

INFORME SOBRE LA VIGILANCIA AMBIENTAL DEL MATERIAL GENÉTICO DE SARS-CoV-2 EN LAS AGUAS RESIDUALES DE ANDALUCÍA

Semana 33/ 2023: semana 30-31 (25 julio- 02 agosto 2023) vs. semana 28-29 (10- 19 julio 2023)

I. Justificación

En la Comunidad Autónoma de Andalucía se crea la Red Andaluza de Vigilancia de Aguas Residuales (RAVAR) como indicador de alerta temprana de la propagación de COVID-19 de la que se toma conocimiento por Acuerdo de Consejo de Gobierno el 7 de julio de 2020 (BOJA nº 132, viernes 10 de julio 2020).

Con la información obtenida a través de esta red RAVAR y con la proporcionada por la red VATAR-HEBAR (Red Nacional de Vigilancia de Aguas Residuales), siguiendo las recomendaciones de la Unión Europea (Recomendación (UE) 2021/ 472 de la Comisión de 17 de marzo de 2021), se emite este informe que tiene el objetivo principal de ser una herramienta útil en la vigilancia epidemiológica de la propagación de COVID-19 en la población andaluza mostrando una visión conjunta de los datos disponibles en relación con este indicador en nuestra Comunidad Autónoma.

Los datos son suministrados por los distintos gestores de aguas de la red RAVAR (Sevilla- EMASESA, Córdoba- EMACSA) y por VATAR- HEBAR (a través de tragsatec) tras su determinación en muestras tomadas a la entrada de las Estaciones Depuradoras de Aguas Residuales (EDARs) con periodicidad semanal en algunos casos y quincenal en otros. Además, en las EDARs gestionadas por VATAR- HEBAR (las 8 capitales de provincia, Algeciras, Jerez de la Frontera y Marbella) se realiza un análisis de variantes de SARS-CoV-2 con periodicidad mensual mediante técnica de secuenciación masiva.

II. Datos de las técnicas empleadas y criterios establecidos para analizar la evolución de la carga de SARS-CoV-2 en las aguas residuales

1. Cuantificación de la carga viral

Mediante RT-qPCR se cuantifican las copias de fragmentos de genes víricos presentes en las muestras de aguas residuales (Randazzo *et al.* 2020). La técnica empleada se ajusta al protocolo publicado por el CSIC “Detección de SARS-CoV-2 en aguas residuales (Versión 1.11, noviembre 2020)”. Los resultados obtenidos como copias genómicas de SARS-CoV-2 por litro (cg/l) se expresan en escala logarítmica (\log_{10}). La diferencia de los datos entre la quincena actual y la anterior en cada punto de muestreo nos permite determinar la variación de la carga viral y, según el valor de esta diferencia, se establecen las siguientes categorías :

Variación	Unidades logarítmicas de diferencia
Aumento significativo	Más de +1
Aumento	Entre + 0,4 y +1
Estable	Entre - 0,4 y + 0,4
Disminución	Entre - 0,4 y -1
Disminución significativa	Menos de -1





Nota aclaratoria: 1. Los resultados informados como “ausencia” o “indetectable” se consideran negativos y con valor cuantitativo cero. Los resultados informados como “presencia” se consideran positivos y, por consenso, con valor cuantitativo de 1 Log(10) copias genómicas/litro. En ambos casos el resultado obtenido es inferior al límite de cuantificación de la técnica analítica; 2. En caso de cuantificar varias dianas del virus se tomará el resultado más alto si bien la variación se obtiene como diferencia promedio de todas las dianas.

