



MINISTERIO
DE SANIDAD



INFORME TÉCNICO DE LA VIGILANCIA AMBIENTAL DE LAS AGUAS RESIDUALES

2023

La totalidad o parte de esta publicación puede reproducirse sin permiso adicional, siempre que se mencione la fuente.

Ni el Ministerio de Sanidad ni los autores son responsables del uso que pueda hacerse del contenido de esta publicación, o por cualquier error que, a pesar de una cuidadosa preparación y verificación, pueda aparecer.

Edita y Distribuye:

© MINISTERIO DE SANIDAD

Secretaría General Técnica

Centro de Publicaciones

Paseo del Prado, 18, 28014 Madrid

NIPO:

Depósito Legal: pendiente tramitación

Mayo 2024.

Director General de Salud Pública y Equidad en Salud. Ministerio de Sanidad

Pedro Gullón Tosio

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

Antonio Jesús Balboa Ortega. TRAGSATEC

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 y Equidad en Salud

2024

ÍNDICE

PRESENTACIÓN	1
DATOS GLOBALES	2
1. INTRODUCCIÓN	3
2. MATERIALES Y MÉTODOS	5
2.1. Ámbito territorial	5
2.2. Unidad de información.....	5
2.3. Toma de muestras	6
2.4. Frecuencia del muestreo	7
2.5. Método de análisis y dianas genéticas moleculares	7
2.6. Presentación de resultados.....	8
3. RESULTADOS.....	11
3.1. EDAR objeto de estudio	11
3.2. Muestreos	11
3.3. Dianas.....	13
3.4. Resultados de SARS-CoV-2 en aguas residuales	15
3.5. Resultados notificados a Europa.....	16
4. EVOLUCIÓN	18
5. SECUENCIACIÓN	21
6. RESUMEN	24
7. EXPERIENCIA ADQUIRIDA	25
8. ESTRATEGIA NACIONAL, 2022-2024.....	26
9. BIBLIOGRAFÍA	28
10. ANEXOS	30

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. 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 **cuarto informe** técnico sobre la vigilancia ambiental de las aguas residuales en España.

Pedro Gullón Tosio

Director General de Salud Pública y Equidad en Salud

DATOS GLOBALES

EDARs
CONTROLADAS

127

PUNTOS DE
MUESTREO

127

NÚMERO DE
MUESTREOS

3.498

SEMANAS DE
MUESTREOS

52

DIANAS GENÉTICAS
CONTROLADAS

**N1, N2,
IP4, E**

% POBLACIÓN
REPRESENTADA

52,4%

1. INTRODUCCIÓN

La pandemia de COVID-19 generó un gran impacto tanto a nivel nacional como a nivel mundial en la salud pública, esto desencadenó una gran respuesta de la comunidad científica que, en varias investigaciones científicas, relacionaron la carga de material genético de SARS-CoV-2 en aguas residuales con los casos de infección por este 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 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⁾

Desde 2020, en España se vigilan gran parte de las aguas residuales para la detección de material genético de SARS-CoV-2 con el objetivo de evaluar el comportamiento epidemiológico de este virus. Esta vigilancia se inició con el aún vigente proyecto VATar COVID-19, impulsado por el Ministerio para la Transición Ecológica y Reto Demográfico (MITERD) junto al Ministerio de Sanidad (MSAN) al que se sumaron numerosos proyectos autonómicos y de otros ámbitos territoriales.

Por último, en 2022, nació el proyecto HEBAR (herramienta basada en la vigilancia de aguas residuales), impulsado por el MSAN, con el objetivo de crear un sistema de información epidemiológica ambiental. Una de las principales actividades de este proyecto, en 2023, ha sido también el control epidemiológico del material genético de SARS-CoV-2 en las aguas residuales, en coordinación con el proyecto VATar COVID-19 y los proyectos propios desarrollados por las comunidades autónomas.

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 2023 en relación a la detección de material genético del coronavirus SARS-CoV-2 en las aguas residuales. Las acciones realizadas en 2023 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 MITERD del grupo de trabajo "Control de SARS-CoV-2 en agua residual como indicador epidemiológico de alerta temprana" (VATar COVID-19).**
- **Gestión de la información notificada por las CCAA y los proyectos HEBAR y VATar COVID-19.**
- **Visita las EDARs y laboratorios participantes en el Proyecto HEBAR para conocer las infraestructuras y las personas implicadas en dicho Proyecto.**
- **Coordinación internacional con la Unión Europea para reportar datos.**
- **Participación en 7 reuniones de puntos nacionales de contacto (NCPs) y 6 reuniones del Open Data Model (ODM)**
- **Asistencia a la conferencia internacional "Towards a Global Wastewater Surveillance System for Public Health" del 15 al 17 de noviembre en Frankfurt.**

2. MATERIALES Y MÉTODOS

2.1. Ámbito territorial

Durante el 2023, los trabajos de detección de material genético de SARS-CoV-2 en las aguas residuales a nivel nacional se realizaron en núcleos poblacionales según los siguientes criterios:

- Núcleos con poblaciones mayores de 150.000 habitantes.
- Capitales de provincia y CCAA.

El número de municipios que han intervenido en este informe ha sido de **387**, lo que representa el **52,4%** de la población española (según los últimos datos oficiales del INE, la población total de España en 2023 fue de: 48.446.594 habitantes).

2.2. Unidad de información

La unidad de información en este informe son las **EDAR** que han remitido datos al MSAN durante 2023, independientemente del caudal nominal tratado, sumando un total de **127** depuradoras divididas en:

- A.** EDAR del proyecto nacional VATar COVID-19 MITERD & MSAN (n=54).
- B.** EDAR del proyecto nacional HEBAR MSAN (n=24).
- C.** EDAR incluidas en proyectos propios de diferentes CCAA (n=56). 7 EDAR incluidas tanto en proyectos autonómicos como nacionales.

En el Anexo IV se listan las **127** EDAR, distinguiéndolas por proyecto. En la Figura 1 se representa la localización de las diferentes EDAR participantes: COVID-19.

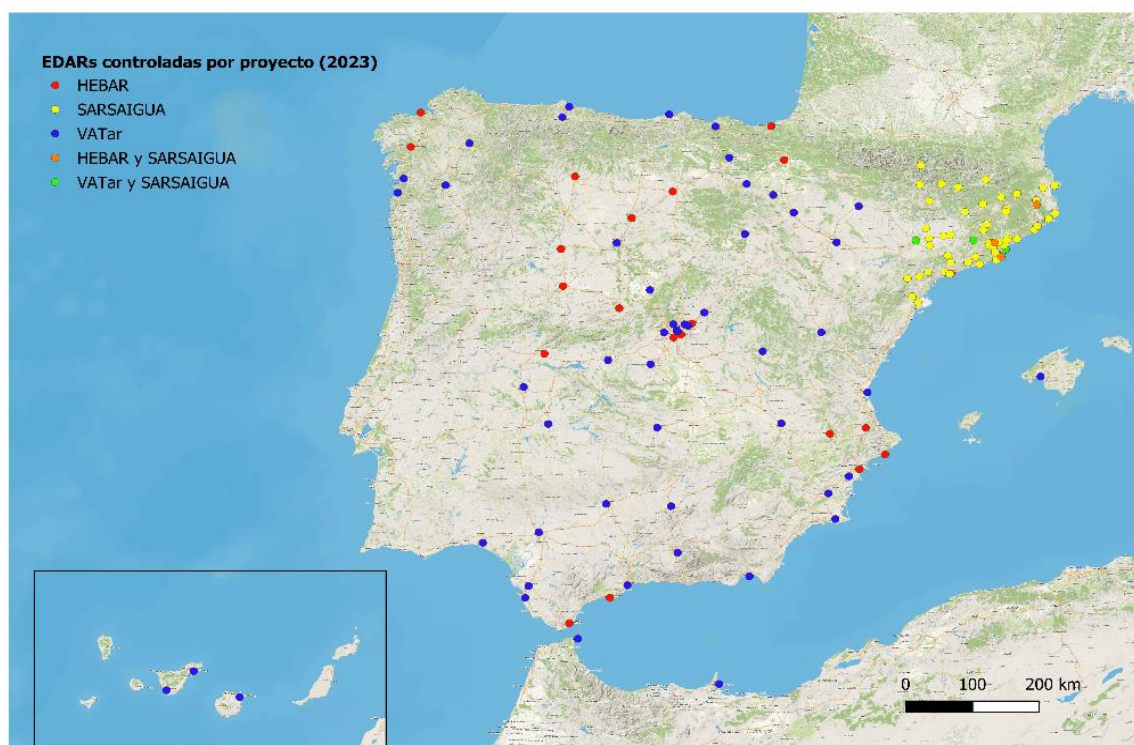


Figura 1. Mapa representativo de todas las EDARs que reportaron datos en 2023 distribuidas por los distintos proyectos

2.3. 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 de proyectos autonómicos 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.

Para el proyecto HEBAR se siguió este mismo protocolo mencionado anteriormente.

2.4. Frecuencia del 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.

El proyecto VATar COVID-19 ha disminuido su frecuencia de muestreo con respecto a años anteriores, suponiendo 1 muestreo cada 2 semanas. El nuevo proyecto HEBAR estableció la frecuencia de 1 muestra por semana. Todos estos datos, tanto de proyectos estatales, como propios, se han ido recopilando a lo largo de 2023 en un proceso semanal de actualización de datos.

2.5. 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).

Actualmente en los proyectos VATar COVID-19 y HEBAR se controlan las dianas *IP4* 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).

