

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

Semana 26/ 2024: semana 22-23 (27 mayo- 05 junio 2024) vs. semana 20-21 (13- 22 mayo 2024)

I. Justificación

En la Comunidad Autónoma de Andalucía, con la proporcionada por la red VATAR- HEBAR (Red Nacional de Vigilancia de Aguas Residuales), y 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 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, con periodicidad mensual, se realiza un análisis de variantes de SARS-CoV-2 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

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).

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 bajo seguimiento (VUM). En este informe se muestra el resultado de la variante detectada en mayor proporción (no ajustadas al 100% con otras mutaciones/ sublinajes). 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=11)

El análisis cuantitativo de variación quincenal determina estabilidad en el 54,5% de las EDARs, aumento en el 27,3% y disminución en el 18,2% restante, que en ningún caso son variaciones significativas.

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

Código EDAR	Denominación/ Localización	Provincia	Semana 22-23 (copias genómicas SARS-CoV-2/litro)	Variación semana 22-23 vs. 20-21	Diferencia Log (10)
51V	El Bobar	Almería	5,2x10 ⁵	Estable	+0,17
83H	Algeciras	Cádiz	1,4x10 ⁶	Estable	+0,03
49V	Cádiz- San Fernando	Cádiz	3,5x10 ⁵	Estable	-0,29
47V	Jerez de la Frontera	Cádiz	3,1x10 ⁵	Disminución	-0,92
03V	La Golondrina	Córdoba	5,0x10 ⁶	Aumento	+0,52
04V	Granada Sur	Granada	1,1x10 ⁷	Estable	+0,38
50V	Huelva	Huelva	1,4x10 ⁶	Aumento	+0,48
48V	Santa Catalina	Jaén	1,1x10 ⁶	Disminución	-0,59
06V	Guadalhorce	Málaga	1,5x10 ⁶	Aumento	+0,52
82H	Marbella	Málaga	3,4x10 ⁵	Estable	+0,10
10V	San Jerónimo	Sevilla	4,2x10 ⁶	Estable	+0,28

Datos Red VATAR (V): Almería, Cádiz, Córdoba, Granada, Huelva, Jaén, Jerez, Málaga y Sevilla; Datos Red HEBAR (H): Algeciras y Marbella.





Figura 1. Evolución semanal de la carga viral (expresada en unidades logarítmicas) en EDARs con mayor periodicidad de muestreo (EDARs muestreadas por HEBAR, N=2).

