

Informe Técnico de la Vigilancia Ambiental de las Aguas Residuales



MINISTERIO
DE SANIDAD



2022

Directora General de Salud Pública. Ministerio de Sanidad

Pilar Aparicio Azcárraga

Subdirectora General de Sanidad Ambiental y Salud Laboral. Ministerio de Sanidad

Covadonga Caballo Diéguez

Redacción:

Margarita Palau Miguel. Ministerio de Sanidad

Esperanza Guevara Alemany. Ministerio de Sanidad

Bárbara Cuadrado Velasco. TRAGSATEC

Colaboración:

Dirección General de Salud Digital del Ministerio de Sanidad

Dirección General del Agua del Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico

Ministerio de Sanidad

Dirección General de Salud Pública

2023

ÍNDICE

1. PRESENTACIÓN	4
2. DATOS GLOBALES	5
3. INTRODUCCIÓN	6
4. MATERIAL Y MÉTODO	8
4.1. ÁMBITO TERRITORIAL	8
4.2. UNIDAD DE INFORMACIÓN	8
4.3. TOMA DE MUESTRAS	9
4.4. FRECUENCIA DE MUESTREO	10
4.5. MÉTODO DE ANÁLISIS Y DIANAS GENÉTICAS MOLECULARES	10
4.6. PRESENTACIÓN DE RESULTADOS	11
5. RESULTADOS	15
5.1 EDAR OBJETO DE ESTUDIO	15
5.2. MUESTREOS	15
5.3. LABORATORIOS	16
5.4. DIANAS	17
5.5. RESULTADOS DE SARS-COV-2 EN AGUAS RESIDUALES	18
6. EVOLUCIÓN	19
7. SECUENCIACIÓN	19
8. RESUMEN	19
9. ESTRATEGIA NACIONAL, 2022-2024	19
10. BIBLIOGRAFÍA	19
11. ANEXO	19

1. PRESENTACIÓN

El control del material genético del SARS-CoV-2 en aguas residuales puede ser una fuente de información rentable, rápida y fiable sobre la propagación del SARS entre la población y puede constituir una parte valiosa de una vigilancia genómica y epidemiológica reforzada.

El seguimiento de las aguas residuales debe considerarse un enfoque complementario de las estrategias de vigilancia y detección de la COVID 19, e importante para el proceso de toma de decisiones en materia de salud pública en el contexto de la actual pandemia. Se trata de una herramienta para observar tendencias y podría servir para distintos fines en las diferentes fases de una epidemia. En concreto, la vigilancia de aguas residuales puede utilizarse con fines preventivos o de alerta temprana ya que la detección del virus en agua residuales debe considerarse como un indicador de su posible (re-)aparición.

Por ello, es una satisfacción presentar el **tercer informe** técnico sobre la vigilancia del SARS-CoV-2 en aguas residuales en España.

Pilar Aparicio Azcárraga
Directora General de Salud Pública

2. DATOS GLOBALES

EDARs
CONTROLADAS

112

PUNTOS DE
MUESTREO

112

NÚMERO DE
MUESTREOS

5.073

SEMANAS DE
MUESTREOS

52

DIANAS
GENÉTICAS
CONTROLADAS

**N1, N2,
IP4, E**

% POBLACIÓN
REPRESENTADA

39,2%

3. INTRODUCCIÓN

Ante la situación generada por la pandemia de COVID-19 y su impacto en la salud pública, surgieron varias investigaciones científicas en los primeros meses de 2020, tanto a nivel nacional como internacional, que relacionaban la presencia de material genético del virus SARS-CoV-2 (causante de la COVID-19) en las aguas residuales con los casos contrastados de infección por el coronavirus.

Se ha descrito en la literatura cómo el virus SARS-CoV-2 utiliza a la enzima transformadora de la angiotensina 2 (angiotensin-converting enzyme 2, ACE2) como receptor para la entrada en sus células diana. Se ha demostrado la abundante expresión de dicho receptor ACE2 en el epitelio del intestino delgado, lo que permite la replicación del virus en el tracto intestinal. ⁽¹⁾⁽²⁾ Esto evidencia que la información que aporta la vigilancia de presencia de material genético de SARS-CoV-2 en las redes de saneamiento y estaciones depuradoras de aguas residuales (EDAR) es valiosa para estudiar la incidencia de la COVID-19 en distintas ubicaciones geográficas. Una gran ventaja de la monitorización de aguas residuales radica en que no sólo se estima la carga viral derivada de casos sintomáticos, sino que también se detecta aquella procedente de las deposiciones de personas asintomáticas o erróneamente diagnosticadas. ⁽³⁾

En el segundo trimestre de 2020, en España se inició la detección del material genético del virus SARS-CoV-2 en aguas residuales con el objetivo de implantar un sistema de alerta temprana epidemiológica y una red de vigilancia ambiental, para evaluar el riesgo de propagación del coronavirus a través de dichas aguas. Concretamente, se puso en marcha el proyecto de vigilancia microbiológica en aguas residuales y aguas de baño como indicador epidemiológico para un sistema de alerta temprana y detección precoz de SARS-CoV-2 denominado VATar COVID-19, impulsado por el Ministerio para la Transición Ecológica y Reto Demográfico (MITECO) junto al Ministerio de Sanidad (MSAN).

Por otro lado, y de forma complementaria, la mayor parte de las Comunidades Autónomas (CCAA) desarrollaron sus propios proyectos en este sentido. De cara a planificar un sistema de información que recogiera todos los datos obtenidos a nivel nacional, el MSAN preparó y remitió en el mes de abril plantillas adecuadas para que aquellas CCAA que tuvieran planes propios pudieran remitir los datos de forma homogénea.

La experiencia adquirida ha servido para conocer la contribución real de la Sanidad Ambiental a la gestión de la pandemia, destacando su utilidad como herramienta de alerta temprana y de observación de tendencias epidemiológicas, aunque no como criterio absoluto para extraer conclusiones sobre la prevalencia de la COVID-19 en la población. El intercambio de información y cooperación entre países que han desarrollado eficazmente

métodos de detección y seguimiento del virus en aguas residuales servirá para crear estrategias de control frente a futuras amenazas que susciten preocupación. Según recomendaciones de la Unión Europea, ⁽⁴⁾ el control de las aguas residuales supone un enfoque complementario e independiente de las estrategias de vigilancia clínica de la COVID-19, pero nunca un sustituto. Los resultados han de ser analizados con las precauciones adecuadas y con conocimientos en la materia, pues la cuantificación de la presencia de SARS-CoV-2 en el agua residual se ve afectada por múltiples factores, como son las precipitaciones, el momento de la recogida de las muestras, o los vertidos extraordinarios, entre otros muchos.

En resumen, la finalidad de este informe es exponer y documentar las actividades que se han realizado en España en el año 2022 en relación a la detección de material genético del coronavirus SARS-CoV-2 en las aguas residuales. Las acciones realizadas en 2022 por parte del MSAN se enumeran a continuación:

- Búsqueda de bibliografía internacional y nacional actualizada referente a la vigilancia epidemiológica de SARS-CoV-2 en aguas residuales.
- Coordinación junto al MITECO del grupo de trabajo “Control de SARS-CoV-2 en agua residual como indicador epidemiológico de alerta temprana” (VATar COVID-19).
- Propuesta de 112 EDARs para su participación en el proyecto.
- Gestión de la información notificada por las CCAA y el proyecto VATar COVID-19.
- Participación en webinars sobre el tema, concretamente, 8 nacionales y 12 internacionales.
- Coordinación internacional con la Unión Europea para reportar datos.

4. MATERIAL Y MÉTODO

4.1. Ámbito territorial

Atendiendo a la incidencia de COVID-19 durante las diferentes olas de la pandemia, y tratando de controlar una parte significativa de la población, para iniciar los trabajos de detección de material genético de SARS-CoV-2 en las aguas residuales a nivel nacional se seleccionaron núcleos poblacionales según los siguientes criterios:

- Núcleos con poblaciones mayores de 150.000 habitantes.
- Capitales de provincia y CCAA.
- Municipios más castigados por la pandemia.

El número de municipios que han intervenido en este informe ha sido de **355**, lo que representa el **39,2%** de la población española (según los últimos datos oficiales del INE, la población total de España en 2022 fue de: 47.615.034 habitantes).

4.2. Unidad de información

La unidad de información en este informe son las **EDAR** que han remitido datos al MSAN durante 2022, independientemente del caudal nominal tratado, sumando un total de **112** depuradoras divididas en:

- A.** EDAR incluidas en el Proyecto VATar COVID-19 (n=54).
- B.** EDAR incluidas en proyectos propios de diferentes CCAA (n=58, 2 como parte de proyectos locales y 56 de proyectos autonómicos).

En el Anexo se listan las **112** EDAR, distinguiéndolas por proyecto. En la Figura 1 se representa la localización de las diferentes EDAR participantes: COVID-19.

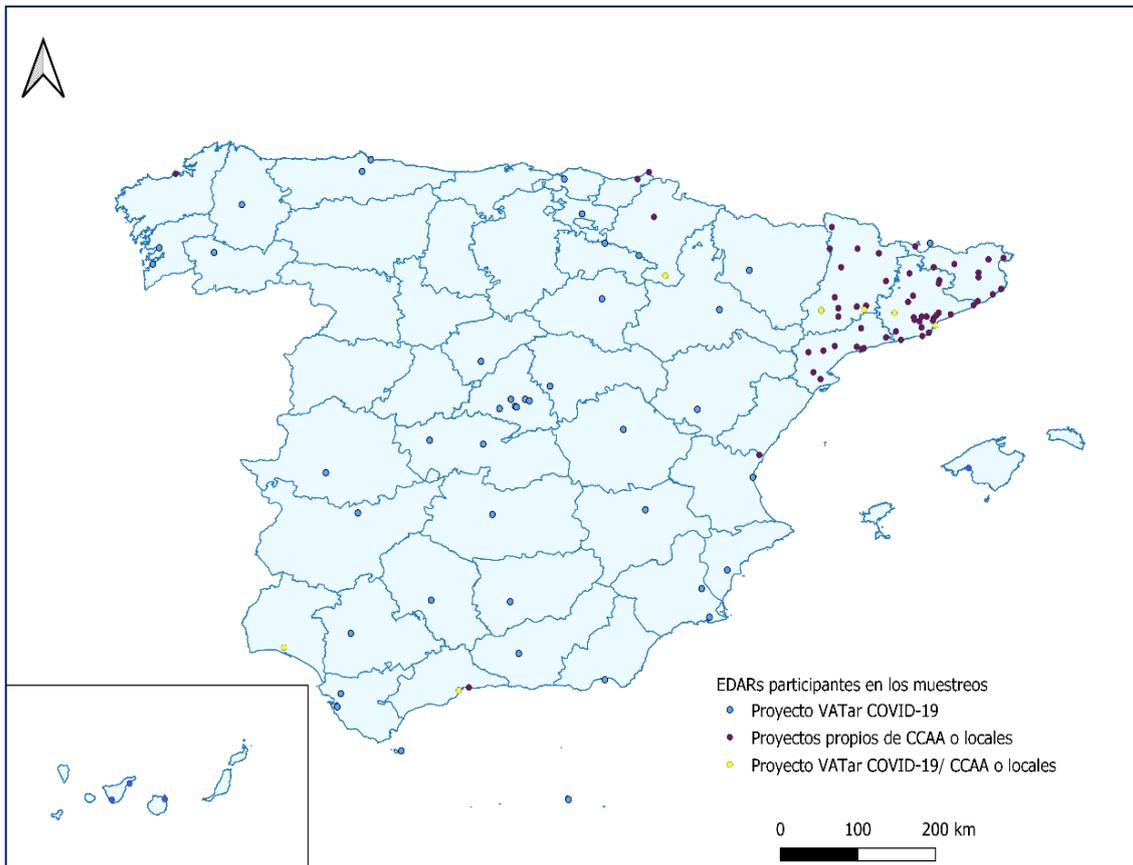


Figura 1. Localización de las EDAR que participaron en la vigilancia epidemiológica de SARS-CoV-2 en aguas residuales durante el año 2022.

4.3. Toma de muestras

Para el control de material genético del SARS-CoV-2 en aguas residuales en España, se aplicó mayoritariamente la toma de muestras simple, aunque en algunos puntos de muestreo también se recogieron muestras compuestas.

Dentro del proyecto VATar COVID-19, el "**Protocolo detección de SARS-CoV-2 en aguas residuales-VATar**"⁽⁵⁾ fue desarrollado como método estándar en colaboración con los cuatro laboratorios participantes: 1) el Grupo de Conservación y Seguridad Alimentaria del Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IATA), 2) el Grupo de Calidad, Seguridad y Bioactividad de Alimentos Vegetales del Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS), ambos pertenecientes al Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), 3) el Laboratorio de Virus Entéricos de la Universidad de Barcelona y 4) el Grupo de Investigación de Patología en Acuicultura (GIPA) de la Universidad de Santiago de Compostela.