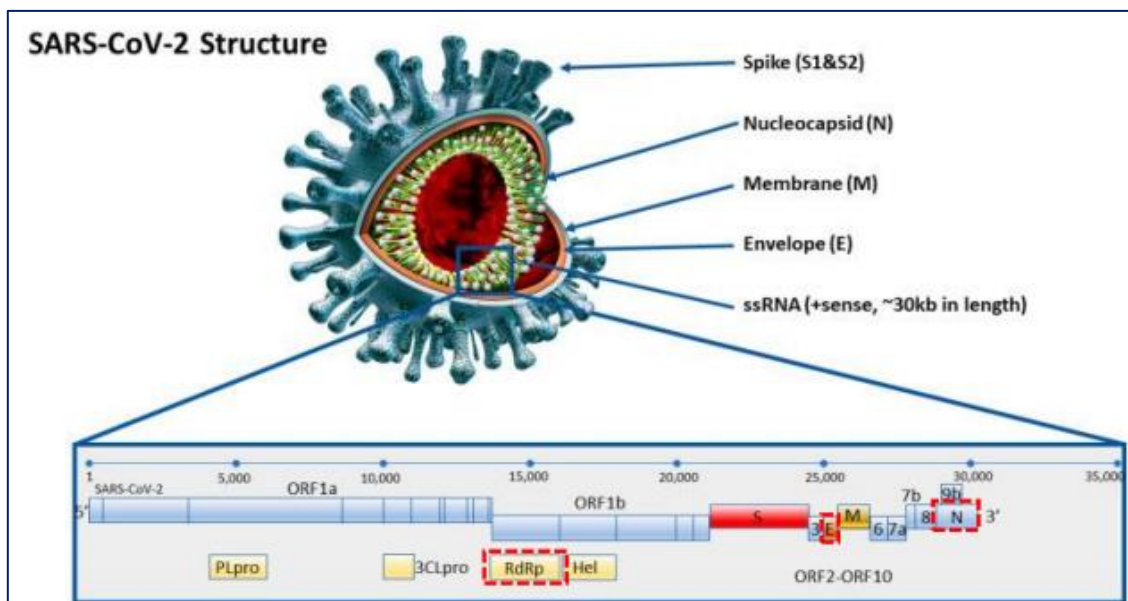


Figura 2. Principales dianas utilizadas para la detección de SARS-CoV-2 mediante RT-qPCR. Se han resaltado con líneas discontinuas de color rojo las dianas genéticas utilizadas en el proyecto. Fuente: Kubina and Dziedzic. ⁽⁸⁾

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⁾

2.6. 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.

Actualmente se está terminando de desarrollar el sistema de información HEBAR para la recogida de todos aquellos proyectos de vigilancia de patógenos o contaminantes emergentes que se puedan determinar en las aguas residuales.

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 (log₁₀ 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 cuatro proyectos que realizan detección de COVID-19 en aguas residuales.

Para describir la evolución epidemiológica semanal, en el proyecto HEBAR se calcula la variación de la cuantificación en unidades logarítmicas entre el resultado obtenido en la semana actual y el resultado obtenido la semana anterior, clasificándose en los rangos que aparecen en la tabla 1. Del mismo modo se procede en el [proyecto VATar COVID-19](#).

Tabla 1. Intervalos para la valoración semanal de la evolución de la concentración de material genómico en agua residual en el proyecto HEBAR & VATAR.

	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

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.

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

3. RESULTADOS

3.1. EDAR objeto de estudio

En el año 2023 se notificaron al MSAN datos de detección y cuantificación de material genético del virus SARS-CoV-2 en aguas residuales desde **127** EDARs diferentes, **54** incluidas dentro del proyecto VATar COVID-19, de las cuales 3 son compartidas con proyectos propios, **24** incluidas en el proyecto HEBAR, coincidiendo con 4 de proyectos propios y, **56** de proyectos propios de las CCAA, incluyendo las compartidas con los proyectos estatales (Figura 3).

En el siguiente gráfico se presenta el número de EDARs que remitieron datos mensuales, bien dentro del proyecto VATar, HEBAR o al MSAN en el año 2023.

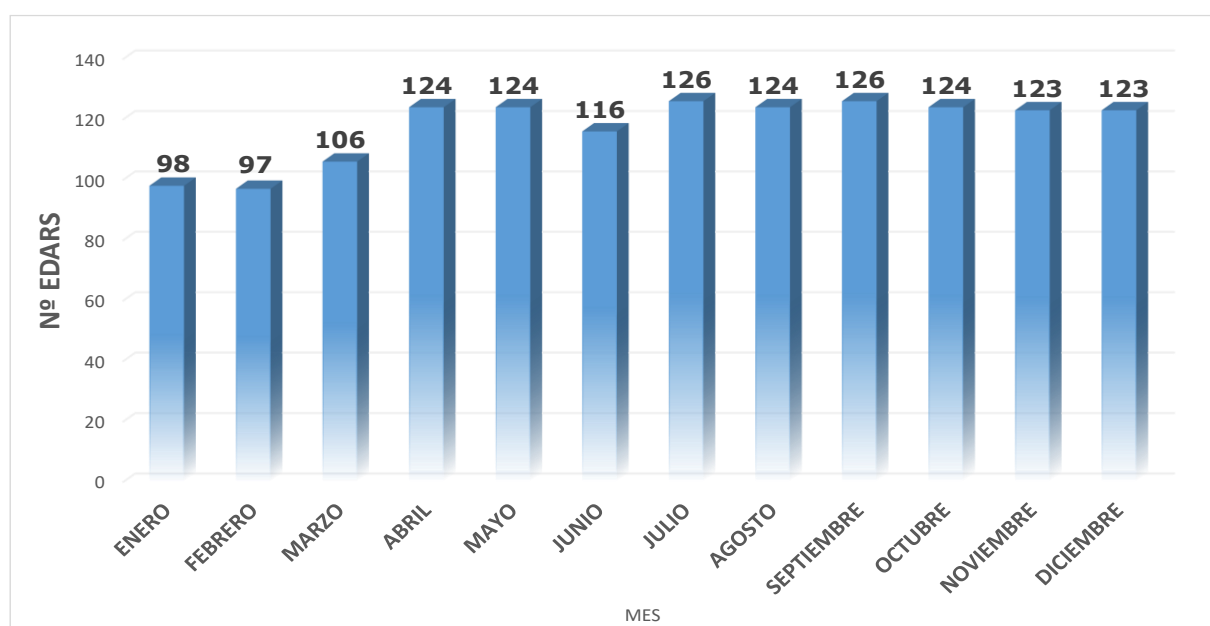


Figura 3. Nº de EDARs que remitieron datos al MSAN durante el año 2023.

3.2. Muestras

Durante el año 2023 sólo se han reportado datos obtenidos de muestreos a la **entrada** de la EDAR, es decir, de agua residual influente. Por lo tanto, el número de puntos de muestreo considerados coincide con el número de EDAR participantes.

El total de muestreos realizados en 2023 ha sido de **3.498** (Figura 4 y Figura 5), para los que se ha obtenido un total de **3.490** resultados de cuantificación de SARS-CoV-2.

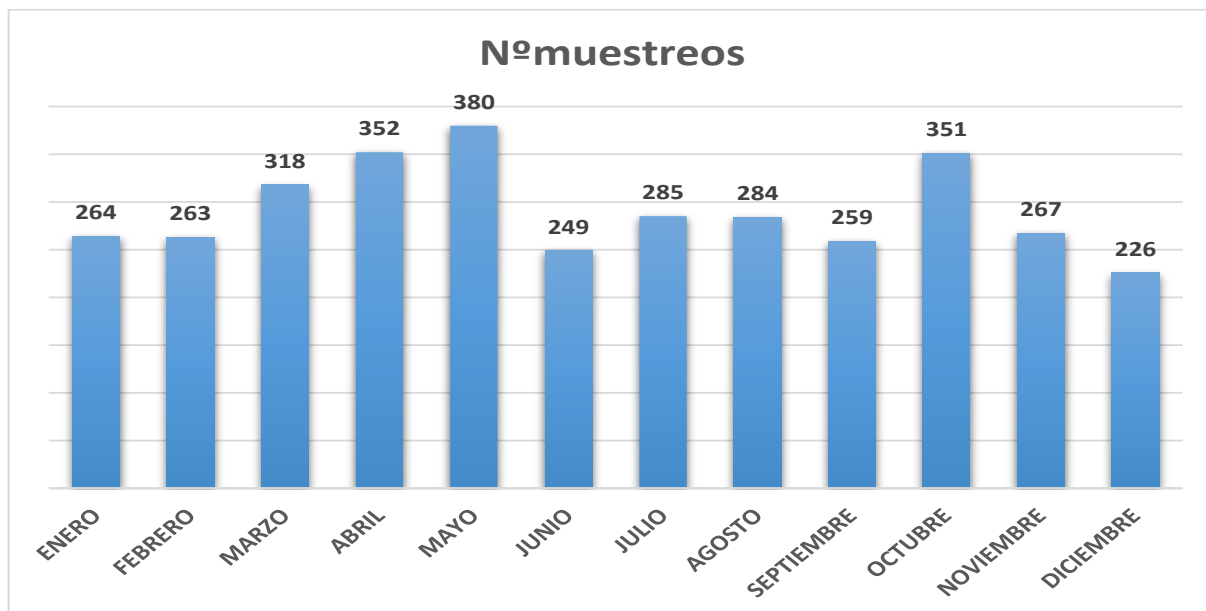


Figura 4. Número de muestreos notificados al MSAN durante 2023 por mes.

