

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

Semana 16/ 2023: semana 15 (10- 16 abril 2023) vs. semana 14 (03- 09 abril 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. Además, en las EDARs gestionadas por VATAR- HEBAR (las 8 capitales de provincia y Jerez de la Frontera) 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 semana 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)

a) **Análisis semanal:** 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* por sus siglas en inglés) 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 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=13)**

Esta semana el resultado sigue siendo positivo en todas las EDARs muestreadas (N=13). El análisis cuantitativo comparativo de los datos obtenidos la semana pasada (10- 16 abril 2023) respecto a la semana anterior (03- 09 abril 2023) determina estabilidad en el 100% de las depuradoras analizadas. En términos cuantitativos se supera el millón de copias genómicas por litro en el 69,2% de los casos (Tabla 1; Figura 1).

2. **Determinación de variantes de SARS-CoV-2 (sólo EDARs muestreadas por VATAR-HEBAR, N=9)**

a) **Análisis semanal:** La variante de preocupación (VOC) actualmente analizada es ómicron BA.4, BA.5 y/o sublinajes derivados (delección 69/70). Esta semana sólo se detecta en Granada de forma residual (1%) (Tabla 2).

b) **Análisis mensual:** Con muestras del mes de marzo se realizan las siguientes estimaciones:

Variantes de interés (VOI):

- Ómicron BA.2.75: detectada en 2/9 en proporción media (50% en Málaga y Jaén).
- Ómicron BQ.1: detectada en 3/9 en baja- muy baja proporción (1- 11%).
- Ómicron XBB: detectada en 7/9 en baja proporción (10- 26%).
- Ómicron XBB.1.5 (*kraken*): detectada en 7/9 en proporción media- alta (38- 83%).

Variantes de seguimiento (VUM):

- Ómicron XBC: detectada en 1/9 en muy baja proporción (Granada 1%).
- Ómicron BN.1: detectada en 1/9 en baja proporción (Jaén 23%).

Otros sublinajes de interés:

- Ómicron BQ.1.1: detectada en 3/9 en baja- muy baja proporción (1- 27%).





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

Código EDAR	Denominación/ Localización	Provincia	semana 15 (copias genómicas SARS-CoV-2/litro)	Variación semana 15 vs. 14	Diferencia Log (10)
51V	El Bobar	Almería	1,3x10 ⁶	Estable	0
49V	Cádiz- San Fernando	Cádiz	1,5x10 ⁶	Estable	+0,21
47V	Jerez de la Frontera	Cádiz	1,3x10 ⁶	Estable	+0,15
05	La Golondrina	Córdoba	8,3x10 ⁵	Estable	+0,18
04V	Granada Sur	Granada	2,7x10 ⁶	Estable	-0,14
50V	Huelva	Huelva	4,0x10 ⁶	Estable	-0,20
48V	Santa Catalina	Jaén	1,4x10 ⁶	Estable	+0,09
06V	Guadalhorce	Málaga	8,9x10 ⁵	Estable	-0,21
11	Copero	Sevilla	1,4x10 ⁶	Estable	-0,23
12	Ranilla	Sevilla	1,4x10 ⁶	Estable	+0,29
13	San Jerónimo	Sevilla	2,7x10 ⁶	Estable	-0,21
14	Tablada	Sevilla	7,0x10 ⁵	Estable	-0,33
15	Mairena- El Viso	Sevilla	5,4x10 ⁵	Estable	-0,37

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.

Figura 1. Representación geográfica de los datos de variación en los puntos de muestreo (QGIS 3.16).

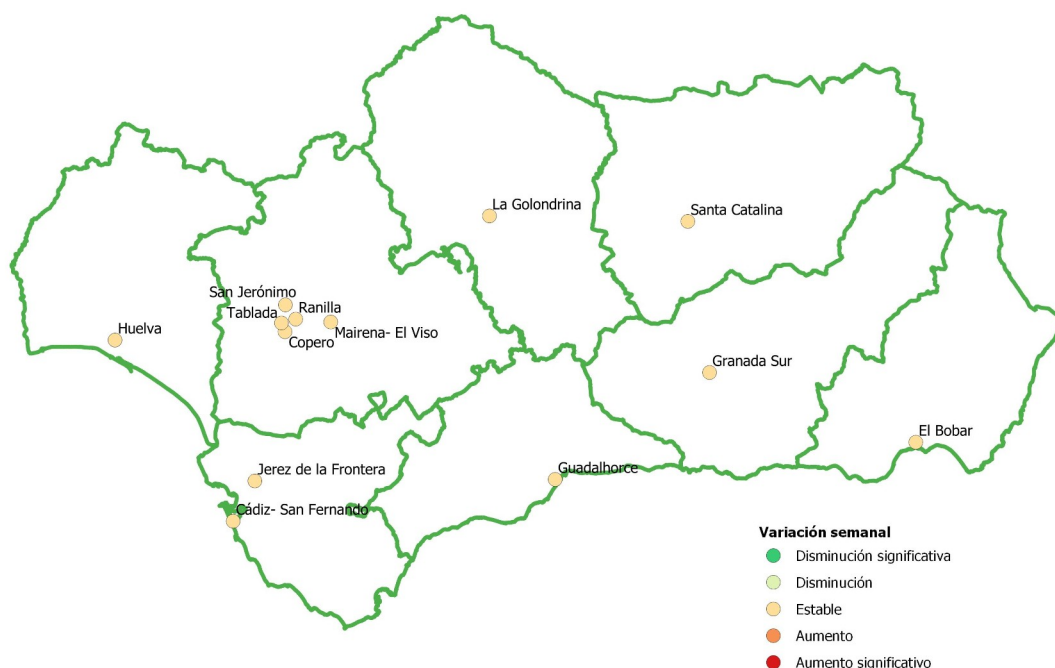




Tabla 2. Estimación semanal de la principal variante de preocupación analizada mediante RT-qPCR dúplex (sólo en EDARs muestreadas por VATAR- HEBAR, N=9).