4.4. Frecuencia de muestreo

En general, se estableció una frecuencia mínima de muestreo de al menos 1 vez por semana, siempre el mismo día de la semana y a la misma hora, tratando de coincidir con el momento de máxima carga fecal.

Con respecto a los proyectos propios de las diferentes CCAA, **58** EDAR notificaron datos al MSAN y a las autoridades sanitarias de las CCAA y Confederaciones Hidrográficas, con una frecuencia de 1 muestra a la semana, aunque en algunos casos era 1 muestra cada dos semanas. Muy pocas EDARs realizaban 2 muestreos por semana.

4.5. Método de análisis y dianas genéticas moleculares

La presencia de SARS-CoV-2 en aguas residuales se determina mediante la detección de su material genético (ARN) a través de análisis de tipo RT-qPCR sobre diversas dianas genéticas moleculares. La técnica RT-qPCR se basa en la retrotranscripción (RT) del genoma de ARN del virus para transformarlo en ADN complementario (ADNc) que es usado como molde en una reacción en cadena de la polimerasa o PCR, para amplificar regiones específicas del material genético del virus, las denominadas dianas genéticas moleculares. Además, al tratarse de una PCR a tiempo real (qPCR), la técnica permite no sólo la detección de las dianas sino también su cuantificación absoluta utilizando curvas patrón de material de referencia. Las dianas utilizadas para la detección del SARS-CoV-2 fueron:

- **IP4.** Marcador molecular dentro de la región codificante para la proteína "ARN polimerasa dependiente de ARN" (abreviada como RdRp por sus siglas en inglés). Se cuantifica de acuerdo a protocolos propios de los laboratorios, desarrollados a partir del propuesto por el Instituto Pasteur (2020). ⁽⁶⁾
- **E.** Marcador molecular dentro de la región que codifica para la proteína de la envoltura del virus. Se cuantifica de acuerdo a protocolos propios de los laboratorios involucrados, desarrollados a partir del propuesto por Corman et al (2020). ⁽⁷⁾
- **N1** y **N2.** Marcadores moleculares localizados en la región codificante de la proteína de la nucleocápside del virus. Se cuantifican de acuerdo a protocolos propios de los laboratorios, desarrollados a partir del propuesto por el Centro de Control y Prevención de Enfermedades de los Estados Unidos (CDC).

En el proyecto VATar COVID-19 se controlaron las tres primeras dianas (IP4, E y N1) (Figura 2), mientras que en los denominados proyectos propios los marcadores moleculares variaron de un caso a otro. Para establecer el concepto de positividad de las dianas analizadas, los laboratorios siguieron los criterios de normas de calidad específicas de la Recomendación de la

Comisión Europea 2021/472. Por tanto, se determinó como muestra positiva aquella cuyo valor umbral del ciclo de cuantificación (Cq: quantification cycle) sea menor de 40. Los laboratorios cuantifican los resultados en copias genómicas de virus SARS-CoV-2 por litro (cg/l).

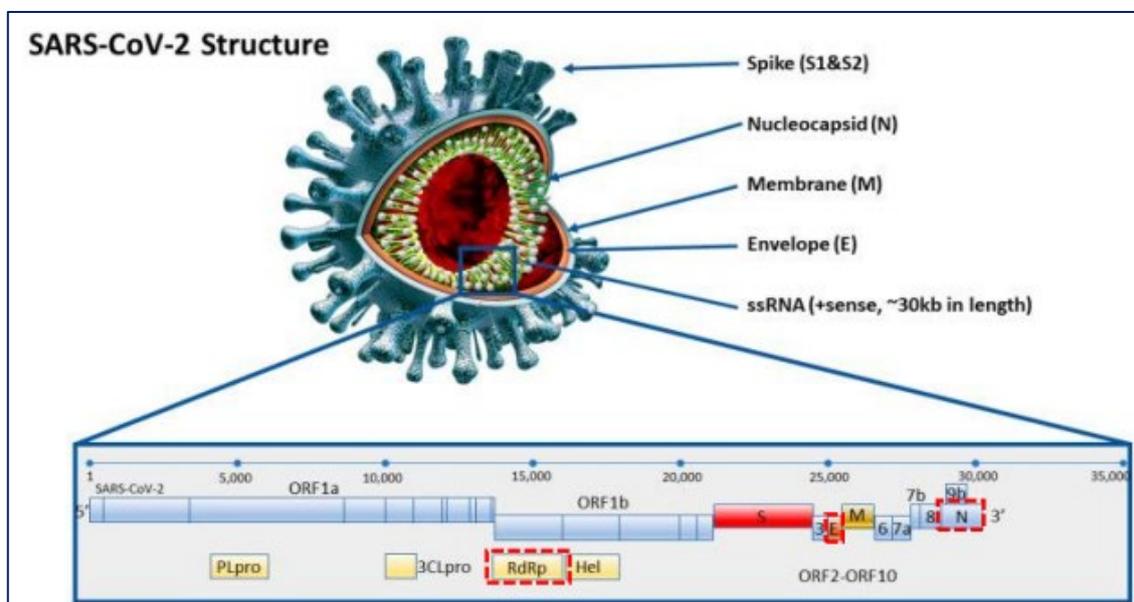


Figura 2. Principales dianas utilizadas para la detección de SARS-CoV-2 mediante RT-qPCR. Se han resaltado con líneas discontinuas de color rojo las dianas genéticas utilizadas en el proyecto. Fuente: Kubina and Dziedzic. ⁽⁸⁾

Cabe mencionar que existen numerosos factores que hacen que el resultado de algunas de las muestras no se corresponda con la realidad epidemiológica, lo cual dificulta la construcción de un modelo predictivo sólido. Entre estos factores pueden destacarse la dilución de la muestra por pluviosidad, la presencia de sustancias inhibidoras de la PCR o la degradación del material genético por altas temperaturas, entre otros. ⁽⁹⁾

4.6. Presentación de resultados

Dado que en muchos territorios ya tenían instaurado desde marzo de 2020 el control del material genético del SARS-CoV-2 en sus aguas residuales, en ausencia de un sistema de información nacional, en la primera semana de julio de 2020 se elaboraron unas plantillas en el software Excel para que la notificación de los datos fuera lo más homogénea posible. Posteriormente, en septiembre de 2021, se diseñaron unos cuestionarios web donde los operadores podían notificar sus resultados.

Los resultados deben verificarse con otros indicadores de vigilancia epidemiológica para conocer la evolución de la epidemia en las zonas de estudio. Asimismo, es importante asegurarse de que la escala en la que se

presentan los datos sea siempre la misma, de lo contrario esto afectaría a la interpretación de los mismos y su representación en gráficos.

Valoración de la evolución semanal

Mientras que la concentración del material genético es expresada por el laboratorio en cg/l, debido a las magnitudes y rangos de los datos, estos se transforman a escala logarítmica (\log_{10} cg/l). Esta escala utiliza el logaritmo en base 10 del valor determinado. Dependiendo de cada proyecto, se utilizan diferentes baremos para valorar la evolución semanal de resultados y la forma de reportarlos. A continuación, mencionamos tres proyectos que realizan detección de COVID-19 en aguas residuales.

Para describir la evolución epidemiológica semanal, en el [proyecto VATar COVID-19](#) se calcula la variación de la cuantificación en unidades logarítmicas entre un resultado y el obtenido la semana anterior, clasificándose en las categorías que aparecen en la Tabla 1.

Tabla 1. Intervalos para la valoración semanal de la evolución de la concentración de material genómico en agua residual en el proyecto VATar COVID-19.

	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	Más de -1

En el caso del proyecto [SARSAIGUA](#), proyecto propio de la Comunidad Autónoma de Cataluña, el estudio de la tendencia de variación respecto a la semana anterior se calcula de la misma forma usando unidades logarítmicas (Tabla 2).

Tabla 2. Intervalos para la valoración semanal de la evolución de la concentración de material genómico en agua residual en el proyecto SARSAIGUA (Cataluña).

	VARIACIÓN	UNIDADES LOGARÍTMICAS DE DIFERENCIA
↑↑↑	Aumento significativo	Entre +1 y ∞
↑	Aumento	Entre +0,4 y +1
=	Estable	Entre -0,4 y +0,4
↓	Disminución	Entre -0,4 y -1
↓↓↓	Disminución significativa	Más de -1

Por otro lado, en la Comunidad Autónoma de Madrid, se puso en marcha el proyecto autonómico [Sistema Vigía](#), impulsado por el Canal de Isabel II. Además del estudio de la tendencia de la variación de SARS-CoV-2, crearon un código de colores para cuantificar la importancia de la presencia de SARS-CoV-2 en cada municipio madrileño en función de la tendencia observada y el valor absoluto obtenido comparado con los datos históricos en cada municipio/distrito (Tabla 3). Este código de colores es utilizado para colorear semanalmente el mapa de municipios de la Comunidad (Figura 3).

Tabla 3. Indicadores de evolución del Plan Vigía de la Comunidad de Madrid.

	INDICADOR DE EVOLUCIÓN
	9-10 Muy alto
	8-9
	7-8
	6-7
	5-6
	4-5
	3-4
	2-3
	1-2
	0- 1 Muy bajo

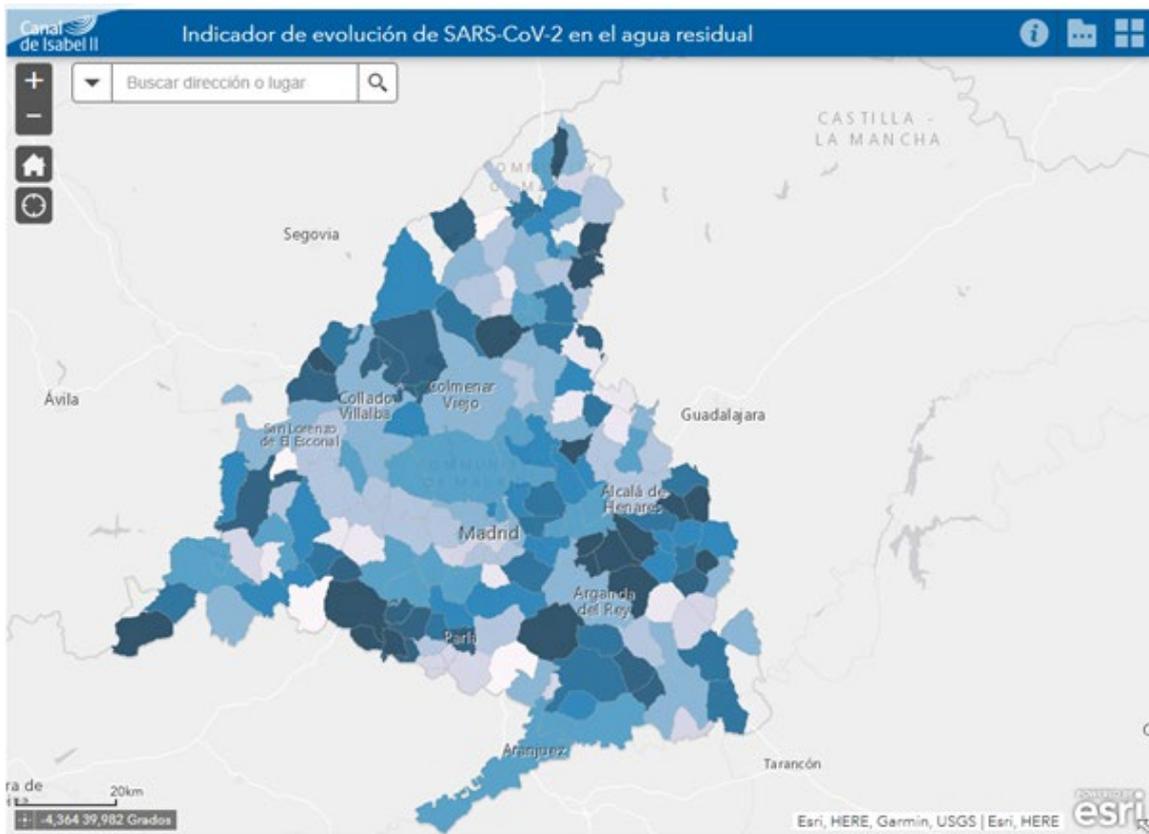


Figura 3. Mapa del Plan Vigía que muestra el código de colores cuantificando la presencia de SARS- CoV-2.