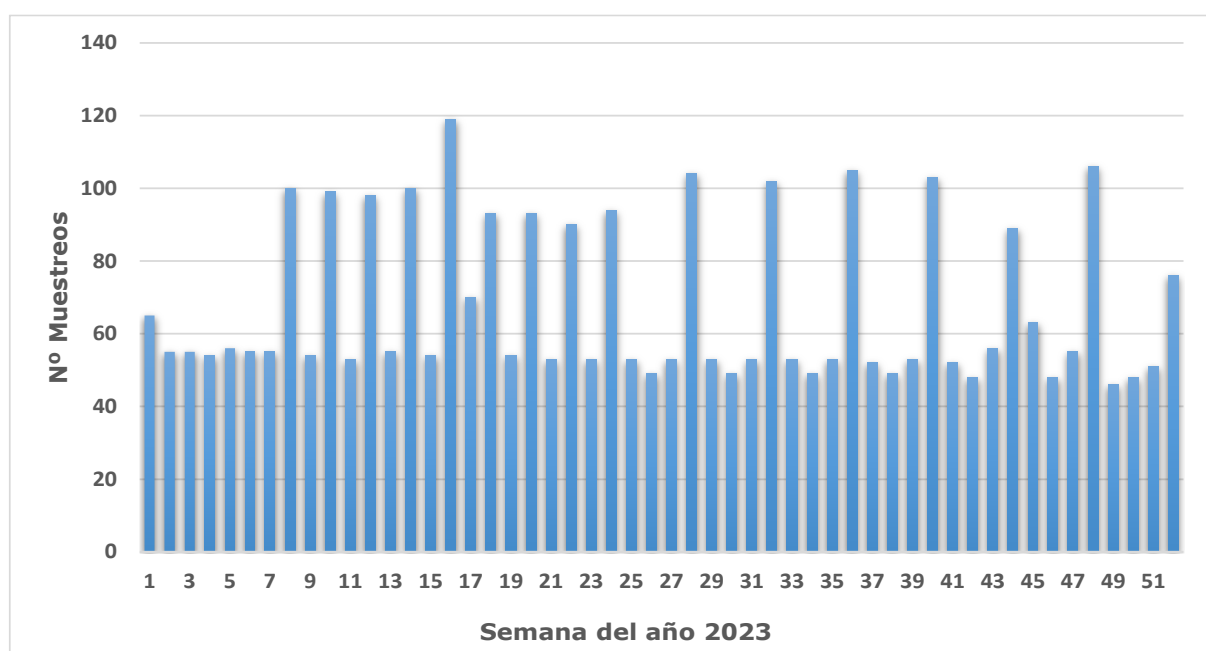


Figura 5. Datos notificados al MSAN durante 2023 por semana.

Durante el ejercicio de 2023, **5 laboratorios** notificaron resultados al MSAN: los centros CEBAS e IATA (CSIC); la universidad de Barcelona; el laboratorio AINIA y el laboratorio GAMASER (Figura 6).

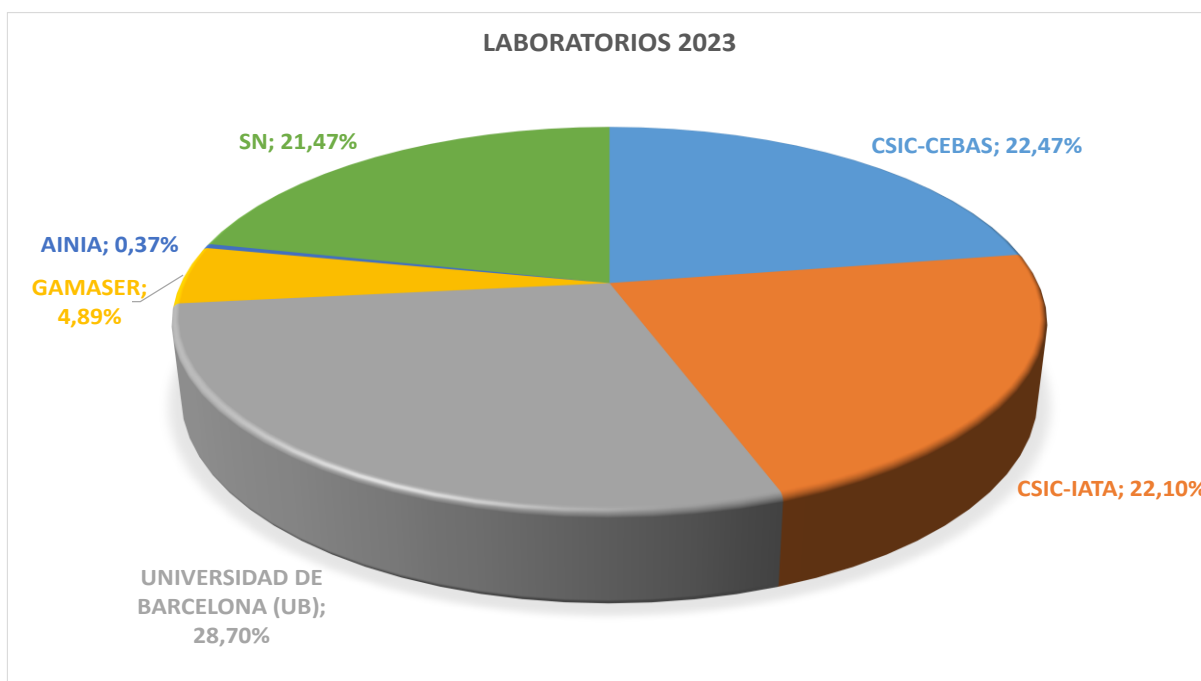


Figura 6. Proporción de resultados notificados al MSAN según tipo de laboratorio. El nombre de las etiquetas corresponde con el nombre de los laboratorios. "SN" indica "sin notificar" el nombre del laboratorio que realizó el análisis.

3.3. Dianas

De los **3.490** resultados notificados, cada diana genética molecular fue utilizada en diferente proporción, tal como refleja la Tabla 4.

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	3.477	1,43E+06	3,89E+07
DIANA IP4	2.944	1,01E+05	2,85E+07
DIANA N2	517	1,13E+05	3,07E+06
DIANA E	13	4,24E+05	1,00E+06

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 7). Durante el año 2023, la diana **N1** se utilizó como indicador genético en el **82,0%** de los casos, seguida de la diana **IP4** en un **14,8%** 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	2.857	82,0
DIANA N2	102	2,9
DIANA IP4	517	14,8
DIANA E	8	0,2

En la Figura 7 se representa el porcentaje del número de resultados registrados por mes durante el año 2023 en función de la diana genética aplicada.

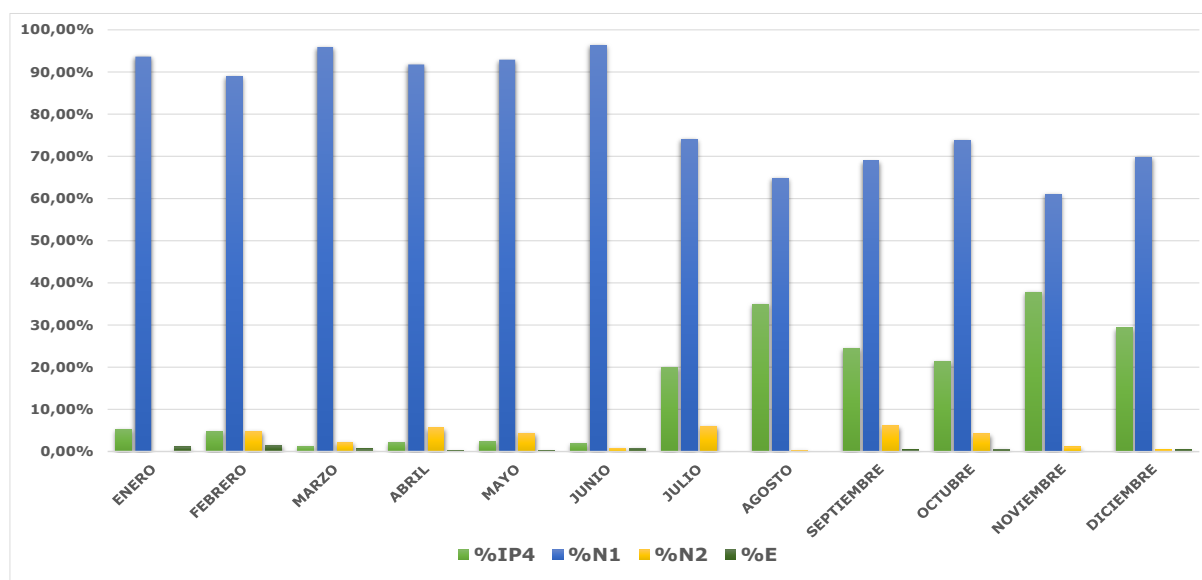


Figura 7. Porcentaje de los datos notificados según la diana genética aplicada.

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

En la Figura 8 se representa la evolución de las proporciones de los rangos de concentración de material genético vírico detectadas en el agua residual durante el año 2023 por semanas. Se pueden observar las sucesivas olas epidemiológicas ocurridas durante el año 2023.

En la tabla 6, se puede ver que en el año 2023 se obtuvo un 100% de positividad en las muestras analizadas, siendo la carga viral con exponente en base diez igual a 5 la carga viral más frecuente, con 1.521 muestras, seguido de cerca de un exponente 6, con 1.421 muestras.