2. Determinación de variantes de SARS-CoV-2 (sólo en EDARs muestreadas por VATAR-HEBAR)

a) **Análisis semanal (HEBAR)/ quincenal (VATAR):** Mediante RT-qPCR dúplex, el análisis se basa en la detección y estimación de proporciones de mutaciones específicas o identitarias de las principales variantes de preocupación (VOC, *variants of concern*) utilizando como diana el gen que codifica para la glicoproteína S. El resultado se muestra como proporción de variantes (secuencia mutada respecto a secuencia completa del virus) detectadas de forma independiente (no ajustadas al 100% con otras mutaciones/ sublinajes) y su variación corresponde a la diferencia de porcentaje con la semana o quincena anterior.

b) **Análisis mensual:** Mediante técnica de secuenciación masiva (MinION®) y el software Freyja, además de las principales variantes de preocupación (VOC) se determinan variantes de interés (VOI) y variantes de bajo seguimiento (VUM). El resultado se muestra como proporción de variantes (secuencia mutada respecto a secuencia completa del virus) detectadas de forma independiente (no ajustadas al 100% con otras mutaciones/ sublinajes) y según categoría: VOC, VOI o VUM. Este resultado se actualiza en este informe una vez al mes. La categoría y definición de una variante como de “interés”, “preocupación” o “bajo seguimiento” es dinámica y sigue lo indicado por el *European Centre for Disease Prevention and Control* (<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>).

III. Resultados

1. Cuantificación de la carga viral (N=15)

Esta quincena el resultado sigue siendo positivo en todas las EDARs muestreadas (N=15). El análisis cuantitativo comparativo de los datos obtenidos la quincena pasada (25 julio- 02 agosto 2023) respecto a la quincena anterior (10- 19 julio 2023) determina aumento en el 60% de las depuradoras analizadas, siendo este aumento significativo en 4/9, estabilidad en el 33,3% de los casos y disminución significativa en el 6,7% restante (1 caso) (Tabla 1; Figura 2). En la gráfica de variación semanal se observa como en dos casos en los que el descenso llegó a ser inferior al límite de cuantificación de la técnica aumentan de forma significativa (Figura 1).

2. Determinación de variantes de SARS-CoV-2 (sólo EDARs muestreadas VATAR-HEBAR, N=11)

a) **Análisis semanal/ quincenal:** La variante de preocupación (VOC) actualmente analizada es ómicron BA.4, BA.5 y/o sublinajes derivados (deleción 69/70). En el último muestreo es indetectable en todas las EDARs al ser actualmente el linaje más común BA.2.

b) **Análisis mensual (Tabla 2; Figura 3).** Con muestras del mes de JUNIO se realizan las siguientes estimaciones:

Variantes de interés (VOI):

- Ómicron BA.2.75: indetectable en todos los casos.
- Ómicron BQ.1: detectada en 1/11 en muy baja proporción (1%).
- Ómicron XBB: detectada en 10/11 en diferentes proporciones (5- 75%).
- Ómicron XBB.1.5 (*kraken*): detectada en 9/11 en diferentes proporciones (3- 87%).

Variantes de seguimiento (VUM):

- Ómicron FE.1: detectada en 2/11 en baja proporción (3-26%).

Otros sublinajes de interés:

- NI: no identificado/ clasificado: detectados en 11/11 en diferentes proporciones (5- 100%).





Tabla 1. Variación quincenal de la carga genómica de SARS-CoV-2 a la entrada de las EDARs.

Código EDAR	Denominación/ Localización	Provincia	semana 30-31 (copias genómicas SARS-CoV-2/litro)	Variación semana 30-31 vs. 28-29	Diferencia Log (10)
51V	El Bobar	Almería	1,7x10 ⁶	Aumento significativo	+1,45
83H	Algeciras	Cádiz	4,9x10 ⁵	Aumento	+0,64
49V	Cádiz- San Fernando	Cádiz	2,2x10 ⁵	Aumento significativo	+1,01
47V	Jerez de la Frontera	Cádiz	1,0x10 ⁵	Aumento	+1,00
05	La Golondrina	Córdoba	6,8x10 ⁵	Estable	+0,05
04V	Granada Sur	Granada	2,1x10 ⁶	Aumento	+0,82
50V	Huelva	Huelva	8,1x10 ⁴	Aumento	+0,95
48V	Santa Catalina	Jaén	6,3x10 ⁴	Estable	-0,11
06V	Guadalhorce	Málaga	5,5x10 ⁵	Aumento	+0,47
82H	Marbella	Málaga	2,8x10 ⁵	Estable	-0,09
11	Copero	Sevilla	5,1x10 ⁴	Estable	-0,14
12	Ranilla	Sevilla	Presencia	Disminución significativa	-3,78
13	San Jerónimo	Sevilla	3,5x10 ⁴	Estable	-0,11
14	Tablada	Sevilla	2,6x10 ⁴	Aumento significativo	+3,41
15	Mairena- El Viso	Sevilla	2,0x10 ⁴	Aumento significativo	+3,30