5. RESULTADOS

5.1 EDAR objeto de estudio

En el año 2022 se notificaron al MSAN datos de detección y cuantificación de material genético del virus SARS-CoV-2 en aguas residuales desde **112** EDAR diferentes, **54** incluidas dentro del proyecto VATar COVID-19 y **58** en los proyectos propios de las CCAA (Figura 4).

En el siguiente gráfico se presenta el nº de EDARs que remitieron datos mensuales, bien dentro del proyecto VATar o al MSAN en el año 2022.

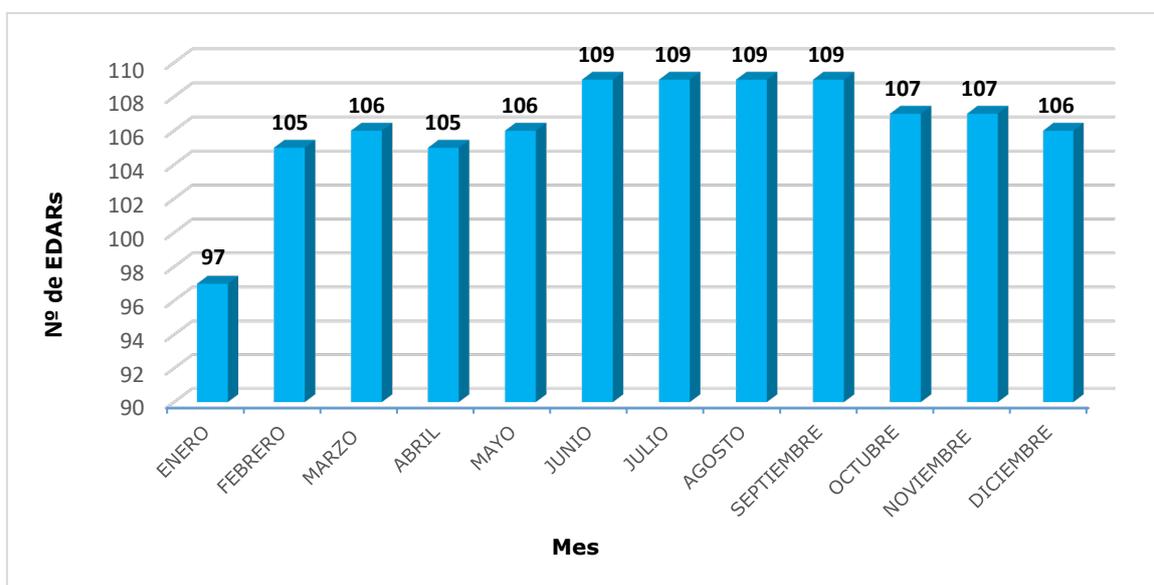


Figura 4. Nº de EDARs que remitieron datos al MSAN durante el año 2022.

5.2. Muestras

Durante el año 2022 sólo se han reportado datos obtenidos de muestreos a la **entrada** de la EDAR, es decir, de agua residual influente. Se abandonó la toma de muestras a la salida de las EDAR (agua residual efluente) debido a constatarse que el material genético del virus no era detectable tras los tratamientos a los que se someten las aguas en las depuradoras. Se dejaron de analizar también datos en la red de saneamiento. Debido a esto, el número de puntos de muestreo considerados coincide con el número de EDAR participantes.

Se ha notificado un total de **5.073** resultados obtenidos de muestreos a la entrada de las EDAR (Figura 5).

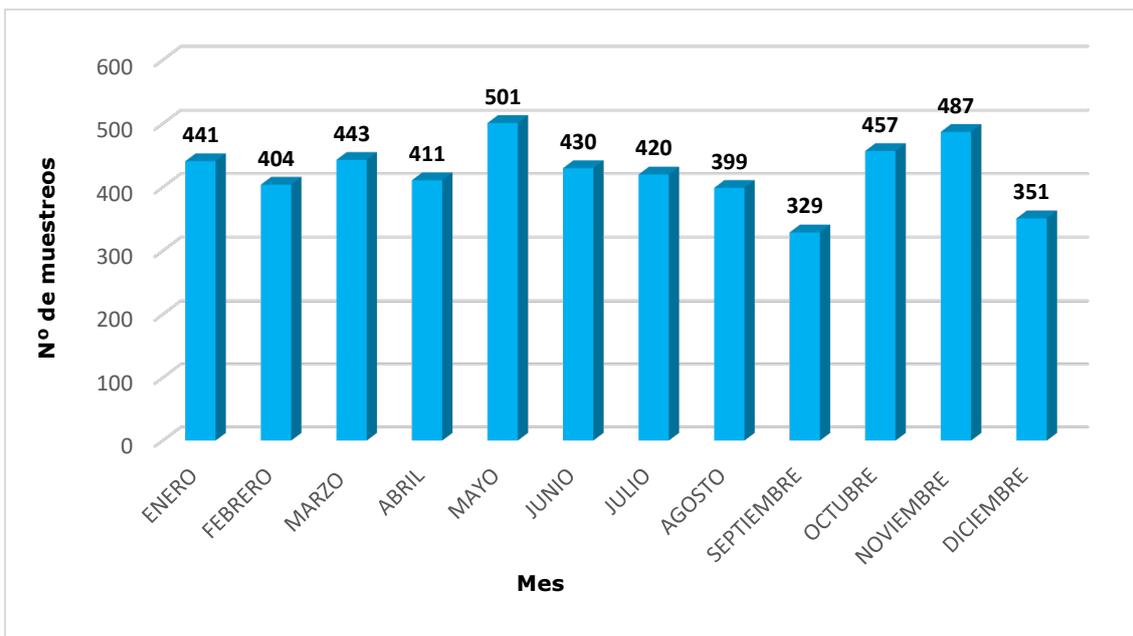


Figura 5. Número de muestreos notificados al MSAN durante 2022 por mes.

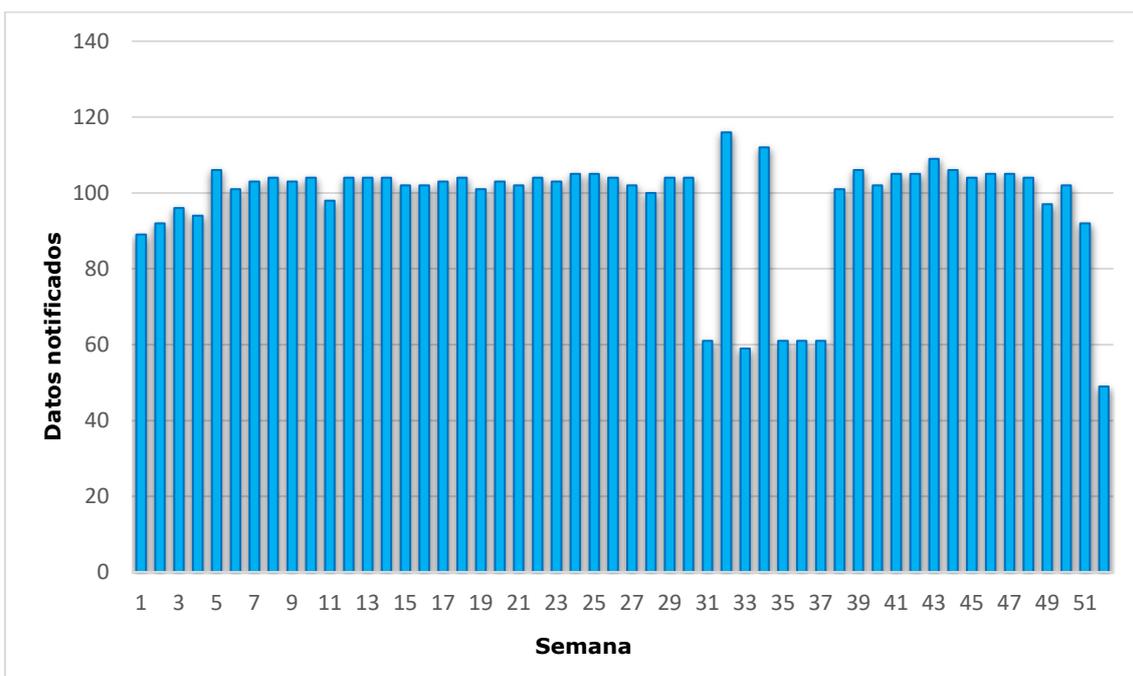


Figura 6. Datos notificados al MSAN durante 2022 por semana.

5.3. Laboratorios

Durante el ejercicio de 2022, **9 laboratorios** notificaron resultados al MSAN: los centros CEBAS e IATA (CSIC); las universidades de Barcelona, Málaga, Santiago de Compostela y la Universidade da Coruña; laboratorios privados

como AINIA y LABAQUA; y, por último, el laboratorio dependiente de la Comunidad Foral de Navarra, NASERTIC (Figura 7).

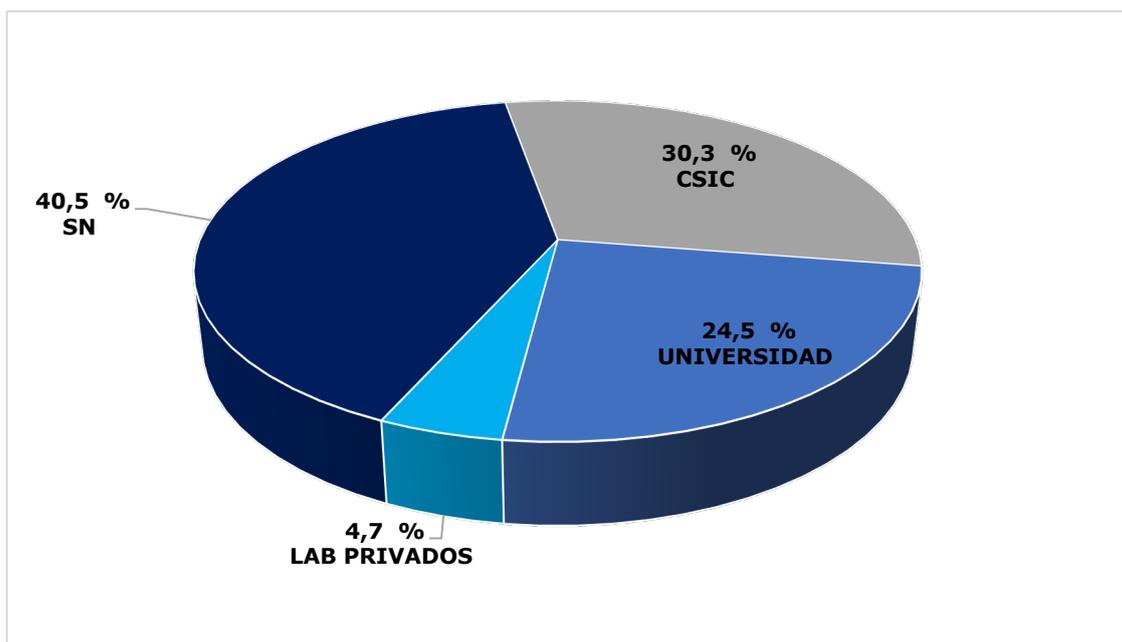


Figura 7. Proporción de resultados notificados al MSAN según tipo de laboratorio.

5.4. Dianas

De los **5.073** resultados notificados, cada diana genética molecular fue utilizada en diferente proporción, tal como refleja la Tabla 4. La carga viral fue notificada sin especificar la diana utilizada en **18** de los resultados.

Tabla 4. Dianas controladas, número de determinaciones y valores medios y máximos notificados.

Diana notificada	Nº de Determinaciones	Valor medio	Valor cuantificado máximo
DIANA N1	5052	1,50E+06 cg/L	4,13E+07 cg/L
DIANA IP4	3530	6,68E+05 cg/L	1,40E+07 cg/L
DIANA N2	1569	1,93E+05 cg/L	1,00E+07 cg/L
DIANA E	51	1,63E+06 cg/L	1,00E+07 cg/L

La carga viral notificada en las muestras de aguas residuales corresponde con la concentración más alta de entre las obtenidas para las diferentes dianas analizadas. Desde el año 2020, en los trabajos realizados en nuestro país, se ha observado que el marcador genético más sensible y que podría considerarse como el mejor indicador de la presencia de material genético de SARS-CoV-2 en aguas residuales es la diana **N1** (Figura 8). Durante el año 2022, la diana **N1** se utilizó como indicador genético en el **78,1%** de los casos, seguida de la diana **N2** en un **12,4%** de los muestreos (Tabla 5).

Tabla 5. Indicadores de carga genómica

Diana genética	Nº de casos en los que la diana se utilizó como indicador de presencia de material genético del virus	%
DIANA N1	4034	78,1
DIANA N2	641	12,4
DIANA IP4	451	8,7
DIANA E	40	0,8

En el **0,35%** de las notificaciones no se especificó la diana genética utilizada.