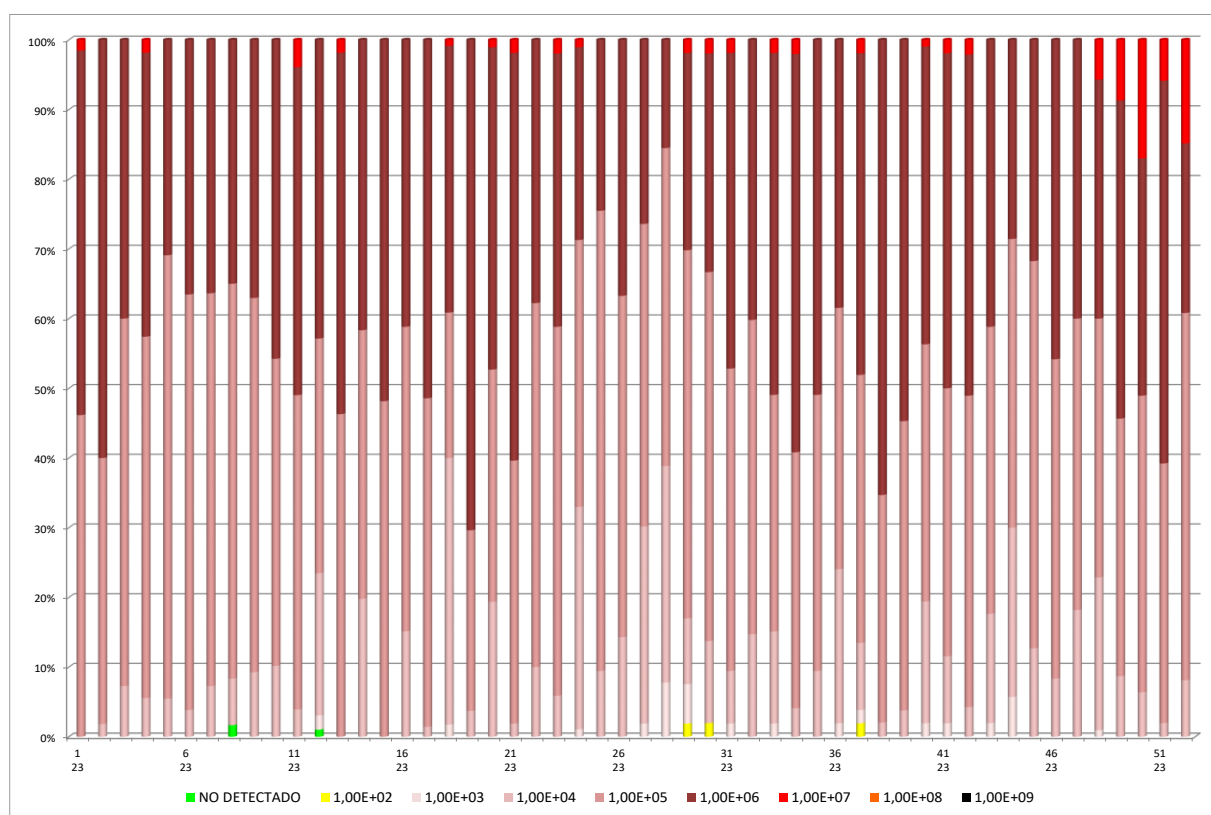


Figura 8. Concentración de material genético vírico total detectado en el agua residual durante el año 2023.

Tabla 6. Datos obtenidos de las muestras analizadas en 2023.

		Total de muestras analizadas (N=3.490)								
		No detectado	Positivo							
Total	2	3.488								
cg/L	-	10 ²	10 ³	10 ⁴	10 ⁵	10 ⁶	10 ⁷	10 ⁸	10 ⁹	
N	2	3	32	460	1521	1461	51	0	0	
%	0,06	0,08	0,92	13,19	43,60	41,88	1,46	0,0	0,0	

3.5. Resultados notificados a Europa

Desde abril de 2023, el MSAN ha ido reportando todos los datos españoles a Europa que se han ido recopilado mensualmente, incluyendo tanto datos de cuantificación de dianas genéticas de SARS-CoV-2, como las variantes que se estaban detectando. Además, se ha reportado todos los datos obtenidos desde que se inició la vigilancia epidemiológica en aguas residuales en 2020.

En la tabla 7 se representa todos los datos reportados a Europa en 2023 y, en la tabla 8 todas las variantes que se han notificado en este mismo año, diferenciando entre las nuevas dianas encontradas en 2023 y las que ya estaban siendo detectadas en 2022. Por último, la tabla 9 representa los tipos de puntos de muestreo que ha habido en 2023, los cuales fueron en las entradas de las EDARs, únicamente.

Por otro lado, se ha participado en 7 reuniones de puntos nacionales de contacto (NCPs) y 6 reuniones del Open Data Model (ODM). También se asistió a la conferencia internacional "Towards a Global Wastewater Surveillance System for Public Health" del 15 al 17 de noviembre en Frankfurt.

Tabla 7. Resultados de las muestras analizadas por métodos cuantitativos notificados a Europa en 2023.

cg/L	Total muestras analizadas (N=3490)		Muestras analizadas por métodos cuantitativos (N=3.490)								
	Negativo	Positivo	0	10 ¹	10 ²	10 ³	10 ⁴	10 ⁵	10 ⁶	10 ⁷	10 ⁸
Nº	2	3.488	2	0	3	32	460	1521	1461	51	0
%	<0,1	99,9	<0,1	0,0	<0,1	0,9	13,2	43,6	41,9	1,5	0,0

Tabla 8. Variantes genéticas detectadas notificadas a Europa durante el año 2023

Ya detectadas*	Ómicron BA.2, BA.4 y/o BA.5 (del25/27 o del31/33); Ómicron BA.4, BA.5 y/o sublinajes derivados(del69/70); BA.2.75 ¹ ; BQ.1; XBB ² ; BF.7;BQ.1.1
Nuevas*	XBB.1.5; XBC; BN.1; CH.1.1; XBB.1.16; Ómicron XBB.2.3; Ómicron XBB.2.4; Ómicron FE.1; Ómicron EG.5.1; Ómicron EG.5; Ómicron BA.2.86; Ómicron Flip: L455F y F456L ⁴ ; Ómicron FL.1.5.1 (XBB.1.5-like + F456L) ; Flip+A475V; Flip+K478R; Ómicron JN.1 (BA.2.86); Ómicron XBB.1.5-like+L455F+F456L ⁵ ; Ómicron DV.7.1;

*Las variantes genéticas fueron identificadas por la técnica dúplex-PCR ó métodos NGS (en cursiva). Las variantes subrayadas fueron identificadas por ambas técnicas de análisis.

¹ Incluye todos sus sublinajes (BN, CH, etc.), XBF y XBK debido a que estos recombinantes comparten la región S de la BA.2.75.

² Incluye todos los sublinajes de XBB excepto los XBB.1.5-like.

³ Incluye todos aquellos linajes que presentan las mutaciones Q183E, F486P y F490S como por ejemplo XBB.1.5, XBB.1.9.1*, XBB.1.9.2*, XBB.1.16*, XBB.2.3* y FE.1*, entre otros (* indica que se hace referencia también a los sublinajes derivados de dicha variante).

⁴ Incluye todas las XBB.1.5-like + L455F + F456L y las DV.7.1 (CH.1.1).

⁵ Incluye: XBB.1.48, XBB.1.5.70, XBB.1.16.26, EG.5.1.8, GW.5, GK*, JF.1*, HK.1.2, HK.3, HK.8, HK.10, HK.13, HK.14, JD.1, JG.3, JJ.1, JR.1.1 y recombinantes de éstos (* indica que se hace referencia también a los sublinajes derivados de dicha variante).

Tabla 9. Tipos de puntos de muestreo en 2023

Alcantarilla	0	Entrada EDAR	127	Zonas de baño continentales	0
Estación de bombeo	0	Salida EDAR	0	Avión	0
Colectores	0	Otro PM	0		

4. 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 9, en el año 2023, 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.

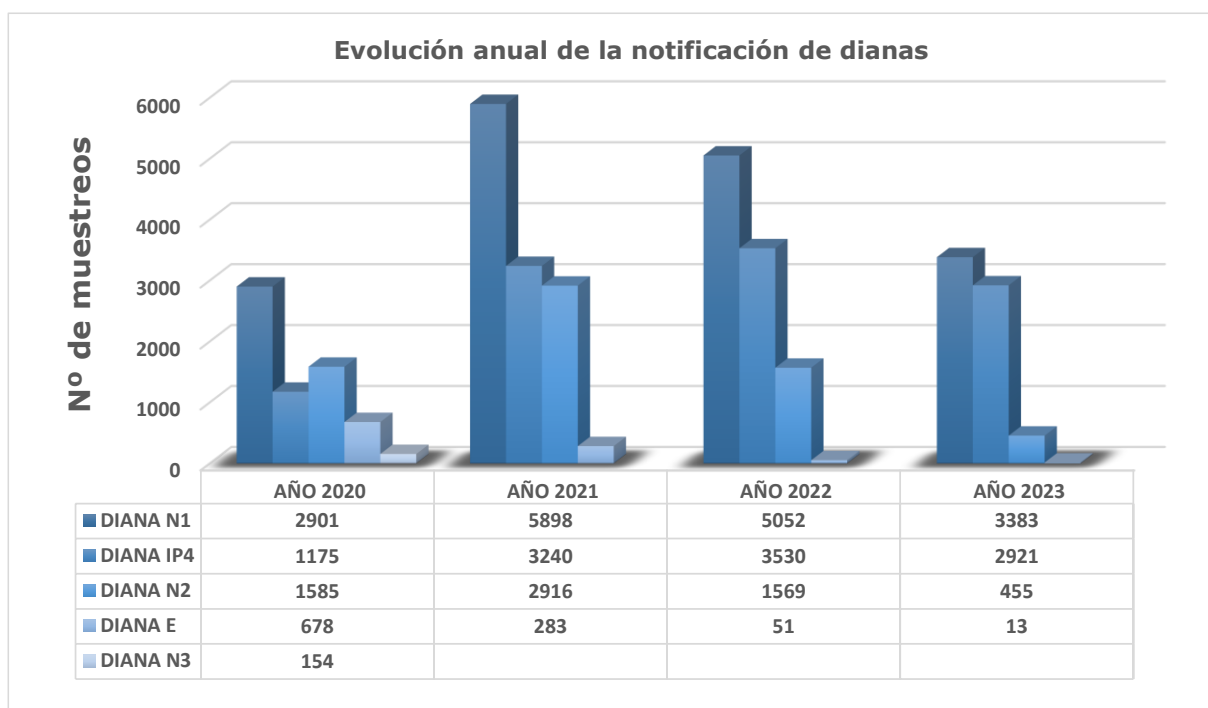


Figura 9. Evolución anual de la notificación de las diferentes dianas genéticas analizadas.