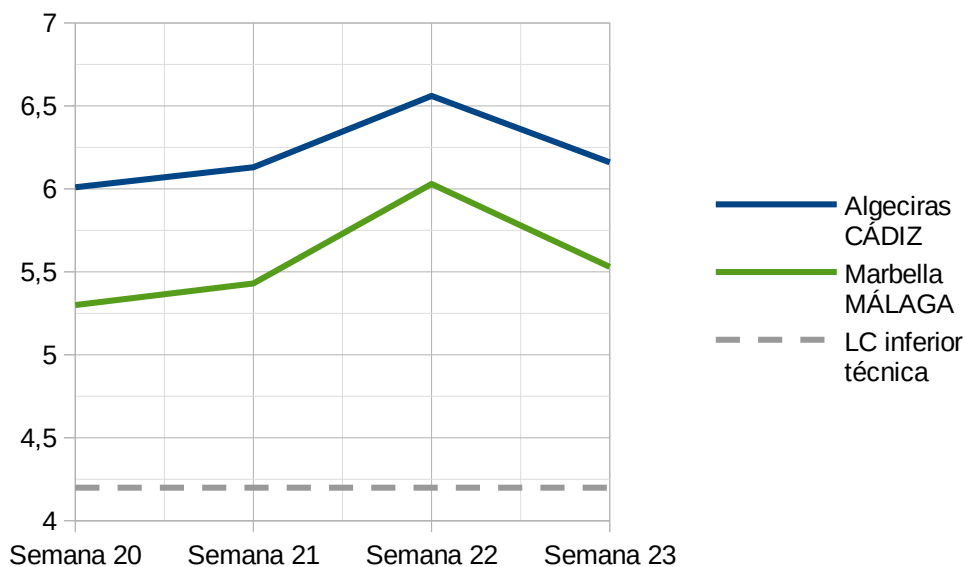
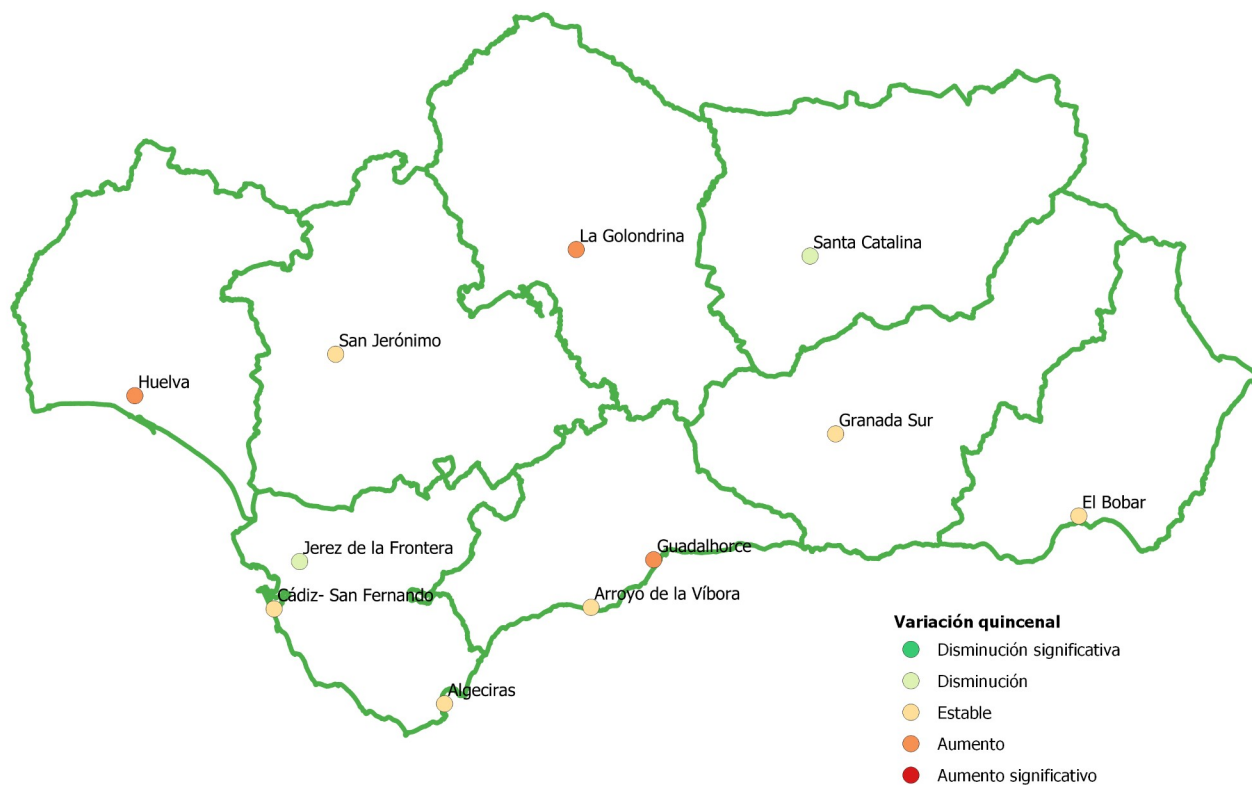


Figura 2. Representación geográfica de los datos de variación en los puntos de muestreo (QGIS 3.16).



