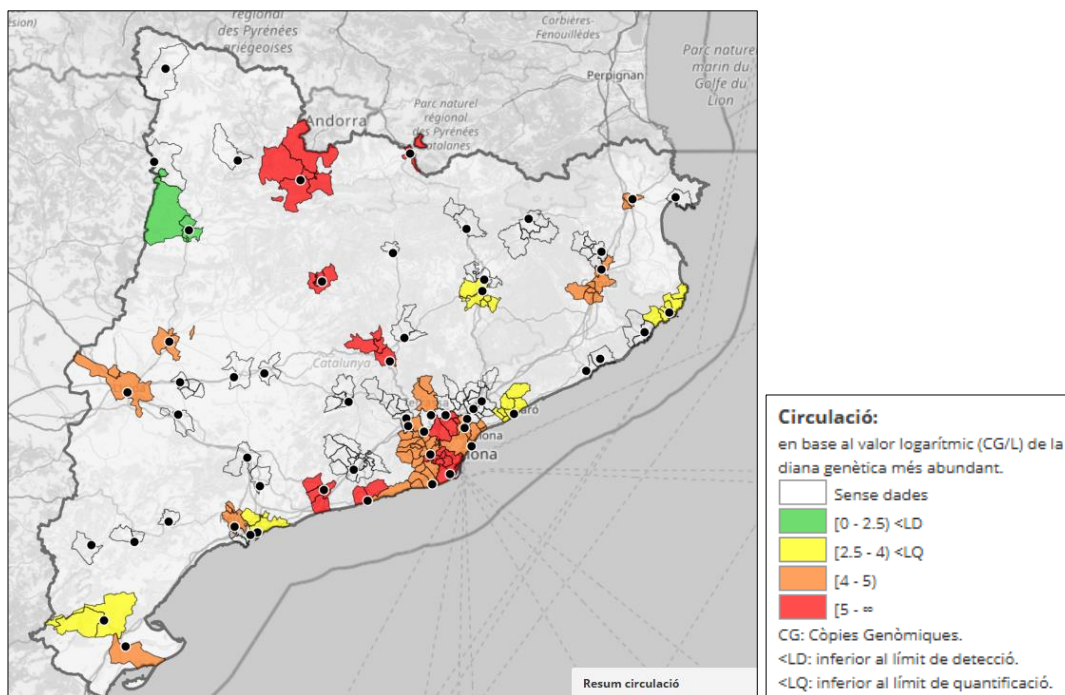
Taules de circulació

Circulació	Nº EDARs	%
Alta	8	33
Intermèdia	10	42
Baixa	5	21
No Circula	1	4

Observacions

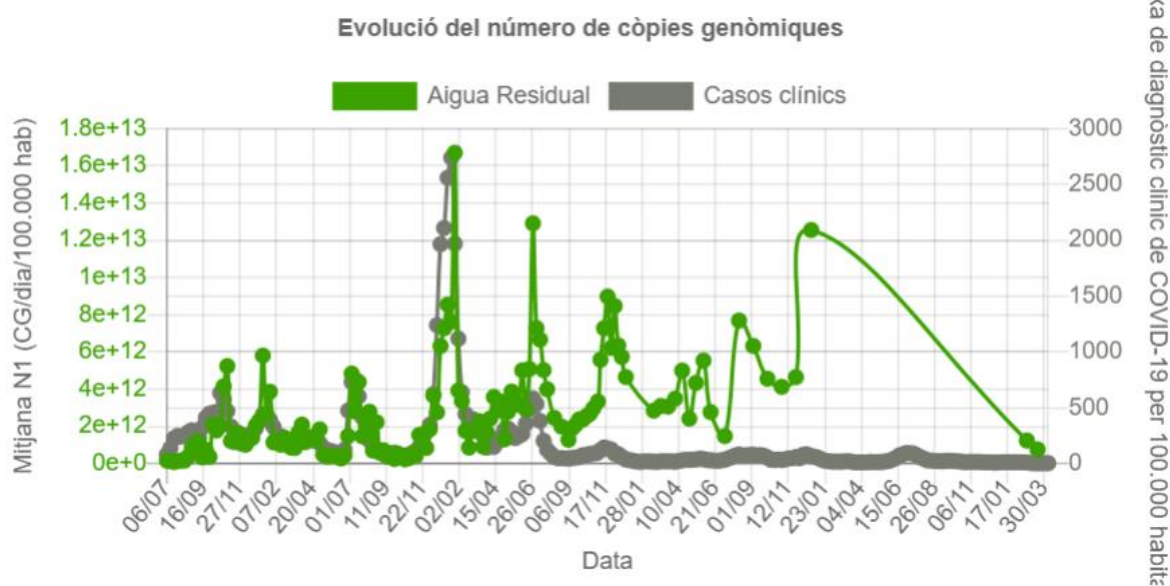
- A nivell de Catalunya, observem una càrrega vírica menor en aigua residual que al mes de febrer. 8 EDARs (33%) mostren una càrrega alta mentre que el 42% es classifiquen com a intermèdia, 5 EDARs presenten una circulació baixa de marcadors virals, al llindar del límit de quantificació i una mostra presentava una càrrega per sota del límit de detecció.
- A la província de Barcelona, les EDARs mostren un descens de la càrrega vírica. Al mes de febrer el 70% de les plantes mostraven càrrega alta, mentre que ara al març són només un 40 %, hi ha un 40% amb càrrega intermèdia i un 20% de les EDARs de la província de Barcelona tenen càrregues baixes.
- A la província de Lleida, també s'observa aquesta davallada respecte les analítiques del mes de febrer. A la província de Lleida és on trobem l'EDAR que es mostra lliure de marcadors virals de COVID-19, en concret parlem de l'EDAR de Tremp. En canvi a Lleida ciutat no hi ha canvis respecte el febrer.
- A la província de Tarragona no s'observa la mateixa tendència a la reducció de la càrrega viral que es descriu per resta de regions de Catalunya. Mentre que la ciutat de Tarragona sí que mostra una reducció d'un logaritme respecte al febrer, les EDAR d'Amposta i de la Riera de la Bisbal mostren un increment d'un logaritme dels dos marcadors gènics analitzats. Tortosa i Reus es mantenen com estaven al febrer.
- A la província de Girona, tres de les EDARs analitzades presenten una disminució d'un ordre de magnitud respecte el mes de febrer (Girona, Figueres i Palamós) mentre que a Puigcerdà no s'observen canvis i segueix presentant una càrrega alta.

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








Aquesta tendència a la baixa de la càrrega vírica detectada a les aigües residuals s'observa també en el nombre de casos clínics detectats, segons dades del SIVIC per la mateixa setmana epidemiològica. La tendència s'observa a la Figura següent:

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 al llarg del 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).