Según se muestra en la Figura 10, en el año 2023, 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 (84,8 %), además la diana **IP4** aumentó como indicador en este 2023. Por otro lado, el porcentaje de resultados de las dianas **N2** y **E** ha disminuido respecto a los años anteriores, no habiéndose utilizado como indicador.

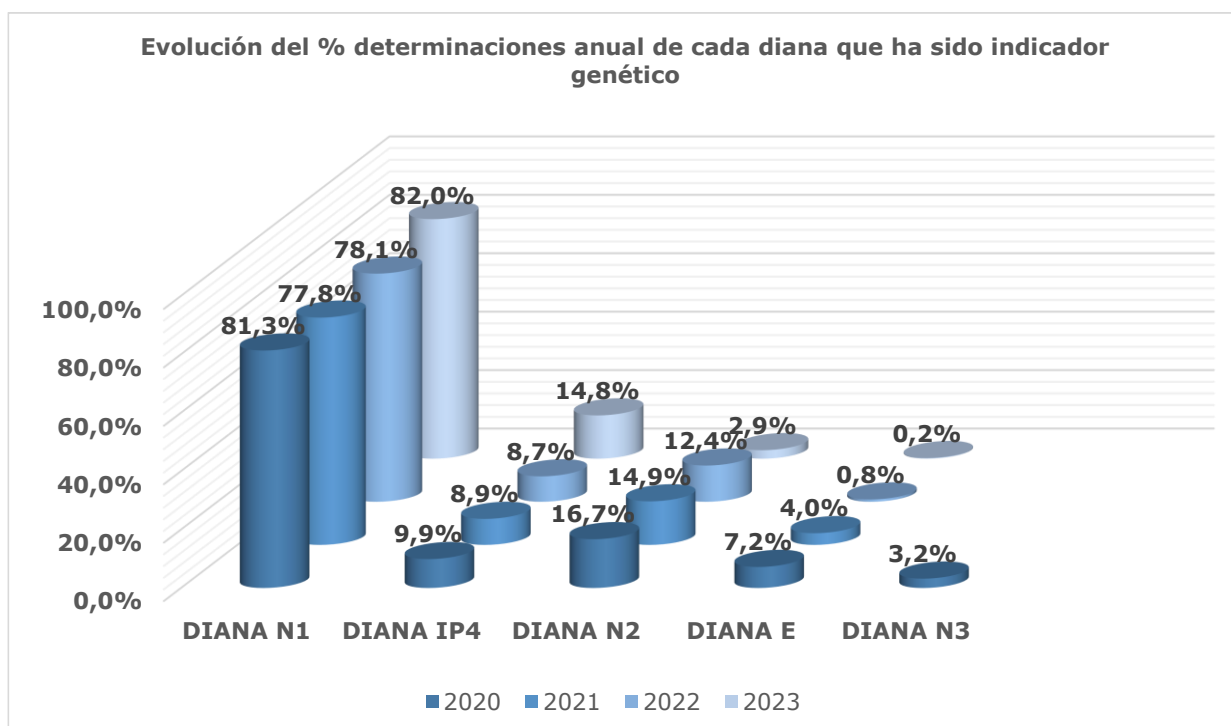


Figura 10. Evolución anual del porcentaje de resultados en los que cada diana fue elegida como indicador de presencia de material genético vírico.

En el anexo I 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 52 del 2023.

En la figura 11 se representa la variación mensual de la carga viral media para comunidad autónoma. Se observa una tendencia similar en todas las comunidades autónomas. Andalucía presenta los valores más bajos de manera continua, mientras que comunidades como la comunidad Valenciana, País Vasco y Navarra presentan los valores más elevados. Se observan dos picos claros de carga viral en los meses de mayo y diciembre.

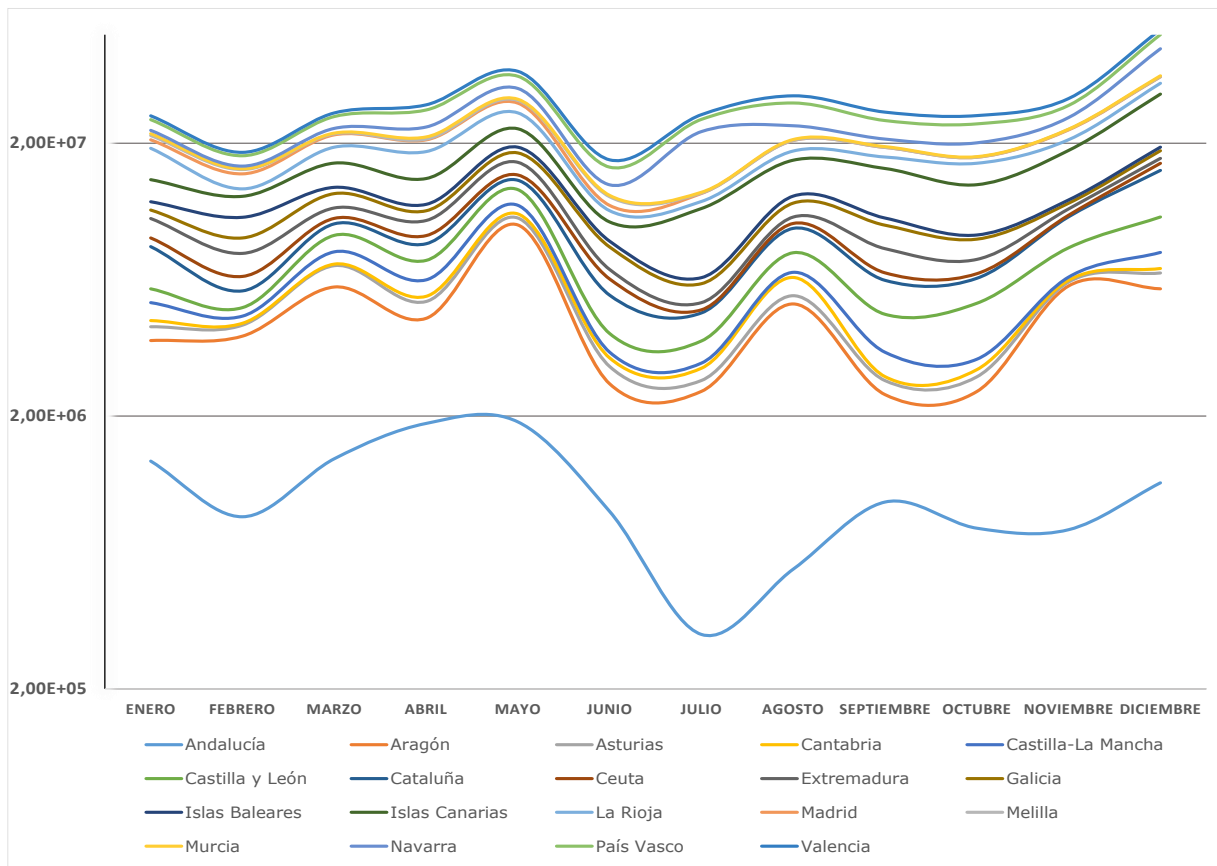


Figura 11. Evolución de la carga viral media por mes en cada comunidad autónoma

5. 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.

A lo largo de todo el año 2023 el proyecto VATar continuó con la detección de variantes/linajes/sublinajes de sars-cov-2 mediante secuenciación masiva de 54 EDARs, y desde abril del 2023 el proyecto HEBAR incorporó también resultados de secuenciación masiva de 24 EDARs, empleando las mismas técnicas.

En total, se reportan resultados de **78** EDARS representando un **41,1%** de la población española.

En ambos proyectos se realiza la secuenciación de una muestra por cada EDAR al mes. Los laboratorios participantes en los proyectos VATAR y HEBAR en base a técnicas de secuenciación masiva en profundidad (*deep sequencing*), analizan la región codificante de la proteína S, que es la glicoproteína de la espícula del virus obteniendo la presencia y proporción de mutaciones en cada muestra.

Inicialmente, se lleva a cabo una selección de muestras, las cuales, deben cumplir una serie de requisitos que determinan su aptitud.

El proceso de secuenciación consiste, primeramente, en la síntesis del cDNA (DNA complementario) seguida por una amplificación de las muestras mediante el protocolo sub-ARTIC Network ⁽¹⁰⁾. Por último, en base al protocolo de Oxford Nanopore: Classic PCR tiling of SARS-CoV-2 virus ⁽¹¹⁾ se preparan las librerías y se realiza la secuenciación mediante la plataforma MinION Mk1B, MinION Mk1C, o GridION (Oxford Nanopore Technologies).

Durante el año 2023 se remitieron los resultados de secuenciación empleando el software Freyja (Karthikeyan et al., 2022) para el análisis bioinformático. ⁽¹²⁾ 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. Posteriormente los resultados obtenidos se clasifican siguiendo las actualizaciones del European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC).

Según lo publicado por el ECDC, las distintas variantes del virus SARS-CoV-2 se pueden clasificar en cuatro categorías: ⁽¹³⁾

» **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. Actualmente no existen variantes del SARS-Cov-2 que cumplan estos criterios.

» **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.

En la Figura 12 se recogen los datos mensuales de secuenciación correspondientes al proyecto VATar y HEBAR (habiéndose incorporado a partir del mes de abril). Hay que hacer especial mención a la variante Ómicron *BA.2.86 (BA.2)* que se detectó por primera vez en el mes de agosto con poca presencia y se clasificó hasta el mes de octubre dentro de la categoría de: "variantes bajo vigilancia" (VUM). Desde el mes de noviembre se incluye dentro de la categoría: "variantes de interés" (VOI) detectándose porcentajes altos de presencia en casi todas las EDARs.