En la Figura 8 se representa el porcentaje del número de resultados registrados por mes durante el año 2022 en función de la diana genética aplicada.

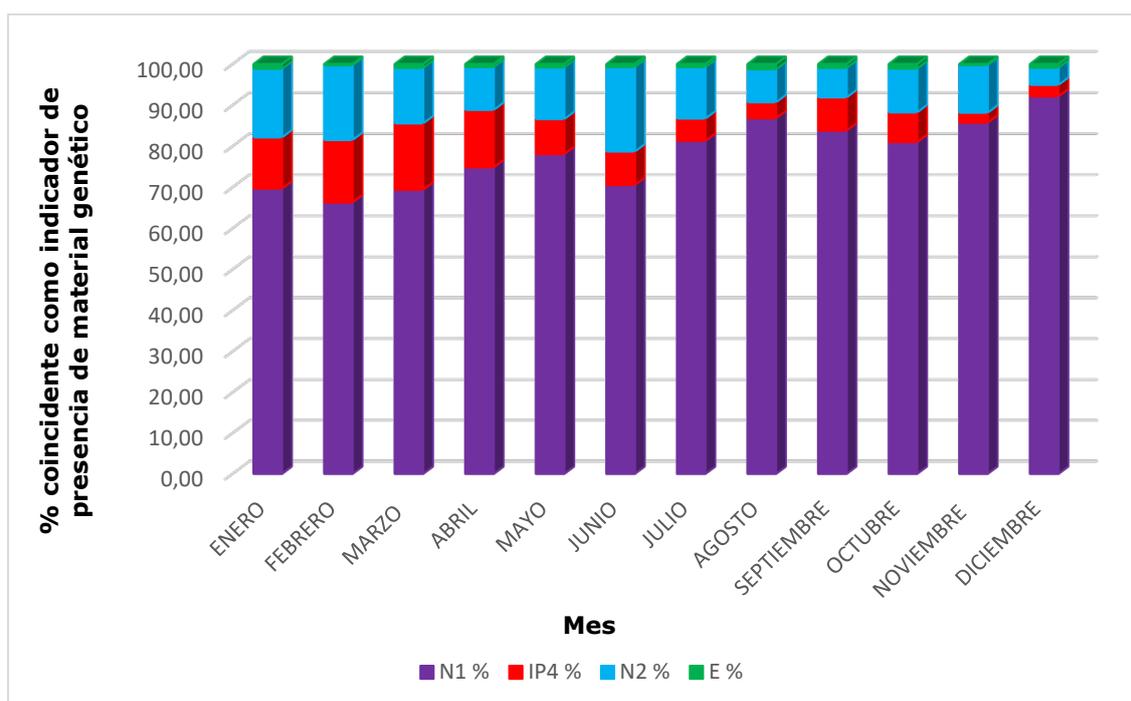


Figura 8. Porcentaje de los datos notificados según la diana genética aplicada.

5.5. Resultados de SARS-CoV-2 en aguas residuales

En el año 2022 se dejaron de realizar muestreos (y por tanto de reportar resultados) en las redes de saneamiento (*i.e.*, red alcantarillado, estaciones de bombeo y colectores), debido a la instauración completa de la pandemia

en las localidades controladas, lo que hacía innecesario el control dividido en barrios. En la Figura 9 se representa la carga viral detectada como sumatorio de todos los controles en entrada de EDAR por semana.

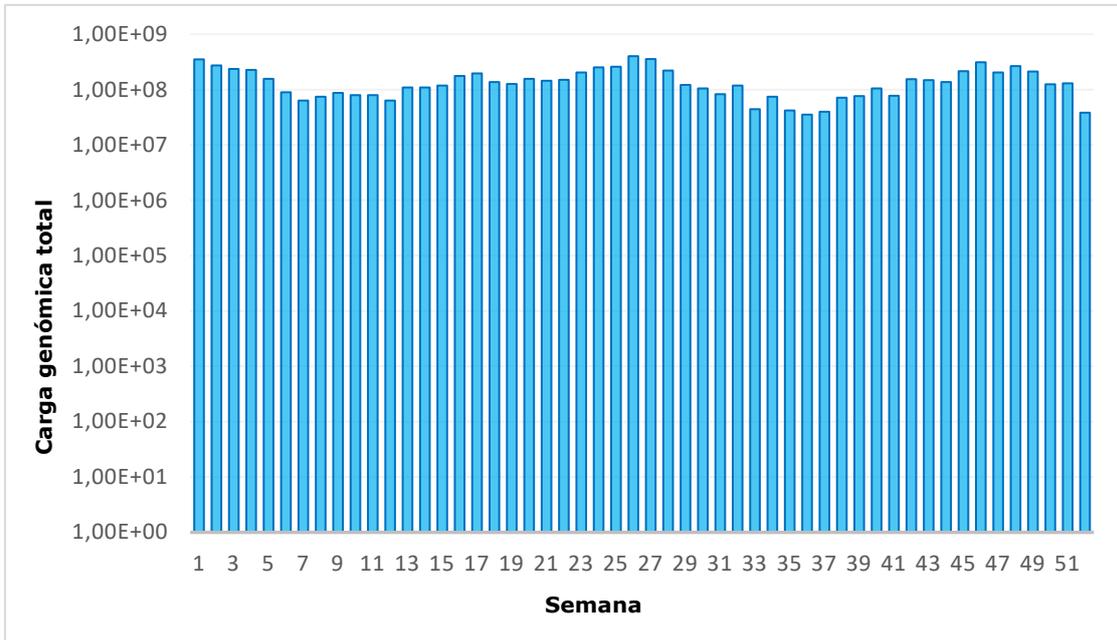


Figura 9. Carga genómica total detectada por semana en entrada de EDAR.

En la Figura 10 se representa la evolución de las proporciones de los rangos de concentración de material genético vírico detectadas en el agua residual durante el año 2022 por semanas. Se pueden observar las sucesivas olas epidemiológicas ocurridas durante el año 2022.

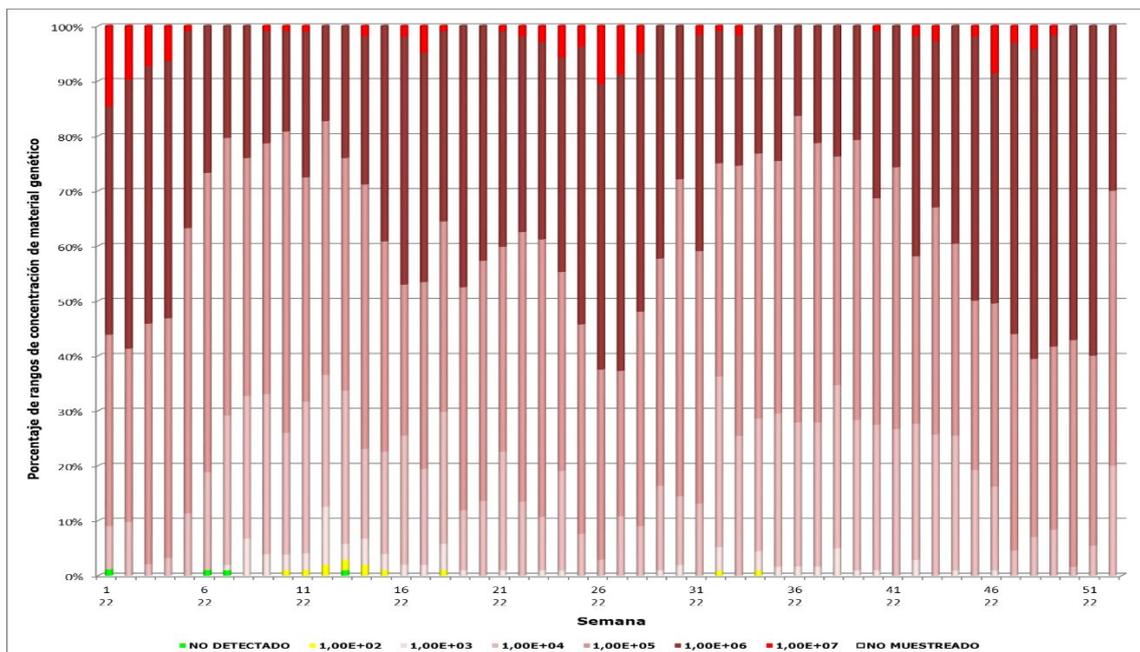


Figura 10. Concentración de material genético vírico total detectado en el agua residual durante el año 2022.

6. EVOLUCIÓN

A continuación, se presentan algunas gráficas que ilustran la evolución anual de determinados aspectos del control del material genético del SARS-CoV-2 en las aguas residuales.

Según se refleja en la Figura 11, en el año 2022, el número de muestreos en los que se notificaron resultados de la diana **IP4** se incrementó respecto al año anterior, mientras que el porcentaje de las dianas **N2** y **E** disminuyó. La diana **N1** se mantiene con el porcentaje más alto.

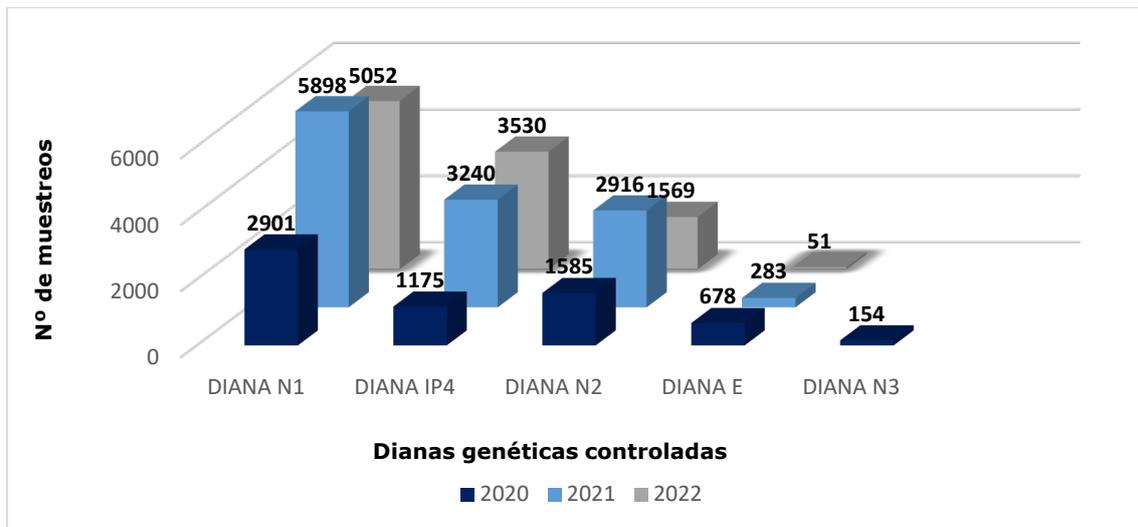


Figura 11. Evolución anual de la notificación de las diferentes dianas genéticas analizadas.

Según se muestra en la Figura 12, en el año 2022, el porcentaje de resultados en los que se eligió la diana **N1** como indicador de la presencia de material genético vírico (obtuvo la concentración más alta) continuó siendo significativamente más alto en comparación con el resto de dianas analizadas (78,1 %). Por otro lado, el porcentaje de resultados de las dianas **IP4**, **N2** y **E** ha disminuido respecto a los años anteriores.

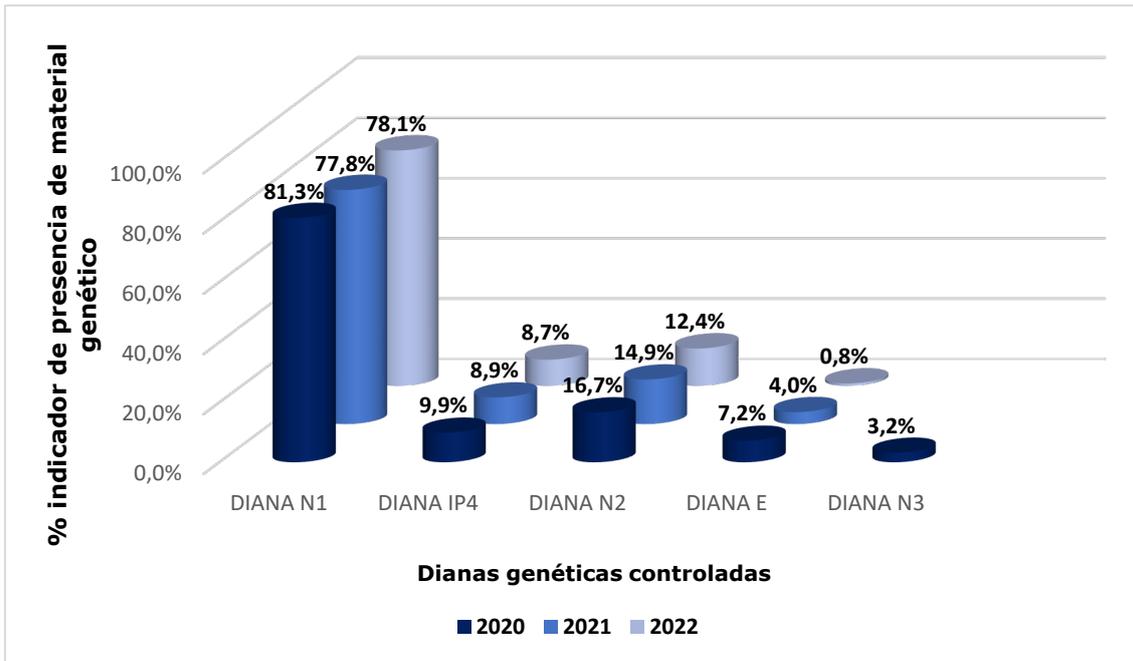


Figura 12. Evolución anual del porcentaje de resultados en los que cada diana fue elegida como indicador de presencia de material genético vírico.