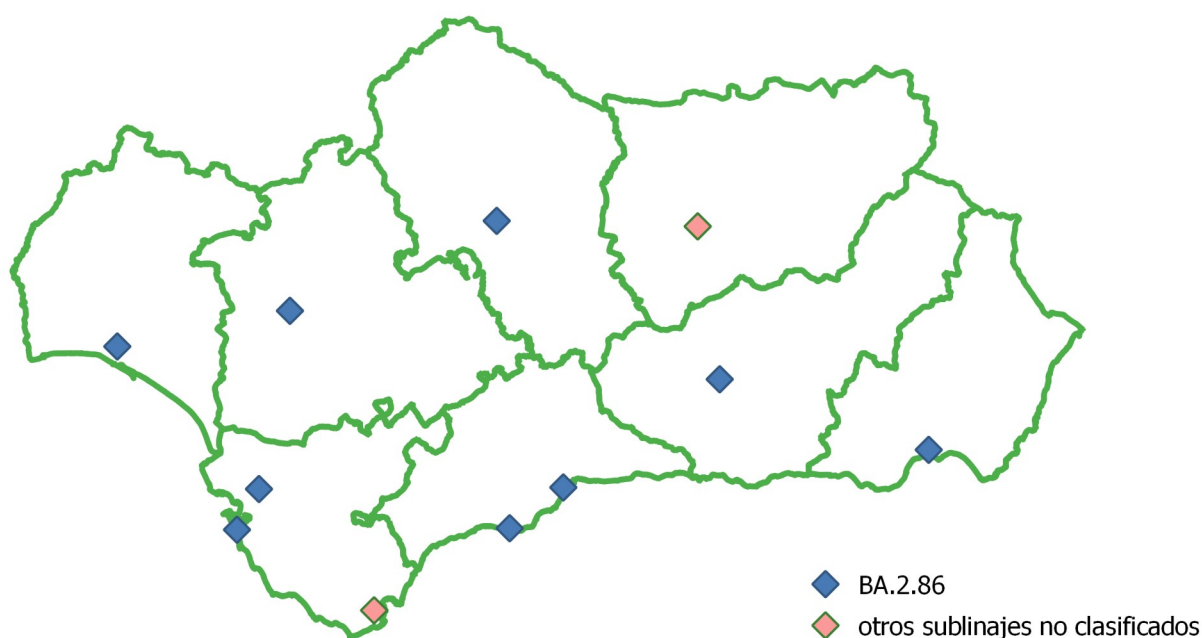


2. Determinación de variantes de SARS-CoV-2 (N=11)

a) Análisis semanal/ quincenal: La variante de interés (VOI) actualmente analizada es ómicron BA.2.86 (ins16MPLF) detectada en todas las EDARs en un porcentaje estimado del 100%.

b) Análisis mensual (Figura 3). Con muestras del mes de MAYO se realizan las siguientes estimaciones: la mutación específica del sublinaje BA.2.86 de Ómicron (ins16MPLF) y los derivados de este (como JN.1, o sus linajes descendientes KP.2 y KP.3) se detectan en mayor proporción en 9/11 en un rango entre el 59% y el 99% (JN.1 supone el 31- 99%). En Algeciras y Jaén el mayor porcentaje detectado, entre el 67 y el 99%, se corresponde con un sublinaje aún no clasificado.

Figura 3. Variantes de SARS-CoV-2 detectada en mayor proporción en los distintos territorios en el análisis de secuenciación mensual. MAYO 2024.



IV. Conclusiones

En el análisis comparativo de los resultados obtenidos a finales de mayo respecto a los obtenidos a principios de junio se observa un aumento generalizado en las cifras, llegando en Granada a detectarse hasta 7 unidades logarítmicas de copias genómicas por litro .

Mediante RT-qPCR dúplex, la variante de interés analizada es Ómicron BA.2.86 con la mutación ins16MPLF, que se estima presente en un 100% en todas las EDARs analizadas.

El análisis de secuenciación mensual correspondiente a muestras tomadas en el mes de MAYO determina que la variante BA.2.86 (y su derivada JN.1) son las más predominantes en Andalucía.