		Febrer (9ena setmana 2025)			Març (12ena setmana 2025)		
		gen diana (CG/L)			gen diana (CG/L)		
BARCELONA	Codi mostra	N1	N2	IP4	N1	N2	IP4
Besòs	DBSS	2.19E+05	4.61E+04		1.26E+04	1.26E+03	
Gavà i Viladecans	DGVC	3.04E+05		1.92E+05	9.90E+04		3.17E+04
Manresa	DMAS	1.21E+05		5.52E+04	5.74E+05		1.93E+05
Mataró	DMAT	1.33E+04	1.81E+04		4.87E+03	5.40E+03	
Montcada i Reixac	DMIR	3.78E+05	7.93E+04		2.69E+05	6.79E+04	
Prat del Llobregat	DPDL	2.36E+05		1.48E+05	1.91E+05		2.70E+04
Sant Feliu de Llobregat	DSFL	1.40E+05		5.84E+04	9.12E+04		2.65E+04
Terrassa	DTRS	7.60E+04	2.53E+04		2.49E+04	1.55E+03	
Vic	DVIC	1.64E+05	9.56E+06		1.33E+03	9.24E+02	
Vilanova i la Geltrú	DVLG	5.39E+04		5.13E+04	1.16E+05		1.40E+05
GIRONA							
Figueres	DFIG	2.92E+05	2.79E+05		2.09E+04	8.33E+03	
Girona	DGIR	1.12E+05	8.25E+04		1.88E+04	1.71E+04	
Palamós	DPAM	9.24E+04	1.03E+03		3.81E+03	3.30E+03	
Puigcerdà	DPUI	1.01E+05		1.74E+04	1.23E+05		3.68E+04
LEIDA							
Balaguer	DBAL	3.73E+03	6.88E+03		2.72E+04	6.06E+03	
Lleida	DLLE	1.01E+04	4.75E+04		2.24E+04	3.80E+04	
Montferrer	DMOF	3.14E+06		1.77E+05	3.37E+05		1.04E+05
Solsona	DSOL	2.99E+05		1.35E+05	3.58E+05		3.03E+04
Tremp	DTRP	5.84E+04	3.34E+04		<LD	<LD	
TARRAGONA							
Amposta	DAMP	<LQ	5.63E+03		1.08E+04	2.34E+04	
Reus	DRUS	5.34E+03	2.66E+04		2.94E+03	1.33E+04	
Riera de la Bisbal	DVEN	1.97E+03	1.33E+03		1.29E+05	7.42E+04	
Tarragona	DTAR	4.26E+04	2.29E+04		2.75E+03	3.17E+03	
Tortosa	DTOT	4.22E+03	5.50E+02		6.94E+03	7.53E+03	

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 2025.12

A destacar

Seqüenciació

La **seqüenciació completa del gen S** s'ha realitzat en 24 mostres de la setmana 2025.12. 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 març 2025)

Variants d'Interès (Vol)

- Òmicron BA.2.86: Es detecta a 21 de les 24 EDARs analitzades, amb una freqüència relativa mitjana classificada com a alta ($31\% \pm 29\%$).
- Òmicron KP.3: Es detecta a 13 de les 24 EDARs analitzades, amb una freqüència relativa mitjana classificada com a intermèdia ($14\% \pm 20\%$)

Variants en seguiment (VuM)

- Òmicron XEC: Es detecta tan sols a 7 de les 24 EDARs analitzades amb una freqüència relativa mitjana, baixa ($2.5\% \pm 8\%$)
- Òmicron **LP.8.1**: Es detecta a 22 de les 24 EDARs analitzades amb una freqüència relativa mitjana, alta ($40\% \pm 33\%$). És actualment el **llinatge dominant**.

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.

<https://github.com/andersen-lab/Freyja>

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 març de 2025 (12ena 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 els llinatges **BA.2.86** (amb les mutacions d'interès: I332V, D339H, R403K, V445H, G446S, N450D, L452W, N481K, 483del, E484K, F486P) i **KP.3** (amb les mutacions d'interès: Q493E i F456L). D'altra banda, dins les VUM hi trobem la variant **LP.8.1** (amb les mutacions d'interès H445R, Q493E, F186L, R190S) i la variant recombinant **XEC** (amb les variants d'interès T22N, F59S, F456L, Q493E, V1104L). No hi ha doncs, divergències respecte les classificacions vigents en l'informe del mes de febrer.

En termes generals, comparant els resultats de març (2025.12) amb els de febrer (2025.09) observem que la variant XEC perd protagonisme i que les BA.2.86 i la LP.8.1 van lleugerament en augment. Tot i així destaca una variabilitat notable entre províncies i entre EDARs d'una mateixa província.