En la Figura 13 se representa la evolución anual de la concentración de material genómico del SARS-CoV-2 en aguas residuales desde la semana 11 del año 2020 hasta la semana 7 del 2023.

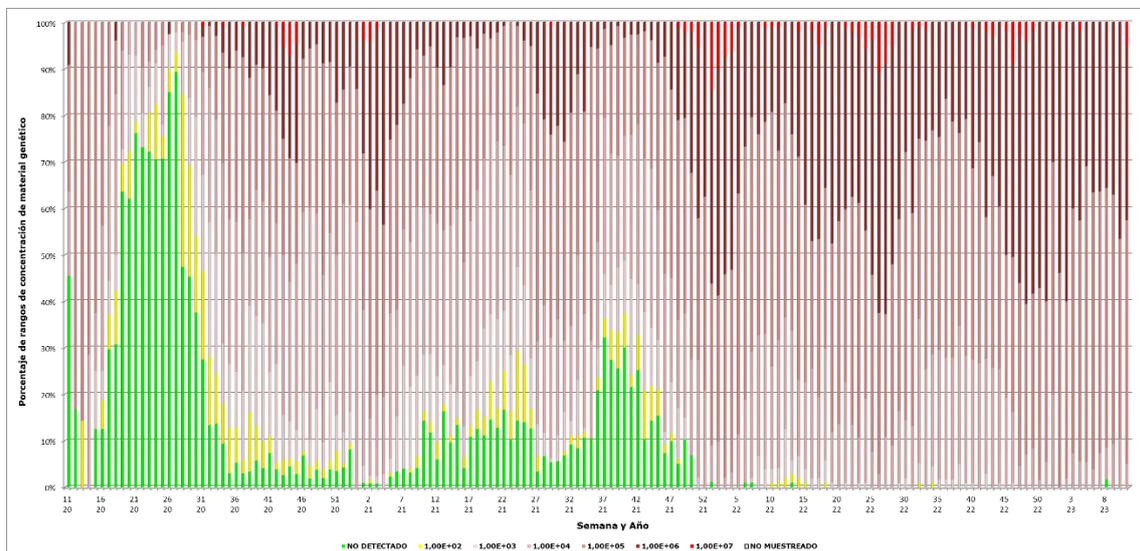


Figura 13. Resumen de la distribución de la concentración de material genético del SARS-CoV-2 en agua residual por semana con todos los datos recibidos hasta la fecha.

7. SECUENCIACIÓN

El virus SARS-CoV-2, causante de la epidemia de COVID-19, cambia y evoluciona de manera continua a lo largo del tiempo, afectando a su capacidad de propagación y su virulencia. Por este motivo, la Organización Mundial de la Salud (OMS), con ayuda de las autoridades nacionales y una red internacional de expertos, ha estado interesada en la continua vigilancia de la aparición de nuevas variantes del coronavirus, haciendo posible la puesta en marcha de medidas globales adecuadas para la contención del virus.

Según lo publicado por el European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC), las distintas variantes del virus SARS-CoV-2 se pueden clasificar en cuatro categorías: ⁽¹⁰⁾

- » **Variantes de preocupación (VOC, Variants Of Concern)**. Se ha demostrado su impacto en relación a la transmisibilidad, la gravedad o el diagnóstico inmunitario de la enfermedad.
- » **Variantes de interés (VOI, Variants Of Interest)**. Son variantes con evidencia preliminar respecto a su impacto en la transmisibilidad, la gravedad o el diagnóstico inmunitario de la enfermedad.
- » **Variantes bajo seguimiento (VUM, Variants Under Monitoring)**. Existen evidencias débiles de que este tipo de variantes muestran propiedades similares a las VOC, pero no se ha demostrado y aún no han sido evaluadas por el ECDC.
- » **Variantes desescaladas**. Este tipo de variantes han dejado de estar bajo seguimiento por ausencia de impacto significativo o porque simplemente ha dejado de circular a niveles relevantes.

Desde el mes de abril hasta octubre del 2022 se comenzaron a reportar resultados de secuenciación del material genético detectado en las muestras recogidas, concretamente en las 54 EDAR pertenecientes al proyecto VATar COVID-19. En particular se secuenció la región codificante de la proteína S, glicoproteína de la espícula del virus. Los laboratorios participantes en el proyecto VATar COVID-19 realizan la secuenciación de una muestra por cada EDAR al mes. Dicha muestra debe cumplir una serie de requisitos que determinan su aptitud para el análisis de secuenciación masiva realizado mediante la plataforma MinION. A través de este tipo de técnicas de secuenciación de nueva generación se pretende determinar las mutaciones existentes en el gen S, codificante de la glicoproteína S, así como clasificar las mutaciones detectadas de la siguiente manera:

» **Mutaciones específicas o identitarias de una variante de preocupación (VOC) o variante de interés (VOI).** Nos permiten identificar qué variante o variantes conocidas hay en la muestra y con qué probabilidad están.

» **Mutaciones misceláneas.** No son mutaciones específicas de una sola variante, pudiendo estar presentes en 2 o más. Por ello, no sirven para la identificación de variantes.

» **Mutaciones no asignadas.** Estas mutaciones aún no están asociadas a ninguna variante conocida.

En la Figura 14 se recogen los datos de secuenciación desde abril a octubre del 2022, donde aparece la probabilidad de presencia de cada variante expresada en porcentaje de cada mes.

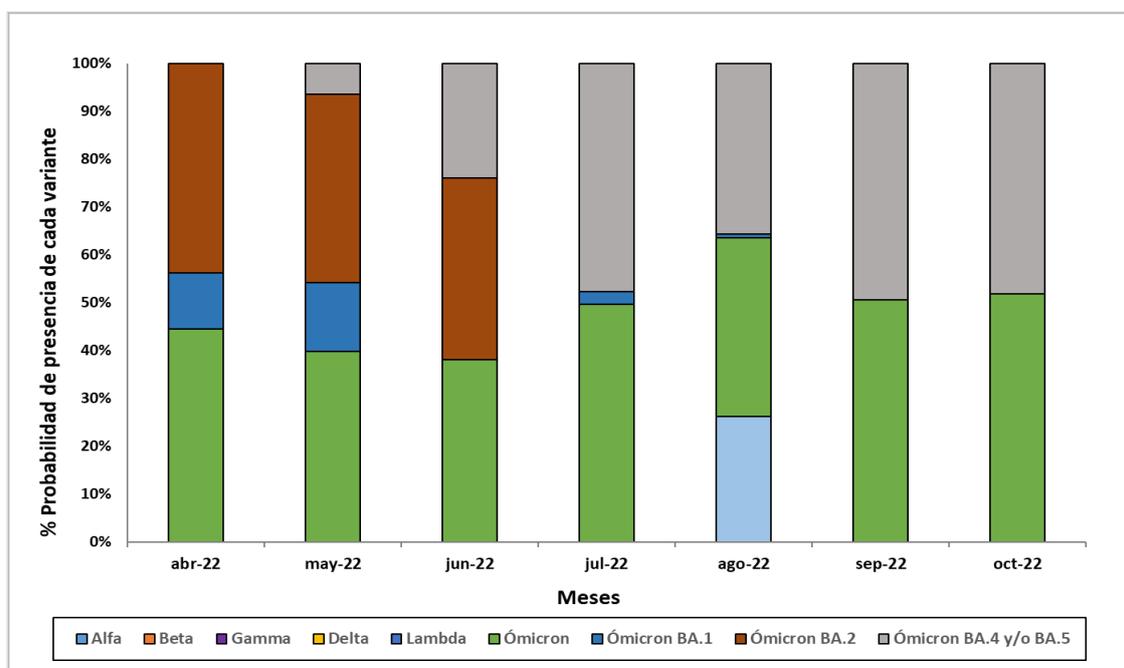


Figura 14. Evolución de la proporción de las diferentes variantes detectadas en la secuenciación.

En la Figura 15 se hace una comparativa de los datos del porcentaje de las diferentes variantes víricas detectadas por secuenciación masiva del gen S con los datos de concentración de material genético totales registrados por semana desde abril a octubre del 2022.

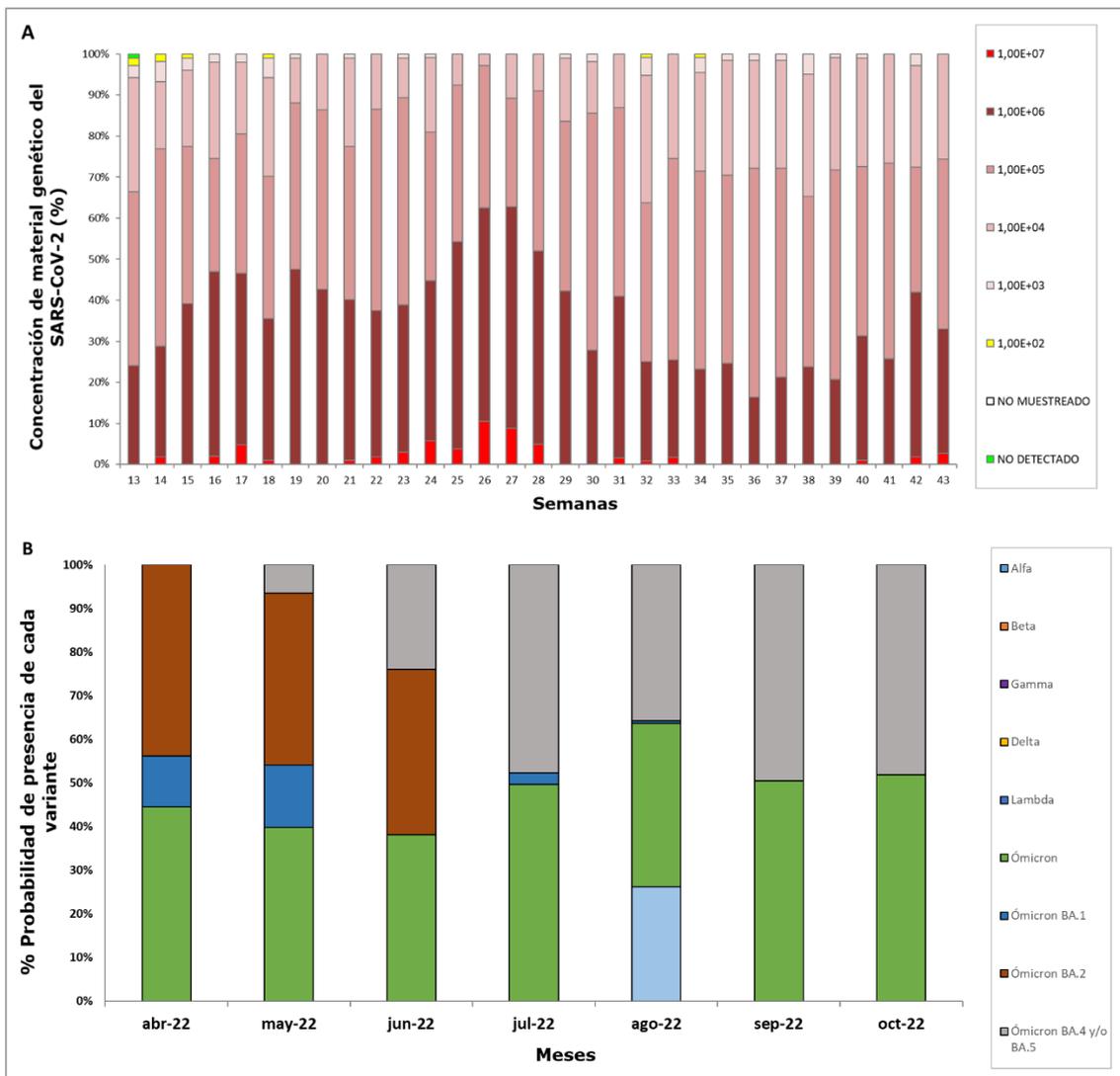


Figura 15. A) Representación de la concentración de material genético del SARS-CoV-2 detectada en aguas residuales por semana de todas las EDAR muestreadas entre abril y octubre de 2022, B) Evolución mensual de la proporción de las diferentes variantes víricas detectadas por secuenciación masiva del gen S desde abril hasta octubre del 2022.