Datos Red VATAR (V): El Bobar, Cádiz- San Fernando, Jerez de la Frontera, Granada Sur, Guadalhorce, Huelva y Santa Catalina; Datos Red RAVAR: Copero, Ranilla, San Jerónimo, Tablada y Mairena-El Viso EMASESA. Datos La Golondrina EMACSA; Datos Red HEBAR (H): Algeciras, Marbella; PRESENCIA: Resultado inferior al límite de cuantificación de la técnica (<LC 1,6x10⁴).





Figura 1. Evolución semanal de la carga viral (expresada en unidades logarítmicas) en EDARs con mayor periodicidad de muestreo (sólo en EDARs muestreadas por RAVAR- HEBAR, N=8).

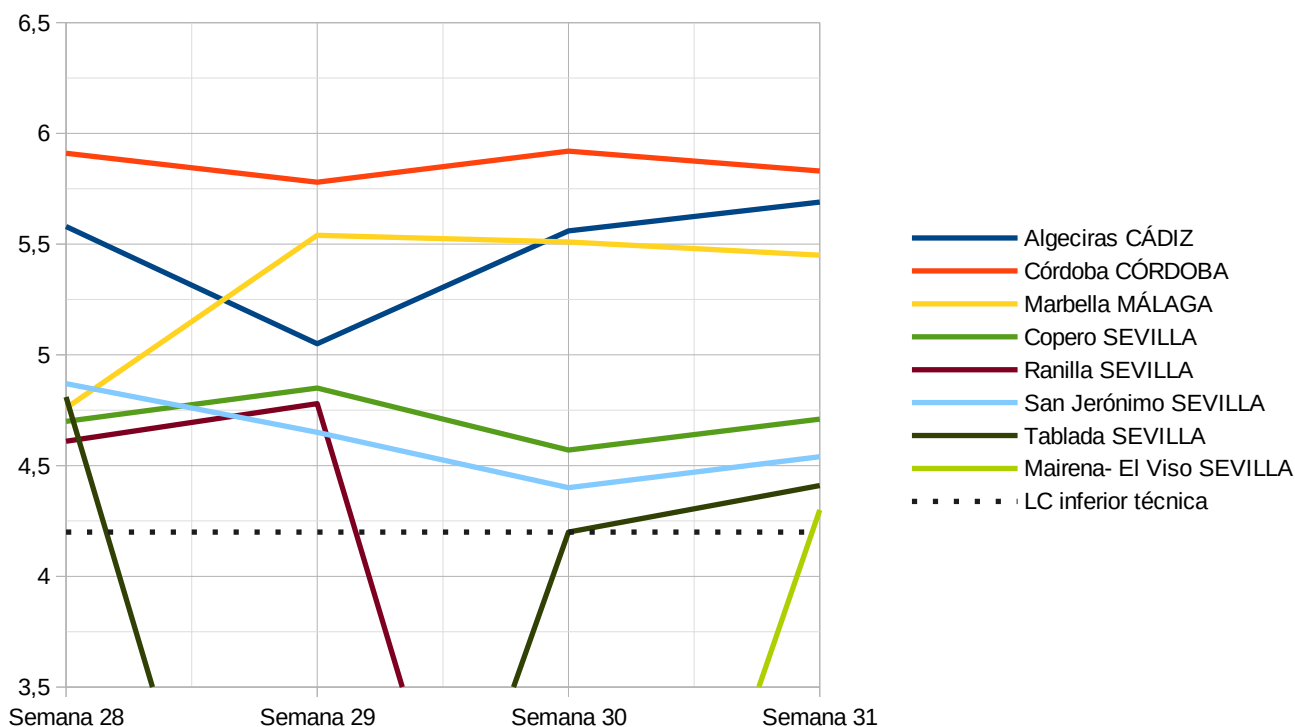


Tabla 2. Estimación mensual cuantitativa de variantes detectadas en mayor proporción mediante técnica de secuenciación masiva (sólo en EDARs muestreadas por VATAR- HEBAR, N=11). JUNIO 2023.

Código EDAR	Denominación/ Localización	Provincia	Ómicron sublinaje mes MAYO	% estimado mes de JUNIO
51V	El Bobar	Almería	NI	100
83H	Algeciras	Cádiz	XBB	50
49V	Cádiz- San Fernando	Cádiz	XBB.1.5	83
47V	Jerez de la Frontera	Cádiz	XBB.1.5	52
03V	La Golondrina	Córdoba	XBB	43
04V	Granada Sur	Granada	NI	48
50V	Huelva	Huelva	XBB.1.5	87
48V	Santa Catalina	Jaén	XBB	62
06V	Guadalhorce	Málaga	XBB	75
82H	Marbella	Málaga	NI	57
10V	San Jerónimo	Sevilla	XBB	50



Figura 2. Representación geográfica de los datos de variación en los puntos de muestreo (QGIS 3.16).