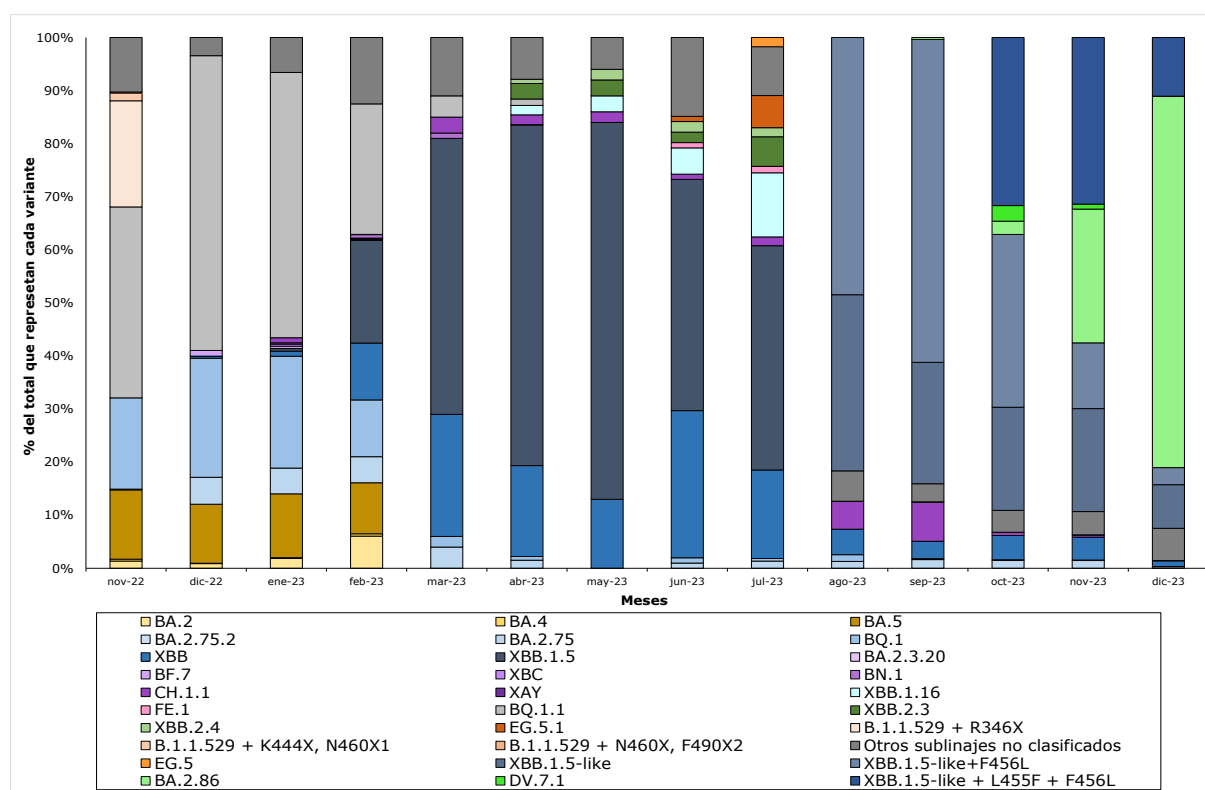


Figura 12. Evolución de los datos mensuales de secuenciación masiva (gen S).

Desde la irrupción de esta nueva variante, esta ha ido incrementando su presencia desde el mes de octubre, la variante BA.2.86 ha ido desplazando a los otros linajes que eran previamente dominantes, hasta alcanzar su dominio durante el mes de diciembre. Esta figura se representa también en el anexo III para mejor visualización.

6. RESUMEN

- ⌘ En el año 2023, **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.
- ⌘ En el año 2023 el proyecto HEBAR y su actividad de monitorización de material genético de SARS-CoV-2 en aguas residuales, ha permitido un aumento importante en el porcentaje de población representada hasta el 52,4%.
- ⌘ La **notificación** ha sido desigual a lo largo del año 2023, 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** y **HEBAR** (MITERD y MSAN) y la **Agencia Catalana del Agua; Agencia Vasca del Agua**.
- ⌘ 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.

7. EXPERIENCIA ADQUIRIDA

Tras cuatro años de vigilancia ambiental de las aguas residuales y en concreto, la vigilancia del material genético del SARS-CoV-2 en las aguas residuales podemos tener cuatro indicadores como complemento a la vigilancia en salud pública:

- 1º. PRIMERO. **alerta temprana**, ya que se observó que se detectaba material genético en agua residual días antes de que comenzaran a aparecer enfermos.
- 2º. SEGUNDO, **localización del brote**, una vez conocida la aparición del virus en una localidad, si se muestreaba aguas arriba, es decir, en puntos de la red de saneamiento representativos de barrios (alcantarillas), se puede conocer dónde había 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, **tendencia de la pandemia**, una vez instaurada la pandemia en una localidad, con esta vigilancia se podía seguir la evolución de la pandemia, bien al alza o a la baja.
- 4º. CUARTO. **Detección de variantes**, al vigilar las variantes conocidas, por PCR y las variantes nuevas mediante la secuenciación masiva, nos da una nueva pista sobre la situación y seguimiento de la pandemia.

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 situación actual de COVID-19, centrándose en la aparición y la propagación de las variantes del SARS-CoV-2.

8. 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. ⁽¹⁴⁾
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 control del material genético de SARS-CoV-2 a través de los proyectos HEBAR y VATar.
6. Proseguir con el desarrollo del sistema de información HEBAR



C. Aspectos de la Estrategia

Puntos de muestreo

Se designará un punto de muestreo oficial en la entrada de la EDAR. Si la autoridad sanitaria lo estima oportuno, puede establecer otros puntos de muestreo: en red de saneamiento (alcantarillado, colectores y EBAR¹).

Frecuencia de muestreo

La frecuencia mínima de muestreo será, al menos, una vez cada dos semanas para las EDAR. Se recomienda que sea siempre en el mismo día de la semana, procurando que coincida la hora de máxima carga fecal.

Toma de muestras

El muestreo será preferentemente de tipo simple 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 e 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 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.

¹ EBAR: Estación de Bombeo de aguas residuales

9. 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 21/02/2024
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. 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. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33483313/>. Acceso 21/02/2024.
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 21/02/2024.
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 04/07/2023. [https://www.miteco.gob.es/content/dam/mitesco/es/agua/temas/concesiones-y-autorizaciones/vertidos-de-aguas-residuales/alerta-temprana-covid19/protocolo-deteccion-sars-cov-2-en-aguas-residuales tcm30-528265.pdf \(miteco.gob.es\) .](https://www.miteco.gob.es/content/dam/mitesco/es/agua/temas/concesiones-y-autorizaciones/vertidos-de-aguas-residuales/alerta-temprana-covid19/protocolo-deteccion-sars-cov-2-en-aguas-residuales tcm30-528265.pdf (miteco.gob.es) .) Acceso 21/02/2024.
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-pasteur-paris.pdf>. Acceso el 28/02/2024.
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 RT-PCR. *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 28/02/2024.
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/content/dam/miteco/es/agua/temas/concesiones-y-autorizaciones/vertidos-de-aguas-residuales/alerta-temprana-covid19/informes-actualizados/pdfs-informes-semanales/nota-tecnica-vatar-miterd_tcm30-517518.pdf. Acceso el 20/02/2024.

10. SARS-CoV-2 version 5.3.2 scheme release (ARTIC Network). [SARS-CoV-2 version 5.3.2 scheme release - Laboratory - ARTIC Real-time Genomic Surveillance](#) . Acceso el 08/02/2024

11. <https://nanoporetech.com/sites/default/files/s3/literature/pcr-tiling-of-sars-cov-2-virus-workflow.pdf> . Acceso el 08/02/2024

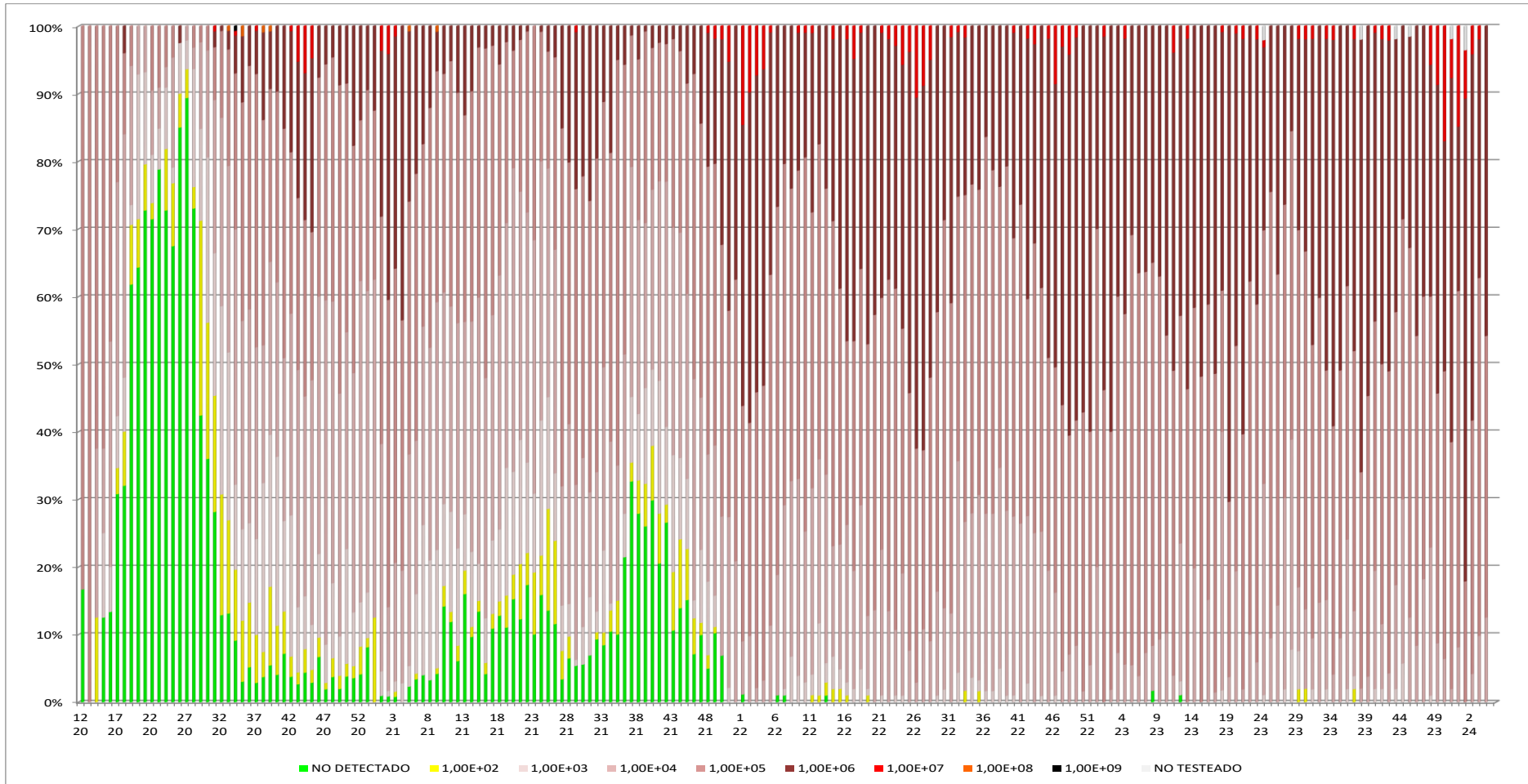
12. Karthikeyan S, Levy JI, De Hoff P, Humphrey G, Birmingham A, Jepsen K, et al. Wastewater sequencing reveals early cryptic SARS-CoV-2 variant transmission. *Nature*. 2022 Sep;609(7925):101-108. doi: 10.1038/s41586-022-05049-6. Epub 2022 Jul 7. PMID: 35798029; PMCID: PMC9433318.