Desde el mes de noviembre del año 2022 se comenzaron a remitir los resultados de secuenciación previamente analizados mediante el software *Freyja* (Karthikeyan et al., 2022). ⁽¹¹⁾ *Freyja* es una herramienta que permite la identificación y determinar la proporción en % de cada variante, linaje o sublinaje de SARS-CoV-2 presente en la muestra a partir de datos obtenidos por secuenciación masiva.

En la Figura 16 se recogen los datos de secuenciación (usando el software *Freyja*) en el porcentaje que representa cada variante respecto al total por mes.

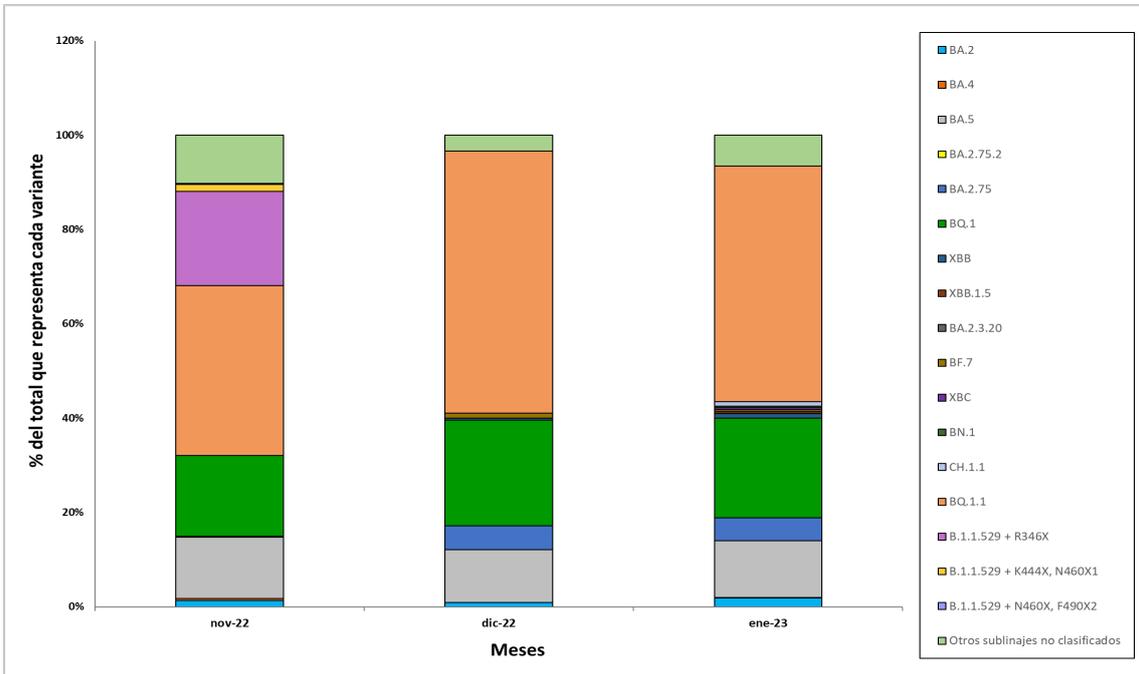


Figura 16. Evolución de los datos mensuales de secuenciación de la Diana S aplicando el software *Freyja*.

En la Figura 17 se comparan los datos del porcentaje de las diferentes variantes víricas detectadas por secuenciación completa del gen S del virus SARS-CoV-2, usando el software *Freyja* con los datos de concentración de material genético totales registrados por semana desde abril a octubre del 2022.

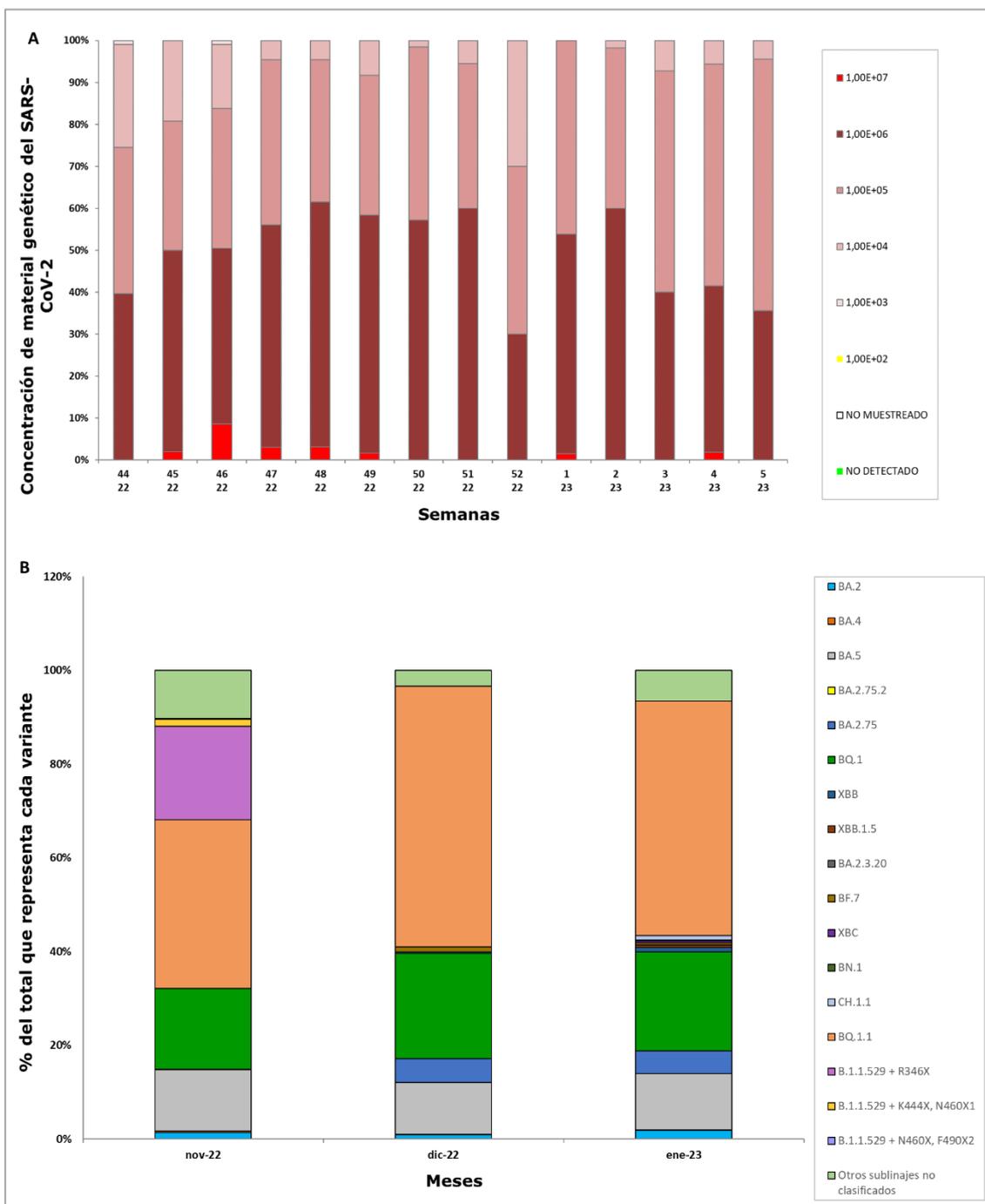


Figura 17. En la figura A se representa la distribución de la concentración de material genético del SARS-CoV-2 en agua residual por semana (desde noviembre del 2022 a enero del 2023) de todas las EDARs que han reportado en ese periodo de tiempo. En la figura B se representan la evolución de los datos mensuales de secuenciación completa del gen S del virus SARS-CoV-2, usando el software Freyja desde abril del 2022 a octubre del 2022.

8. RESUMEN

- ⌘ En el año 2022 **se ha continuado** con el control del material genético del virus SARS-COV-2 en agua residual, iniciado en 2020, como complemento de la vigilancia clínica y epidemiológica en nuestro país en el ámbito de la pandemia de COVID 19.
- ⌘ La **vigilancia epidemiológica ambiental** de las aguas residuales, no es una actividad nueva en el área de la salud pública, por lo que se ha podido aplicar con cierta rapidez en esta pandemia.
- ⌘ Una de las actividades primordiales era la puesta a punto del **método de muestreo y del método analítico**, esto fue posible por el equipo formado por la **Universidad de Barcelona, Universidad de Santiago de Compostela y el CSIC** en sus sedes de Murcia y Valencia de **CEBAS e IATA** respectivamente. Otros muchos laboratorios, aplicando el protocolo diseñado por el equipo anterior, se han unido a la vigilancia epidemiológica ambiental en proyectos autonómicos o locales en toda España.
- ⌘ La **notificación** ha sido desigual a lo largo del año 2022, dependiendo de la situación de la pandemia y las olas, siendo los más constantes, en la notificación al MSAN (Dirección General de Salud Pública): **Proyecto VATar** (MITECO y MSAN); **Empresa Municipal de Aguas de Málaga; Agencia Catalana del Agua; Agencia Vasca del Agua; NILSA** (Navarra).
- ⌘ Tras el estudio de los datos notificados se han visto que la vigilancia epidemiológica ambiental ha servido y puede, en un futuro, servir para cuatro situaciones concretas:
 - 1º. PRIMERO para una **alerta temprana**, ya que se ha observado que se detecta material genético en agua residual días antes de que comiencen a aparecer personas contagiadas y enfermos.
 - 2º. SEGUNDO, una vez conocida la aparición del virus en una localidad, si se muestrea aguas arriba, es decir, en puntos de la red de saneamiento representativos de barrios (alcantarillas), se puede conocer dónde ha aparecido el **brote** o dónde hay más concentración de material genético y, por tanto, mayor número de

personas con el virus (asintomáticas o sintomáticas), ayudando así a las intervenciones de salud pública.

3º. TERCERO, Se ha visto que es muy útil en el seguimiento de la pandemia en la localidad y la **tendencia** (al alza o a la baja).

4º. CUARTO y último, la vigilancia de nuevas **variantes** y su implantación en la localidad. Así como la identificación de nuevas variantes mediante técnicas de secuenciación.

⌘ Para **relacionar la concentración de material genético en agua residual y los casos o las hospitalizaciones**, hemos visto que no se puede dar una regla general. Cada EDAR tiene sus particularidades y circunstancias que hace que se deba realizar un estudio particularizado en cada una de ellas. Además, tras el periodo de vacunación la posible correlación se hace más difícil de demostrar.

⌘ Los **factores que intervienen en la concentración de material genético** en una EDAR son: climatológicos, como la lluvia y su intensidad; longitud del colector y de la red de saneamiento: cuanto más larga, más destrucción de material genético se opera llegando menor concentración a la EDAR; vertidos industriales, agrícolas, químicos o farmacéuticos afectan a la concentración; el número de bombeos al día; entre otros factores. Es necesario señalar que lo primero que se degrada es la cápsula del virus (parte principal para el contagio), por lo que en las EDAR solo se detectaría material genético no contagioso.

CONCLUSIÓN

El control epidemiológico ambiental del material genético del SARS-CoV-2 en agua residual es una herramienta complementaria de recopilación de datos y gestión de la pandemia de COVID-19, centrándose en la aparición y la propagación de las variantes del SARS-CoV-2.

9. ESTRATEGIA NACIONAL, 2022-2024

A. Objetivo principal

Proteger la salud de la población mediante el control del SARS-CoV-2 en las aguas residuales como complemento a la vigilancia clínica y de salud pública.

B. Objetivos secundarios

1. Conocer los niveles de material genético del SARS-CoV-2 en las aguas residuales durante la pandemia que nos permitan definir las tendencias en la evolución de la misma.
2. Conocer la presencia de material genético del SARS-CoV-2 y sus variantes, en las aguas residuales tras la pandemia y como alerta temprana, que permitan la adopción de medidas preventivas para evitar el aumento de la transmisión en la población. ⁽¹²⁾
3. Aumentar el conocimiento sobre la elección de los puntos de control más críticos (entrada EDAR, colectores, red de saneamiento, a nivel de distrito, provincia, etc.).
4. Preparar el protocolo para otros patógenos entéricos u contaminantes para su control en aguas residuales. En este último caso, trazar la presencia de genes de resistencia a antibióticos para detectar microorganismos resistentes a los mismos.
5. Continuar con el proyecto VATar.
6. Desarrollar un sistema de información como herramienta epidemiológica ambiental basada en el control de las aguas residuales a la que denominaremos HEBAR.



