

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

Setmana de 2025 (2025.09ª setmana)

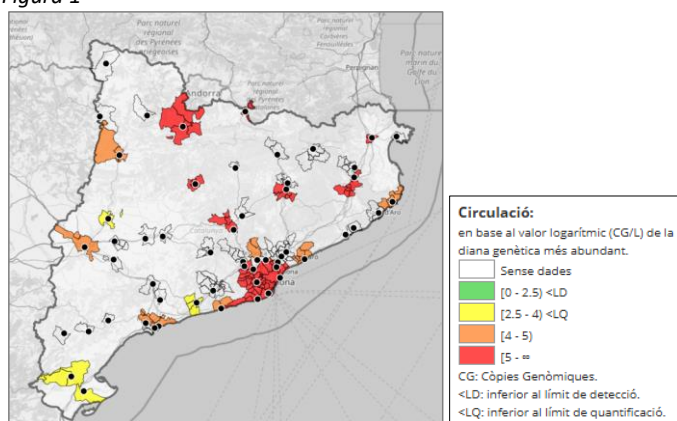
Taules de circulació

Circulació	Nº EDARs	%
Alta	12	50
Intermèdia	8	33
Baixa	4	17
No Circula	0	0

Observacions

- A nivell de Catalunya, la circulació del COVID-19 es mostra alta en el 50% de les EDAR analitzades. Un 33% no superen el llindar de circulació intermèdia i un 17% mostren presència del virus però a concentracions baixes.
- A la província de Barcelona i en especial a l'Àrea Metropolitana, la concentració dels marcadors del COVID-19 es mostra alta en tots els municipis analitzats, exceptuant les EDAR de Terrassa, Mataró i Vilanova i la Geltrú que donen servei a municipis que se situen a la perifèria de l'àrea metropolitana.
- A la província de Lleida, de les 5 EDARs analitzades, dues mostren valors alts de circulació (Montferrer i Solsona), dues mostren valors intermedis (Lleida ciutat i Tremp) i finalment Balaguer és la que mostra concentracions més baixes, al llindar del límit de quantificació.
- A la província de Tarragona es van observar els valors de circulació més baixos amb tres EDAR (Amposta, Riera de la Bisbal i Tortosa) que presenten una classificació del nivell de circulació baixa, al llindar del límit de quantificació de la metodologia analítica emprada. No hi ha cap EDAR analitzada a la província de Tarragona que mostri nivells alts de circulació i el màxim valor de concentració el presenta l'EDAR de Tarragona amb $4,3E+04$ CG/L, que es classifica com a nivell de circulació Intermedi. El mateix passa a l'EDAR de Reus.
- A la província de Girona s'observen en general nivells alts de circulació a excepció de l'EDAR de Palamós que no supera els 5 logarítmes tenint en compte N1, que és la diana gènica més abundant en aquesta mostra i per tant es classifica com a circulació de nivell intermedi.

Figura 1



Taula 1 | Abundància dels gens analitzats aquesta darrera setmana (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 genèica més abundant (veure llegenda).

		Febrer (9ena setmana 2025)			
		gen diana (CG/L)			
BARCELONA	Codi mostra	N1	N2	IP4	
Besòs	DBSS	2.19E+05	4.61E+04		
Gavà i Viladecans	DGVC	3.04E+05		1.92E+05	
Manresa	DMAS	1.21E+05		5.52E+04	
Mataró	DMAT	1.33E+04	1.81E+04		
Montcada i Reixac	DMIR	3.78E+05	7.93E+04		
Prat del Llobregat	DPDL	2.36E+05		1.48E+05	
Sant Feliu de Guíxols	DSFL	1.40E+05		5.84E+04	
Terrassa	DTRS	7.60E+04	2.53E+04		
Vic	DVIC	1.64E+05	9.56E+06		
Vilanova i la Geltrú	DVLG	5.39E+04		5.13E+04	
GIRONA					
Figueres	DFIG	2.92E+05	2.79E+05		
Girona	DGIR	1.12E+05	8.25E+04		
Palamós	DPAM	9.24E+04	1.03E+03		
Puigcerdà	DPUI	1.01E+05		1.74E+04	
LLEIDA					
Balaguer	DBAL	3.73E+03	6.88E+03		
Lleida	DLLE	1.01E+04	4.75E+04		
Montferrer	DMOF	3.14E+06		1.77E+05	
Solsona	DSOL	2.99E+05		1.35E+05	
Tremp	DTRP	58436	33436		
TARRAGONA					
Amposta	DAMP	<LQ	5.63E+03		
Reus	DRUS	5.34E+03	2.66E+04		
Riera de la Bisbal	DVEN	1.97E+03	1.33E+03		
Tarragona	DTAR	4.26E+04	2.29E+04		
Tortosa	DTOT	4.22E+03	5.50E+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 2025.09

Comentado [LCII]: No puc posar comentaris dins el recuadre. Em confon la utilització de mitjana intermèdia, mitjana alta, ... el mitjana a què es refereix exactament?