13. European Centre for Disease Prevention and Control. [SARS-CoV-2 variants of concern as of 9 February 2023 \(europa.eu\)](#). Acceso el 08/02/2024

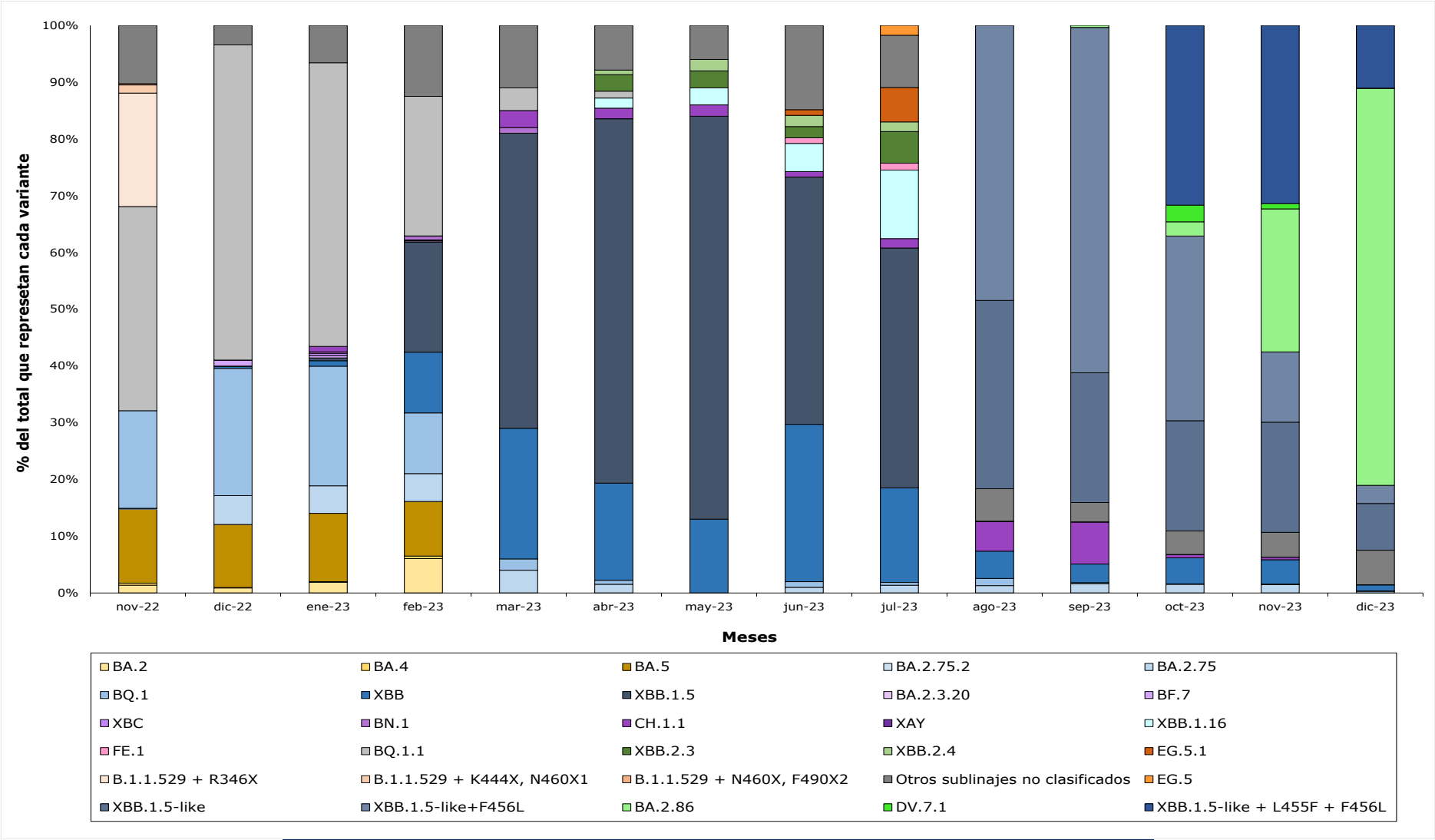
14. Chavarria-Miró G, Anfruns-Estrada E, Martínez-Velázquez A, Vázquez-Portero M, Guix S, Paraira M, Galofré B, Sánchez G, Pintó RM, Bosch A. Time Evolution of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) in Wastewater during the First Pandemic Wave of COVID-19 in the Metropolitan Area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

10. ANEXOS

Anexo I. 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.



Anexo III. Gráfico de evolución de los datos obtenidos por secuenciación masiva para 2023



Anexo IV. 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	34	VATAR
CADIZ	EDAR ALGECIRAS	ALGECIRAS	EDAR ALGECIRAS	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
CADIZ	EDAR CADIZ-SAN FERNANDO	CADIZ	EDAR CADIZ-SAN FERNANDO	ENTRADA EDAR	34	VATAR
CADIZ	EDAR DEL GUADALETE	JEREZ DE LA FRONTERA	EDAR DEL GUADALETE	ENTRADA EDAR	34	VATAR
CORDOBA	EDAR LA GOLONDRINA	CORDOBA	EDAR LA GOLONDRINA	ENTRADA EDAR	34	VATAR
GRANADA	EDAR GRANADA SUR	GRANADA	EDAR GRANADA SUR	ENTRADA EDAR	34	VATAR
HUELVA	EDAR HUELVA	HUELVA	EDAR HUELVA	ENTRADA EDAR	34	VATAR
JAEN	EDAR STA CATALINA	JAEN	EDAR STA CATALINA	ENTRADA EDAR	34	VATAR
MALAGA	EDAR ARROYO DE LA VIBORA	MARBELLA	EDAR ARROYO DE LA VIBORA	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
MALAGA	EDAR GUADALHORCE	MALAGA	EDAR GUADALHORCE	ENTRADA EDAR	34	VATAR
SEVILLA	EDAR SAN JERONIMO	SEVILLA + OTROS	EDAR SAN JERONIMO	ENTRADA EDAR	34	VATAR
HUESCA	EDAR HUESCA	HUESCA	EDAR HUESCA	ENTRADA EDAR	34	VATAR
TERUEL	EDAR TERUEL	TERUEL	EDAR TERUEL	ENTRADA EDAR	34	VATAR
ZARAGOZA	EDAR LA CARTUJA	ZARAGOZA	EDAR LA CARTUJA	ENTRADA EDAR	34	VATAR
OVIEDO	EDAR OESTE - LA REGUERONA	GIJON	EDAR OESTE - LA REGUERONA	ENTRADA EDAR	34	VATAR
OVIEDO	EDAR VILLAPEREZ	OVIEDO	EDAR VILLAPEREZ	ENTRADA EDAR	34	VATAR
BALEARES	EDAR PALMA II	PALMA DE MALLORCA	EDAR PALMA II	ENTRADA EDAR	34	VATAR
GRAN CANARIA	EDAR BARRANCO SECO	LAS PALMAS DE GC	EDAR BARRANCO SECO	ENTRADA EDAR	34	VATAR
TENERIFE	EDAR BUENOS AIRES	STA CRUZ DE TENERIFE	EDAR BUENOS AIRES	ENTRADA EDAR	34	VATAR
TENERIFE	EDAR ADEJE - ARONA	TENERIFE SUR	EDAR ADEJE - ARONA	ENTRADA EDAR	32	VATAR
CANTABRIA	EDAR SAN ROMAN	SANTANDER	EDAR SAN ROMAN	ENTRADA EDAR	34	VATAR