Resumen de la Estrategia

Puntos de muestreo

Se designará un punto de muestreo oficial en la entrada de la EDAR. Puede haber otros puntos de muestreo: en red de saneamiento (alcantarillado, colectores y EBAR), si la autoridad sanitaria lo considera necesario para la gestión de la pandemia.

Frecuencia de muestreo

La frecuencia mínima de muestreo será, al menos, una vez por semana para las EDAR. Se recomienda que sea siempre en el mismo día de la semana, procurando que coincida con el lunes o martes y en la hora de máxima carga fecal.

Toma de muestras

El muestreo será de tipo simple o compuesto a la entrada de la EDAR.

Parámetros a controlar

En el momento de la toma de la muestra, se procurará medir el amonio (mg/L), DQO, pH, temperatura, conductividad y oxígeno disuelto como parámetros controladores de la carga fecal; y el caudal instantáneo.

En el laboratorio se determinarán por el método de análisis oficial las dianas N1 y otra (N2 o IP4).

Método de análisis

Para la detección de material genético se utilizará el método de análisis señalado en el protocolo de VATAR. El número de copias de genes se expresará en copias genómicas por litro (cg/L).

Detección de variantes

La detección de las variantes conocidas se hará semanalmente mediante determinaciones por RT qPCR que permiten la identificación de uno o más marcadores moleculares específicos y a su vez permiten estimar la proporción relativa presente en la muestra de dicho(s) marcador(es), respecto al resto de variantes presentes en la muestra. Mensualmente al menos se realizará la secuenciación para detectar nuevas variantes, entre todas las muestras entregadas, las que mejores condiciones tengan para realizar dicha secuenciación.

10. BIBLIOGRAFÍA

1. Wastewater-Based Epidemiology (WBE) and Viral Detection in Polluted Surface Water: A Valuable Tool for COVID-19 Surveillance—A Brief Review Maria de Lourdes Aguiar-Oliveira, Aline Campos, Aline R. Matos, Caroline Rigotto, Adriana Sotero-Martins, Paulo F. P. Teixeira and Marilda M. Siqueira. [IJERPH | Free Full-Text | Wastewater-Based Epidemiology \(WBE\) and Viral Detection in Polluted Surface Water: A Valuable Tool for COVID-19 Surveillance—A Brief Review \(mdpi.com\)](#). Acceso 21/02/2023.
2. Aguiar-Oliveira ML, Campos A, R Matos A, Rigotto C, Sotero-Martins A, Teixeira PFP, Siqueira MM. Wastewater-Based Epidemiology (WBE) and Viral Detection in Polluted Surface Water: A Valuable Tool for COVID-19 Surveillance-A Brief Review. *Int J Environ Res Public Health*. 2020 Dec 10; 17(24):9251.doi: 10.3390/ijerph17249251. PMID: 33321987; PMCID: PMC7764684.
3. Time Evolution of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) in Wastewater during the First Pandemic Wave of COVID-19 in the Metropolitan Area of Barcelona, Spain. Gemma Chavarria-Miró, Eduard Anfruns-Estrada, Adán Martínez-Velázquez, Mario Vázquez-Portero, Susana Guix, Miquel Paraira, Belén Galofré, Gloria Sánchez, Rosa M. Pintó, rpinto@ub.edu, Albert Bosch, abosch@ub.edu. [Time Evolution of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 \(SARS-CoV-2\) in Wastewater during the First Pandemic Wave of COVID-19 in the Metropolitan Area of Barcelona, Spain \(asm.org\)](#). Acceso el 21/02/2023.
4. RECOMENDACIÓN (UE) 2021/472 DE LA COMISIÓN de 17 de marzo de 2021 sobre un enfoque común para establecer una vigilancia sistemática del SARS-CoV-2 y sus variantes en las aguas residuales de la UE. [recomendaciones-ue-espanol tcm30-525161.pdf \(miteco.gob.es\)](#). Acceso el 21/02/2023.
5. PROTOCOLO DE DETECCIÓN DE SARS-CoV-2 EN AGUAS RESIDUALES CONTROL MICROBIOLÓGICO EN AGUAS RESIDUALES- VATAR COMO

- INDICADOR EPIDEMIOLÓGICO DE ALERTA TEMPRANA DE PROPAGACIÓN DE COVID-19 Versión 15/06/2021. [protocolo-deteccion-sars-cov-2-en-aguas-residuales_tcm30-528265.pdf](https://www.miteco.gob.es/protocolo-deteccion-sars-cov-2-en-aguas-residuales_tcm30-528265.pdf) ([miteco.gob.es](https://www.miteco.gob.es)). Acceso el 21/02/2023.
6. Institut Pasteur, Paris. Protocol: Real-time RT-PCR assays for the detection of SARS-CoV-2. 2020. <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/real-time-rt-pcr-assays-for-the-detection-of-sars-cov-2-institut-pasteurparis.pdf>. Acceso el 28/02/2023.
 7. Corman VM, Landt O, Kaiser M, Molenkamp R, Meijer A, Chu DK, Bleicker T, Brünink S, Schneider J, Schmidt ML, Mulders DG, Haagmans BL, van der Veer B, van den Brink S, Wijsman L, Goderski G, Romette JL, Ellis J, Zambon M, Peiris M, Goossens H, Reusken C, Koopmans MP, Drosten C. (2020). Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RTPCR. Euro Surveill. 25 (3): 2000045. <https://dx.doi.org/10.2807%2F1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>. Acceso el 28/02/2023.
 8. Kubina R & Dziedzic A (2020). Molecular and Serological Tests for COVID-19 a Comparative Review of SARS-CoV-2 Coronavirus Laboratory and Point-of-Care Diagnostics. Diagnostics. 10 (6), 434. <https://doi.org/10.3390/diagnostics10060434>. Acceso el 28/02/2023.
 9. CONTROL MICROBIOLÓGICO EN AGUAS RESIDUALES COMO INDICADOR EPIDEMIOLÓGICO DE ALERTA TEMPRANA DE PROPAGACIÓN DE COVID-19 NOTA TÉCNICA EXPLICATIVA SOBRE LA TÉCNICA Y VARIABILIDAD DE LOS RESULTADOS (https://www.miteco.gob.es/es/agua/temas/concesiones-y-autorizaciones/nota-tecnica-vatar-miterd_tcm30-517518.pdf). Acceso el 20/02/2023.
 10. European Centre for Disease Prevention and Control. [SARS-CoV-2 variants of concern as of 9 February 2023 \(europa.eu\)](https://www.euro.who.org/en/health-topics/communicable-diseases/sars-cov-2/variants-of-concern-as-of-9-february-2023)
 11. Karthikeyan S, Levy JI, De Hoff P, Humphrey G, Birmingham A, Jepsen K, et al. Wastewater sequencing reveals early cryptic SARS-CoV-2 variant transmission. Nature. 2022 Sep;609(7925):101-108. doi: 10.1038/s41586-022-05049-6. Epub 2022 Jul 7. PMID: 35798029; PMCID: PMC9433318.

12. Chavarria-Miró G, Anfruns-Estrada E, Martínez-Velázquez A, Vázquez-Portero M, Guix S, Paraira M, Galofré B, Sánchez G, Pintó RM, Bosch A. Time Evolution of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) in Wastewater during the First Pandemic Wave of COVID-19 in the Metropolitan Area of Barcelona, Spain. *Appl Environ Microbiol.* 2021 Mar 11;87(7): e02750-20. doi: 10.1128/AEM.02750-20. PMID: 33483313; PMCID: PMC8091622.

11. ANEXO

Tabla 6. Listado de EDAR, puntos de muestreo, población, muestreos notificados a MSAN y proyecto al que pertenecen.

PROVINCIA	EDAR	POBLACIONES	PUNTO DE MUESTREO	TIPO PM	N	PLAN
ALMERIA	EDAR EL BOBAR	ALMERIA	EDAR EL BOBAR	ENTRADA EDAR	43	VATAR
CADIZ	EDAR CADIZ-SAN FERNANDO	CADIZ	EDAR CADIZ-SAN FERNANDO	ENTRADA EDAR	46	VATAR
CADIZ	EDAR DEL GUADALETE	JEREZ DE LA FRONTERA	EDAR DEL GUADALETE	ENTRADA EDAR	46	VATAR
CORDOBA	EDAR LA GOLONDRINA	CORDOBA	EDAR LA GOLONDRINA	ENTRADA EDAR	50	VATAR
GRANADA	EDAR GRANADA SUR	GRANADA	EDAR GRANADA SUR	ENTRADA EDAR	51	VATAR
HUELVA	EDAR HUELVA	HUELVA	EDAR HUELVA	ENTRADA EDAR	49	VATAR/PROPIO ¹
JAEN	EDAR STA CATALINA	JAEN	EDAR STA CATALINA	ENTRADA EDAR	45	VATAR
MALAGA	EDAR GUADALHORCE	MALAGA	EDAR GUADALHORCE	ENTRADA EDAR	98	VATAR/PROPIO ¹
MALAGA	EDAR PEÑON DEL CUERVO	MALAGA ESTE	EDAR PEÑON DEL CUERVO	ENTRADA EDAR	46	PROPIO
SEVILLA	EDAR SAN JERONIMO	SEVILLA + OTROS	EDAR SAN JERONIMO	ENTRADA EDAR	50	VATAR
HUESCA	EDAR HUESCA	HUESCA	EDAR HUESCA	ENTRADA EDAR	49	VATAR
TERUEL	EDAR TERUEL	TERUEL	EDAR TERUEL	ENTRADA EDAR	47	VATAR
ZARAGOZA	EDAR LA CARTUJA	ZARAGOZA	EDAR LA CARTUJA	ENTRADA EDAR	50	VATAR
OVIEDO	EDAR OESTE - LA REGUERONA	GIJON	EDAR OESTE - LA REGUERONA	ENTRADA EDAR	48	VATAR
OVIEDO	EDAR VILLAPEREZ	OVIEDO	EDAR VILLAPEREZ	ENTRADA EDAR	50	VATAR
BALEARES	EDAR PALMA II	PALMA DE MALLORCA	EDAR PALMA II	ENTRADA EDAR	51	VATAR

¹ Las muestras se han llevado a cabo por el proyecto VATar y un proyecto propio autonómico.

PROVINCIA	EDAR	POBLACIONES	PUNTO DE MUESTREO	TIPO PM	N	PLAN
GRAN CANARIA	EDAR BARRANCO SECO	LAS PALMAS DE GC	EDAR BARRANCO SECO	ENTRADA EDAR	51	VATAR
TENERIFE	EDAR BUENOS AIRES	STA CRUZ DE TENERIFE	EDAR BUENOS AIRES	ENTRADA EDAR	32	VATAR
TENERIFE	EDAR ADEJE - ARONA	TENERIFE SUR	EDAR ADEJE - ARONA	ENTRADA EDAR	50	VATAR
CANTABRIA	EDAR SAN ROMAN	SANTANDER	EDAR SAN ROMAN	ENTRADA EDAR	50	VATAR
SEGOVIA	EDAR SEGOVIA	SEGOVIA	EDAR SEGOVIA	ENTRADA EDAR	50	VATAR
SORIA	EDAR SORIA	SORIA	EDAR SORIA	ENTRADA EDAR	51	VATAR
VALLADOLID	EDAR VALLADOLID	VALLADOLID	EDAR VALLADOLID	ENTRADA EDAR	51	VATAR
ALBACETE	EDAR ALBACETE	ALBACETE	EDAR ALBACETE	ENTRADA EDAR	51	VATAR
CIUDAD REAL	EDAR MIGUELTURRA	CIUDAD REAL	EDAR MIGUELTURRA	ENTRADA EDAR	39	VATAR
CUENCA	EDAR CUENCA	CUENCA	EDAR CUENCA	ENTRADA EDAR	51	VATAR
GUADALAJARA	EDAR GUADALAJARA	GUADALAJARA	EDAR GUADALAJARA	ENTRADA EDAR	51	VATAR
TOLEDO	EDAR TALAVERA DE LA REINA	TALAVERA DE LA REINA	EDAR TALAVERA DE LA REINA	ENTRADA EDAR	51	VATAR
TOLEDO	EDAR ESTIVIEL	TOLEDO	EDAR ESTIVIEL	ENTRADA EDAR	47	VATAR
BARCELONA	EDAR ABRERA	ABRERA	EDAR ABRERA	ENTRADA EDAR	46	PROPIO
BARCELONA	EDAR BERGA	BERGA	EDAR BERGA	ENTRADA EDAR	46	PROPIO
BARCELONA	EDAR BESOS	BARCELONA	EDAR BESOS	ENTRADA EDAR	96	VATAR/PROPIO ¹
BARCELONA	EDAR DEL PRAT	BARCELONA	EDAR DEL PRAT	ENTRADA EDAR	46	PROPIO
BARCELONA	EDAR GRANOLLERS	GRANOLLERS	EDAR GRANOLLERS	ENTRADA EDAR	47	PROPIO
BARCELONA	EDAR IGUALADA	IGUALADA	EDAR IGUALADA	ENTRADA EDAR	95	VATAR/PROPIO ¹
BARCELONA	EDAR LA LLAGOSTA	LLAGOSTA	EDAR LA LLAGOSTA	ENTRADA EDAR	24	PROPIO
BARCELONA	EDAR MANLLEU	MANLLEU	EDAR MANLLEU	ENTRADA EDAR	47	PROPIO
BARCELONA	EDAR MANRESA	MANRESA	EDAR MANRESA	ENTRADA EDAR	47	PROPIO
BARCELONA	EDAR MARTORELL	MARTORELL	EDAR MARTORELL	ENTRADA EDAR	42	PROPIO

¹ Las muestras se han llevado a cabo por el proyecto VATar y un proyecto propio autonómico.