A destacar

Seqüenciació

La **seqüenciació completa del gen S** s'ha realitzat en 24 mostres de la setmana 2025.09. 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 febrer 2025)

Variants d'Interès (Vol)

- Òmicron BA.2.86: Es detecta a 20 de les 24 EDARs analitzades, amb una freqüència relativa mitjana classificada com a intermèdia ($29\% \pm 33\%$).
- Òmicron KP.3: Es detecta a 16 de les 24 EDARs analitzades, amb una freqüència relativa mitjana classificada com a intermèdia ($17\% \pm 19\%$)

Variants en seguiment (VuM)

- Òmicron XEC: Es detecta a 11 de les 24 EDARs analitzades amb una freqüència relativa mitjana, alta ($34\% \pm 21\%$)
- Òmicron LP.8.1: Es detecta a 17 de les 24 EDARs analitzades amb una freqüència relativa mitjana, alta ($31\% \pm 22\%$)

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 anticipada de l'entrada i circulació de noves variants al territori

L'estudi de variants en l'aigua residual 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 a l'aigua residual, incloses les VOCs/VOIs/VUMs, d'interès en cada moment.

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

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 febrer de 2025, el 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).

Les quatre variants descrites es troben àmpliament distribuïdes pel territori català però hi ha diferències significatives en les freqüències relatives que mostren entre EDARs inclús d'una mateixa regió sanitària. Destaca la província de Girona, per exemple, on a Girona ciutat trobem el 100% de seqüències classificades com a BA.2.86 i en canvi a Figueres, el 97% es classifiquen amb la variant LP.8.1. És també notori a la província de Girona el fet que no s'hi detecta XEC, mentre que a Barcelona, Lleida o Tarragona supera en alguns casos el 50% d'assignacions de freqüència relativa. A Barcelona trobem diferències entre l'EDAR de Prat de Llobregat, amb un 100% de les seqüències identificades com a subllinatges de LP.8.1, mentre que a l'EDAR del Besòs prop d'un 70% s'identifiquen amb BA.2.86.

Per últim destacar el percentatge de mostres classificades fora d'aquests llinatges que a la taula consten com a Altres Òmicron. 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 2** 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.

<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.

VARIANTS	RUN 35 [2025-02-24,2025-03-03]																							
	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)																								
BA.2.86*	0.9	0	0.12	0.66	0	0.12	0.43	0	0.71	0.68	0	0.01	1	0.01	0.34	0	0	0.08	0.01	0.01	0.16	0.21	0	0.3
KP.3*	0	0.19	0.01	0	0	0.01	0.08	0.07	0	0	0.17	0	0	0	0.12	0.21	0	0.35	0.02	0.04	0.24	0.6	0.03	0.54
Variants under monitoring (VUM)																								
LP.8.1*	0	0	0.26	0.33	1	0.25	0.25	0	0.2	0	0.82	0.01	0	0.97	0	0.73	0	0.18	0	0	0.4	0	0	0.09
XEC*	0	0.48	0.17	0	0	0.18	0	0.58	0	0	0	0	0	0	0.31	0	0.5	0.07	0.52	0.52	0.01	0	0.42	0
Other Omicron	0.09	0.3	0.42	0	0	0.41	0.21	0.34	0.08	0.31	0	0.97	0	0	0.21	0.05	0.5	0.31	0.43	0.42	0.17	0.17	0.53	0.05

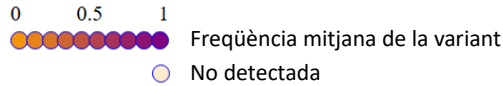
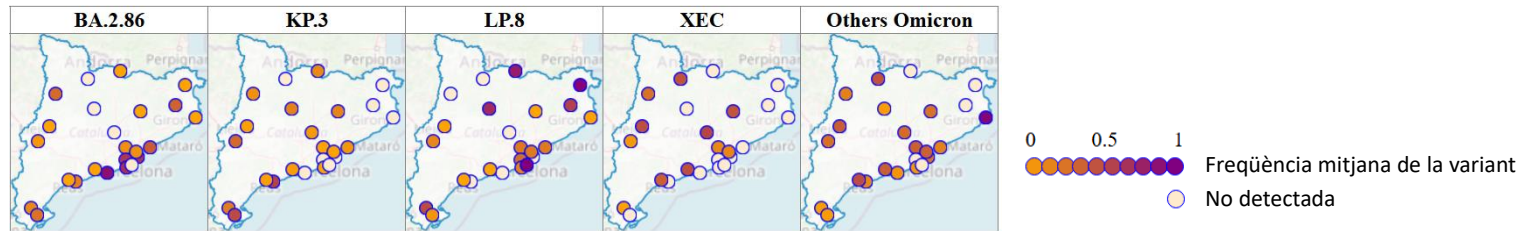


Figura 2 | Resultats de l'estudi espacial dels sublinatges d'Òmicron la setmana 2025.09. Als mapes es mostren les freqüències per llinatge associat a cada EDAR analitzada. Les mostres on s'ha detectat un llinatge determinat mostra un color en funció a la seva freqüència.



Comentado [LCI2]: Mira el títol de la figura que hi diu setmana XXX.