Código EDAR	Denominación/ Localización	Provincia	% ¹ Ómicron BA.4, BA.5 y/o sublinajes derivados (deleción 69/70) semana 15	Variación ² semana 15 vs. 14
51V	El Bobar	Almería	0	0
49V	Cádiz- San Fernando	Cádiz	0	0
47V	Jerez de la Frontera	Cádiz	0	0
03V	La Golondrina	Córdoba	0	0
04V	Granada Sur	Granada	1	+1
50V	Huelva	Huelva	0	0
48V	Santa Catalina	Jaén	0	0
06V	Guadalhorce	Málaga	0	0
10V	San Jerónimo	Sevilla	0	0

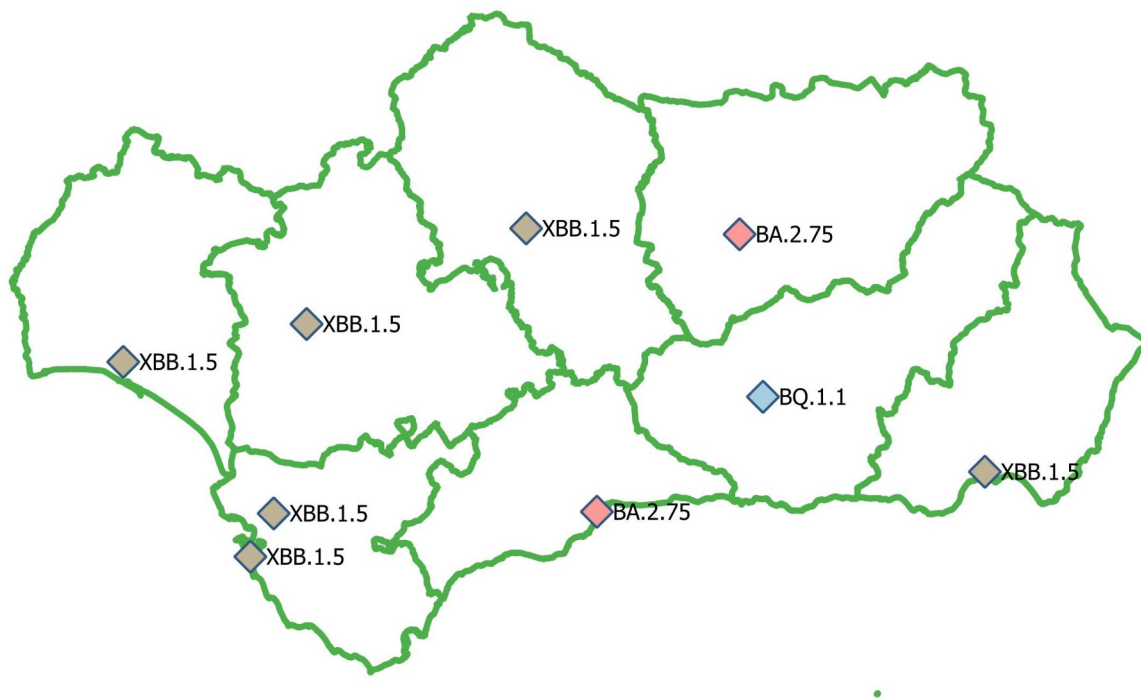
¹proporción estimada con respecto a la secuencia completa del virus (no ajustada al 100% con otras mutaciones/ sublinajes); ²diferencia de proporción entre la semana actual y la previa en cifras absolutas.

Tabla 3. Estimación cuantitativa de variantes detectadas en mayor proporción mediante técnica de secuenciación masiva (sólo en EDARs muestreadas por VATAR- HEBAR, N=9). MARZO 2023.

Código EDAR	Denominación/ Localización	Provincia	Ómicron sublinaje mes marzo	% estimado mes de marzo
51V	El Bobar	Almería	XBB.1.5	77
49V	Cádiz- San Fernando	Cádiz	XBB.1.5	79
47V	Jerez de la Frontera	Cádiz	XBB.1.5	83
03V	La Golondrina	Córdoba	XBB.1.5	80
04V	Granada Sur	Granada	BQ.1.1	27
50V	Huelva	Huelva	XBB.1.5	64
48V	Santa Catalina	Jaén	BA.2.75	50
06V	Guadalhorce	Málaga	BA.2.75	50
10V	San Jerónimo	Sevilla	XBB.1.5	57



Figura 2. Variante detectada en mayor proporción en los distintos territorios en el análisis de secuenciación mensual. MARZO 2023.



IV. Conclusiones

Esta semana, tras el aumento producido en Sevilla y Jerez la semana pasada, las cifras se mantienen y encontramos en la totalidad de Andalucía estabilidad en términos de variación.

La variante de preocupación, Ómicron y subvariantes BA.4, BA.5 y sublinajes, se detecta únicamente en Granada de forma anecdótica, confirmando la poca relevancia que ha mostrado en las últimas semanas.

El análisis mensual correspondiente al mes de marzo revela el aumento generalizado y exponencial de la variante Ómicron XBB.1.5, conocida coloquialmente como *kraken*, siendo la variante detectada en mayor proporción y en mayor número de provincias. Ómicron BA.2.75 es la siguiente variante más frecuente, en este caso en Jaén y Málaga. Por último, Ómicron BQ.1.1 es la variante detectada en mayor proporción en Granada.