PROVINCIA	EDAR	POBLACIONES	PUNTO DE MUESTREO	TIPO PM	N	PLAN
BARCELONA	EDAR MATARO	MATARO	EDAR MATARO	ENTRADA EDAR	44	PROPIO
BARCELONA	EDAR MONCADA	MONCADA	EDAR MONCADA	ENTRADA EDAR	47	PROPIO
BARCELONA	EDAR MONTORNES DEL VALLES	MONTORNES DEL VALLES	EDAR MONTORNES DEL VALLES	ENTRADA EDAR	24	PROPIO
BARCELONA	EDAR RUBI	RUBI	EDAR RUBI	ENTRADA EDAR	47	PROPIO
BARCELONA	EDAR SABADELL	SABADELL	EDAR SABADELL	ENTRADA EDAR	47	PROPIO
BARCELONA	EDAR SALLENT	SALLENT	EDAR SALLENT	ENTRADA EDAR	47	PROPIO
BARCELONA	EDAR SANT FELIU DE LLOBREGAT	S. FELIU DE LLOBREGAT	EDAR SANT FELIU DE LLOBREGAT	ENTRADA EDAR	47	PROPIO
BARCELONA	EDAR TERRASSA	TERRASSA	EDAR TERRASSA	ENTRADA EDAR	46	PROPIO
BARCELONA	EDAR VILANOVA Y LA GELTRU	VILANOVA I LA GELTRU	EDAR VILANOVA Y LA GELTRU	ENTRADA EDAR	46	PROPIO
BARCELONA	EDAR VILAFRANCA DEL PENEDES	VILAFRANCA DEL PENEDES	EDAR VILAFRANCA DEL PENEDES	ENTRADA EDAR	46	PROPIO
GERONA	EDAR BANYOLAS	BANYOLES	EDAR BANYOLAS	ENTRADA EDAR	47	PROPIO
GERONA	EDAR BLANES	BLANES	EDAR BLANES	ENTRADA EDAR	25	PROPIO
GERONA	EDAR CASTELL-PLAYA D'ARO	CASTELL-PLATJA_D'ARO	EDAR CASTELL-PLAYA D'ARO	ENTRADA EDAR	6	PROPIO
GERONA	EDAR FIGUERAS	FIGUERES	EDAR FIGUERAS	ENTRADA EDAR	42	PROPIO
GERONA	EDAR GIRONA	GIRONA	EDAR GIRONA	ENTRADA EDAR	47	PROPIO
GERONA	EDAR LLORET DE MAR	LLORET DE MAR	EDAR LLORET DE MAR	ENTRADA EDAR	23	PROPIO
GERONA	EDAR OLOT	OLOT	EDAR OLOT	ENTRADA EDAR	46	PROPIO
GERONA	EDAR PALAMOS	PALAMOS	EDAR PALAMOS	ENTRADA EDAR	40	PROPIO
GERONA	EDAR PUIGCERDA	PUIGCERDA	EDAR PUIGCERDA	ENTRADA EDAR	47	PROPIO
GERONA	EDAR RIPOLL	RIPOLL	EDAR RIPOLL	ENTRADA EDAR	46	PROPIO
GERONA	EDAR ROSES	ROSES	EDAR ROSES	ENTRADA EDAR	6	PROPIO
GERONA	EDAR VIC	VIC	EDAR VIC	ENTRADA EDAR	45	PROPIO
LERIDA	EDAR BALAGUER	BALAGUER	EDAR BALAGUER	ENTRADA EDAR	47	PROPIO
LERIDA	EDAR BORJAS BLANCAS	BORJAS BLANCAS	EDAR BORJAS BLANCAS	ENTRADA EDAR	24	PROPIO
LERIDA	EDAR CERVERA	CERVERA	EDAR CERVERA	ENTRADA EDAR	24	PROPIO
LERIDA	EDAR FONDARELLA	FONDARELLA	EDAR FONDARELLA	ENTRADA EDAR	25	PROPIO
LERIDA	EDAR LLEIDA	LLEIDA	EDAR LLEIDA	ENTRADA EDAR	98	VATAR/PROPIO ¹¹

¹ Las muestras se han llevado a cabo por el proyecto VATar y un proyecto propio autonómico.

PROVINCIA	EDAR	POBLACIONES	PUNTO DE MUESTREO	TIPO PM	N	PLAN
LERIDA	EDAR MONTFERRER	MONTFERRER	EDAR MONTFERRER	ENTRADA EDAR	47	PROPIO
LERIDA	EDAR PONT DE SUERT	PONT DE SUERT	EDAR PONT DE SUERT	ENTRADA EDAR	25	PROPIO
LERIDA	EDAR SOLSONA	SOLSONA	EDAR SOLSONA	ENTRADA EDAR	47	PROPIO
LERIDA	EDAR SORT	SORT	EDAR SORT	ENTRADA EDAR	24	PROPIO
LERIDA	EDAR TARREGA	TARREGA	EDAR TARREGA	ENTRADA EDAR	25	PROPIO
LERIDA	EDAR TREMP	TREMP	EDAR TREMP	ENTRADA EDAR	25	PROPIO
LERIDA	EDAR VIELHA - E MIJARAN	VIELHA	EDAR VIELHA - E MIJARAN	ENTRADA EDAR	24	PROPIO
TARRAGONA	EDAR AMPOSTA	AMPOSTA	EDAR AMPOSTA	ENTRADA EDAR	46	PROPIO
TARRAGONA	EDAR FALSET	FALSET	EDAR FALSET	ENTRADA EDAR	38	PROPIO
TARRAGONA	EDAR GANDESA	GANDESA	EDAR GANDESA	ENTRADA EDAR	25	PROPIO
TARRAGONA	EDAR GAVA – VILADECANS	GAVA Y VILADECANS	EDAR GAVA - VILADECANS	ENTRADA EDAR	46	PROPIO
TARRAGONA	EDAR MONTBLANC	MONTBLANC	EDAR MONTBLANC	ENTRADA EDAR	25	PROPIO
TARRAGONA	EDAR MORA D´EBRE - MORA LA NOVA	MORA DE EBRO	EDAR MORA D´EBRE - MORA LA NOVA	ENTRADA EDAR	24	PROPIO
TARRAGONA	EDAR REUS	REUS	EDAR REUS	ENTRADA EDAR	47	PROPIO
TARRAGONA	EDAR RIERA DE LA BISBAL	RIERA DE LA BISBAL	EDAR RIERA DE LA BISBAL	ENTRADA EDAR	45	PROPIO
TARRAGONA	EDAR TARRAGONA	TARRAGONA	EDAR TARRAGONA	ENTRADA EDAR	46	PROPIO
TARRAGONA	EDAR TORTOSA-ROQUETES	TORTOSA-ROQUETES	EDAR TORTOSA-ROQUETES	ENTRADA EDAR	47	PROPIO
TARRAGONA	EDAR VALLS – POBLE	VALLS	EDAR VALLS - POBLE	ENTRADA EDAR	24	PROPIO
TARRAGONA	EDAR VILASECA – SALOU	VILASECA Y SALOU	EDAR VILASECA - SALOU	ENTRADA EDAR	9	PROPIO
ALICANTE	EDAR ALGOROS	ELCHE	EDAR ALGOROS	ENTRADA EDAR	46	VATAR
VALENCIA	EDAR PINEDO 1	VALENCIA + OTROS	EDAR PINEDO 1	ENTRADA EDAR	51	VATAR
BADAJOS	EDAR DON BENITO	DON BENITO	EDAR DON BENITO	ENTRADA EDAR	51	VATAR
CACERES	EDAR CACERES	CACERES	EDAR CACERES	ENTRADA EDAR	51	VATAR
CORUÑA	EDAR BENS	CORUÑA	EDAR BENS	ENTRADA EDAR	18	PROPIO
LUGO	EDAR LUGO	LUGO	EDAR LUGO	ENTRADA EDAR	51	VATAR

PROVINCIA	EDAR	POBLACIONES	PUNTO DE MUESTREO	TIPO PM	N	PLAN
OURENSE	EDAR REZA - OURENSE	OURENSE	EDAR REZA-OURENSE	ENTRADA EDAR	51	VATAR
PONTEVEDRA	EDAR PLACERES	PONTEVEDRA	EDAR PLACERES	ENTRADA EDAR	48	VATAR
PONTEVEDRA	EDAR LAGARES - VIGO	VIGO	EDAR LAGARES - VIGO	ENTRADA EDAR	51	VATAR
MADRID	EDAR ARROYO DEL SOTO	MOSTOLES	EDAR ARROYO DEL SOTO	ENTRADA EDAR	51	VATAR
MADRID	EDAR LA CHINA	MADRID	EDAR LA CHINA	ENTRADA EDAR	51	VATAR
MADRID	EDAR LA GAVIA	MADRID	EDAR LA GAVIA	ENTRADA EDAR	51	VATAR
MADRID	EDAR REJAS	MADRID	EDAR REJAS	ENTRADA EDAR	51	VATAR
MADRID	EDAR TORREJON DE ARDOZ	TORREJOZ DE ARDOZ	EDAR TORREJON DE ARDOZ	ENTRADA EDAR	51	VATAR
MADRID	EDAR VIVEROS	MADRID	EDAR VIVEROS	ENTRADA EDAR	51	VATAR
MURCIA	EDAR CABEZO BEAZA	CARTAGENA	EDAR CABEZO BEAZA	ENTRADA EDAR	46	VATAR
MURCIA	EDAR MURCIA ESTE	MURCIA	EDAR MURCIA ESTE	ENTRADA EDAR	46	VATAR
NAVARRA	EDAR ARAZURI	PAMPLONA	EDAR ARAZURI	ENTRADA EDAR	90	PROPIO
NAVARRA	EDAR TUDELA	TUDELA	EDAR TUDELA	ENTRADA EDAR	142	VATAR/PROPIO ¹
ALAVA	EDAR CRISPIJANA	VITORIA	EDAR CRISPIJANA	ENTRADA EDAR	50	VATAR
GUIPUZCOA	EDAR ATALERREKA	IRUN+ FUENTERRABIA	EDAR ATALERREKA	ENTRADA EDAR	2	PROPIO
GUIPUZCOA	EDAR LOIOLA	SAN SEBASTIAN	EDAR LOIOLA	ENTRADA EDAR	50	PROPIO
VIZCAYA	EDAR GALINDO	BILBAO	EDAR GALINDO	ENTRADA EDAR	51	VATAR
LA RIOJA	EDAR LOGROÑO	LOGROÑO	EDAR LOGROÑO	ENTRADA EDAR	51	VATAR
LA RIOJA	EDAR CALAHORRA	CALAHORRA	EDAR CALAHORRA	ENTRADA EDAR	51	VATAR
CEUTA	EDAR CEUTA	CEUTA	EDAR CEUTA	ENTRADA EDAR	22	VATAR

¹Las muestras se han llevado a cabo por el proyecto VATar y un proyecto propio autonómico.

PROVINCIA	EDAR	POBLACIONES	PUNTO DE MUESTREO	TIPO PM	N	PLAN
MELILLA	EDAR MELILLA	MELILLA	EDAR MELILLA	ENTRADA EDAR	50	VATAR