Les quatre variants descrites (BA.2.86, KP.3, LP.8.1, XEC) continuen trobant-se àmpliament distribuïdes pel territori català. No hi ha clarament un llinatge dominant a totes les EDARs. En algunes EDARs el llinatge dominant és el LP.8.1 i en d'altres és el BA.2.86. El llinatge LP.8.1 és present en totes les EDAR analitzades de les províncies de Barcelona, Girona i Lleida, mentre que a Tarragona només es detecta en tres EDARs de les cinc analitzades. Les tres EDARs de Tarragona que mostren presència d'aquesta variant són Riera de la Bisbal, Tortosa i Reus. A Reus, es detecta però quantifica per sota de l'1%, a Tortosa no arriba al 15% i en canvi al Vendrell (EDAR Riera de la Bisbal) mostra una dominància amb un 82%. Segons l'Organització Mundial de la Salut, LP.8.1 no suggereix riscos addicionals per a la salut pública en relació amb els altres llinatges descendents d'òmicron que circulen actualment.

A la província de Lleida la variant LP.8.1 és la dominant a les EDAR de Solsona i Montferrer, mentre que la variant BA.2.86 és dominant a Tremp, Balaguer i Lleida ciutat. Lleida destaca també per no mostrar presència de la variant XEC, malgrat al mes de febrer sí que se'n quantificava. Girona mostra dominància de LP.8.1 (Puigcerdà i Girona), mentre que a Figueres i Palamós es reparteix al 50% entre KP.3 i LP.8.1.

Per últim destacar el percentatge de mostres classificades fora d'aquests llinatges que a la taula consten com a Altres Òmicron, que en algunes mostres, com Tarragona o Terrassa, arriben a representar un percentatge elevat del total de variants identificades. En aquest grup hi ha acumulades totes les seqüències que segons l'anàlisi informàtic s'identifiquen com a diversos llinatges recombinants (excepte XEC).

La **Figura 3** il·lustra aquesta dispersió dels llinatges, les diferències entre EDARs geogràficament properes i el fet que no hi ha un llinatge dominant comú a nivell de Catalunya.

La Figura 3 mostra en detall alguns dels subllinatges de la variant BA.2.86. S'observa que el subllinatge més abundant actualment és LF.7. Aquest, és molt abundant a Europa i ha anat en augment des de finals del 2024. Arriba a representar percentatges elevats de freqüència relativa, com per exemple un 89% a Reus (tots els subllinatges del BA.2.86 són LF.7; DRUS), 87% a Montcada i Reixac (DMIR), 70% a Lleida (DLLE) i entre un 30% i un 40% a Vilanova i la Geltrú

(VLG), Sant Feliu de Llobregat (DGVC) i Tremp (DTRP)

<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 (VoI) i les variants de seguiment (VuM) designades per l'ECDC.

	RUN 36 [2025-03-17,2025-03-24]																							
	DVLG	DVIC	DTRS	DSFL	DPDL	DMIR	DMAT	DMAS	DGVC	DESS	DPUI	DPAM	DGR	DFG	DTRP	DSOL	DMOF	DLLE	DBAL	DVEN	DTOT	DTAR	DRUS	DAMP
	BARCELONA										GIRONA				LLEIDA				TARRAGONA					
Variants of interest (VOI)																								
BA.2.86*	0.48	0	0.38	0.49	0.33	0.87	0.1	0.13	0.46	0.08	0.27	0	0	0.06	0.42	0	0	0.79	0.55	0	0.54	0.28	0.9	0.41
KP.3*	0	0.33	0	0	0	0	0.27	0	0	0.78	0.11	0.49	0	0.38	0.17	0	0.14	0	0	0.14	0.06	0.01	0	0.39
Variants under monitoring (VUM)																								
LP.8.1*	0.4	0.64	0.01	0.41	0.59	0.01	0.43	0.87	0.42	0.01	0.34	0.5	0.99	0.47	0.16	1	0.85	0.19	0.36	0.82	0.14	0	0	0
XEC*	0	0	0.35	0	0	0	0.12	0	0	0.12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Other																								
Other Omicron	0.1	0.03	0.24	0.08	0.08	0.11	0.09	0	0.09	0.01	0.27	0	0	0.04	0.24	0	0	0	0.07	0	0.21	0.68	0.08	0.17

0 0.5 1



Freqüència mitjana de la variant



No detectada

Figura 3 | Resultats de l'estudi espacial dels subllinatges d'Òmicron la setmana 2025.12. 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.