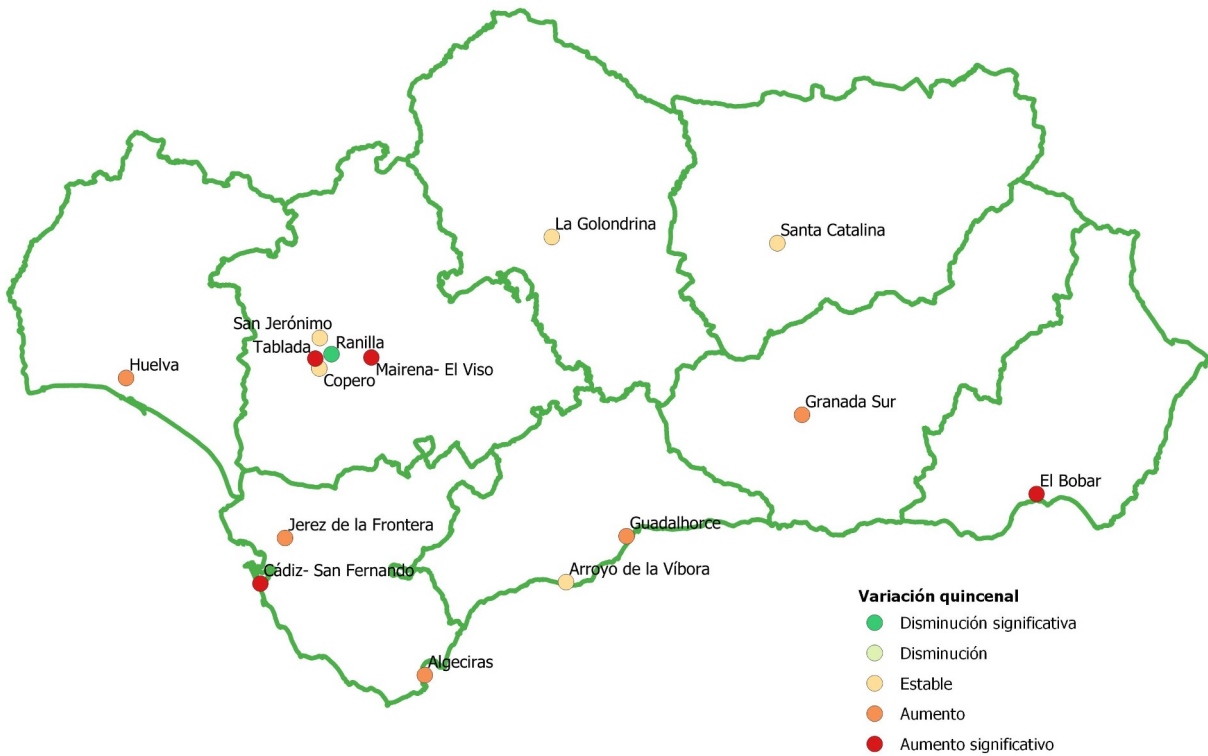
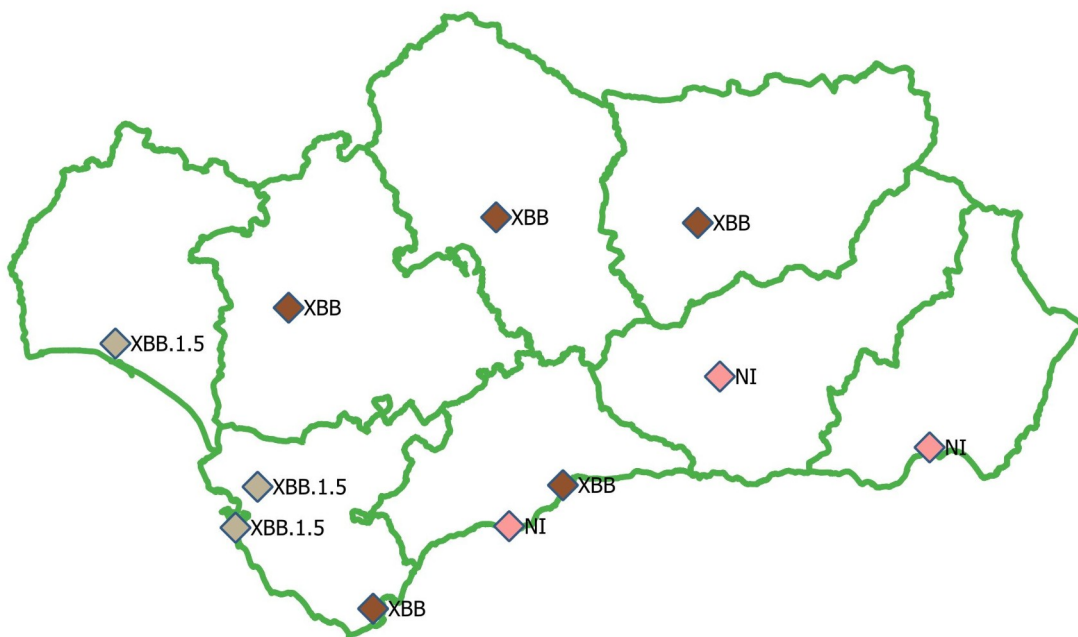


Figura 3. Variante detectada en mayor proporción en los distintos territorios en el análisis de secuenciación mensual. JUNIO 2023.





IV. Conclusiones

Los últimos datos de variación quincenal muestran un aumento mayoritario, que es además significativo casi en la mitad de los casos. El aumento se produce no sólo en la costa, sino también en ciudades como Sevilla o Granada, e incluso supera el millón de copias genómicas por litro en el caso de Granada y Almería.

La variante de preocupación, Ómicron y subvariantes BA.4, BA.5 y sublinajes, es indetectable en todas las depuradoras muestreadas al ser actualmente el linaje BA.2 el más frecuente.

El análisis de secuenciación mensual correspondiente a muestras tomadas en el mes de junio revela momento de cambios. El mes pasado la variante Ómicron XBB.1.5, conocida coloquialmente como *kraken*, era mayoritaria en todas las localizaciones, sin embargo, aparece en el mes de junio en escena XBB y también un sublinaje no clasificado que es mayoritario en Almería, Granada y Marbella.

SERVICIO DE SALUD AMBIENTAL
SUBDIRECCIÓN DE PROTECCIÓN DE LA SALUD
DG DE SALUD PÚBLICA Y ORDENACIÓN FARMACÉUTICA