PROVINCIA	EDAR	POBLACIONES	PUNTO DE MUESTREO	TIPO PM	N	PLAN
AVILA	EDAR AVILA	AVILA	EDAR AVILA	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
BURGOS	EDAR BURGOS	BURGOS	EDAR BURGOS	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
LEÓN	EDAR LEÓN	LEÓN+OTROS	EDAR LEÓN	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
PALENCIA	EDAR PALENCIA	PALENCIA	EDAR PALENCIA	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
SEGOVIA	EDAR SEGOVIA	SEGOVIA	EDAR SEGOVIA	ENTRADA EDAR	34	VATAR
SALAMANCA	EDAR SALAMANCA	SALAMANCA	EDAR SALAMANCA	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
SORIA	EDAR SORIA	SORIA	EDAR SORIA	ENTRADA EDAR	34	VATAR
VALLADOLID	EDAR VALLADOLID	VALLADOLID	EDAR VALLADOLID	ENTRADA EDAR	34	VATAR
ZAMORA	EDAR ZAMORA	ZAMORA	EDAR ZAMORA	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
ALBACETE	EDAR ALBACETE	ALBACETE	EDAR ALBACETE	ENTRADA EDAR	34	VATAR
CIUDAD REAL	EDAR MIGUELTURRA	CIUDAD REAL	EDAR MIGUELTURRA	ENTRADA EDAR	34	VATAR
CUENCA	EDAR CUENCA	CUENCA	EDAR CUENCA	ENTRADA EDAR	34	VATAR
GUADALAJARA	EDAR GUADALAJARA	GUADALAJARA	EDAR GUADALAJARA	ENTRADA EDAR	34	VATAR
TOLEDO	EDAR TALAVERA DE LA REINA	TALAVERA DE LA REINA	EDAR TALAVERA DE LA REINA	ENTRADA EDAR	34	VATAR
TOLEDO	EDAR ESTIVIEL	TOLEDO	EDAR ESTIVIEL	ENTRADA EDAR	34	VATAR
BARCELONA	EDAR ABRERA	ABRERA	EDAR ABRERA	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
BARCELONA	EDAR BERGA	BERGA	EDAR BERGA	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
BARCELONA	EDAR BESOS	BARCELONA	EDAR BESOS	ENTRADA EDAR	47	VATAR/PROPIO ¹
BARCELONA	EDAR DEL PRAT	BARCELONA	EDAR DEL PRAT	ENTRADA EDAR	51	HEBAR/PROPIO ¹
BARCELONA	EDAR GRANOLLERS	GRANOLLERS	EDAR GRANOLLERS	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
BARCELONA	EDAR IGUALADA	IGUALADA	EDAR IGUALADA	ENTRADA EDAR	48	VATAR/PROPIO ¹
BARCELONA	EDAR LA LLAGOSTA	LLAGOSTA	EDAR LA LLAGOSTA	ENTRADA EDAR	10	PROPIO
BARCELONA	EDAR MANLLEU	MANLLEU	EDAR MANLLEU	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
BARCELONA	EDAR MANRESA	MANRESA	EDAR MANRESA	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
BARCELONA	EDAR MARTORELL	MARTORELL	EDAR MARTORELL	ENTRADA EDAR	13	PROPIO

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

PROVINCIA	EDAR	POBLACIONES	PUNTO DE MUESTREO	TIPO PM	N	PLAN
BARCELONA	EDAR MATARO	MATARO	EDAR MATARO	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
BARCELONA	EDAR MONCADA	MONCADA	EDAR MONCADA	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
BARCELONA	EDAR MONTORNES DEL VALLES	MONTORNES DEL VALLES	EDAR MONTORNES DEL VALLES	ENTRADA EDAR	11	PROPIO
BARCELONA	EDAR RUBI	RUBI	EDAR RUBI	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
BARCELONA	EDAR SABADELL	SABADELL	EDAR SABADELL	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
BARCELONA	EDAR SALLEN	SALLEN	EDAR SALLEN	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
BARCELONA	EDAR SANT FELIU DE LLOBREGAT	S. FELIU DE LLOBREGAT	EDAR SANT FELIU DE LLOBREGAT	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
BARCELONA	EDAR TERRASSA	TERRASSA	EDAR TERRASSA	ENTRADA EDAR	51	HEBAR/PROPIO ¹
BARCELONA	EDAR VILANOVA Y LA GELTRU	VILANOVA I LA GELTRU	EDAR VILANOVA Y LA GELTRU	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
BARCELONA	EDAR VILAFRANCA DEL PENEDES	VILAFRANCA DEL PENEDES	EDAR VILAFRANCA DEL PENEDES	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
GERONA	EDAR BANYOLAS	BANYOLES	EDAR BANYOLAS	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
GERONA	EDAR BLANES	BLANES	EDAR BLANES	ENTRADA EDAR	11	PROPIO
GERONA	EDAR CASTELL-PLAYA D'ARO	CASTELL-PLATJA_D'ARO	EDAR CASTELL-PLAYA D'ARO	ENTRADA EDAR	3	PROPIO
GERONA	EDAR FIGUERAS	FIGUERES	EDAR FIGUERAS	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
GERONA	EDAR GIRONA	GIRONA	EDAR GIRONA	ENTRADA EDAR	51	HEBAR/PROPIO ¹
GERONA	EDAR LLORET DE MAR	LLORET DE MAR	EDAR LLORET DE MAR	ENTRADA EDAR	10	PROPIO
GERONA	EDAR OLOT	OLOT	EDAR OLOT	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
GERONA	EDAR PALAMOS	PALAMOS	EDAR PALAMOS	ENTRADA EDAR	14	PROPIO
GERONA	EDAR PUIGCERDA	PUIGCERDA	EDAR PUIGCERDA	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
GERONA	EDAR RIPOLL	RIPOLL	EDAR RIPOLL	ENTRADA EDAR	14	PROPIO
GERONA	EDAR ROSES	ROSES	EDAR ROSES	ENTRADA EDAR	3	PROPIO
GERONA	EDAR VIC	VIC	EDAR VIC	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
LERIDA	EDAR BALAGUER	BALAGUER	EDAR BALAGUER	ENTRADA EDAR	14	PROPIO
LERIDA	EDAR BORJAS BLANCAS	BORJAS BLANCAS	EDAR BORJAS BLANCAS	ENTRADA EDAR	10	PROPIO
LERIDA	EDAR CERVERA	CERVERA	EDAR CERVERA	ENTRADA EDAR	10	PROPIO
LERIDA	EDAR FONDARELLA	FONDARELLA	EDAR FONDARELLA	ENTRADA EDAR	11	PROPIO
LERIDA	EDAR LLEIDA	LLEIDA	EDAR LLEIDA	ENTRADA EDAR	49	VATAR/PROPIO ¹

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

PROVINCIA	EDAR	POBLACIONES	PUNTO DE MUESTREO	TIPO PM	N	PLAN
LERIDA	EDAR MONTFERRER	MONTFERRER	EDAR MONTFERRER	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
LERIDA	EDAR PONT DE SUERT	PONT DE SUERT	EDAR PONT DE SUERT	ENTRADA EDAR	11	PROPIO
LERIDA	EDAR SOLSONA	SOLSONA	EDAR SOLSONA	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
LERIDA	EDAR SORT	SORT	EDAR SORT	ENTRADA EDAR	10	PROPIO
LERIDA	EDAR TARREGA	TARREGA	EDAR TARREGA	ENTRADA EDAR	9	PROPIO
LERIDA	EDAR TREMP	TREMP	EDAR TREMP	ENTRADA EDAR	11	PROPIO
LERIDA	EDAR VIELHA - E MIJARAN	VIELHA	EDAR VIELHA - E MIJARAN	ENTRADA EDAR	10	PROPIO
TARRAGONA	EDAR AMPOSTA	AMPOSTA	EDAR AMPOSTA	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
TARRAGONA	EDAR FALSET	FALSET	EDAR FALSET	ENTRADA EDAR	11	PROPIO
TARRAGONA	EDAR GANDESA	GANDESA	EDAR GANDESA	ENTRADA EDAR	11	PROPIO
TARRAGONA	EDAR GAVA – VILADECANS	GAVA Y VILADECANS	EDAR GAVA - VILADECANS	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
TARRAGONA	EDAR MONTBLANC	MONTBLANC	EDAR MONTBLANC	ENTRADA EDAR	11	PROPIO
TARRAGONA	EDAR MORA D´EBRE - MORA LA NOVA	MORA DE EBRO	EDAR MORA D´EBRE - MORA LA NOVA	ENTRADA EDAR	10	PROPIO
TARRAGONA	EDAR REUS	REUS	EDAR REUS	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
TARRAGONA	EDAR RIERA DE LA BISBAL	RIERA DE LA BISBAL	EDAR RIERA DE LA BISBAL	ENTRADA EDAR	15	PROPIO
TARRAGONA	EDAR TARRAGONA	TARRAGONA	EDAR TARRAGONA	ENTRADA EDAR	51	HEBAR/PROPIO ¹
TARRAGONA	EDAR TORTOSA-ROQUETES	TORTOSA-ROQUETES	EDAR TORTOSA-ROQUETES	ENTRADA EDAR	14	PROPIO
TARRAGONA	EDAR VALLS – POBLE	VALLS	EDAR VALLS - POBLE	ENTRADA EDAR	10	PROPIO
TARRAGONA	EDAR VILASECA – SALOU	VILASECA Y SALOU	EDAR VILASECA - SALOU	ENTRADA EDAR	3	PROPIO
ALICANTE	EDAR ALGOROS	ELCHE	EDAR ALGOROS	ENTRADA EDAR	35	VATAR
ALICANTE	EDAR BENIDORM	BENIDORM	EDAR BENIDORM	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
ALICANTE	EDAR RINCON DE LEON	ALICANTE	EDAR RINCON DE LEON	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
CASTELLON	EDAR CASTELLON DE LA PLANA	CASTELLO DE LA PLANA	EDAR CASTELLON DE LA PLANA	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
VALENCIA	EDAR PINEDO 1	VALENCIA + OTROS	EDAR PINEDO 1	ENTRADA EDAR	34	VATAR
BADAJOS	EDAR BADAJOS	BADAJOS	EDAR BADAJOS	ENTRADA EDAR	37	HEBAR

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

PROVINCIA	EDAR	POBLACIONES	PUNTO DE MUESTREO	TIPO PM	N	PLAN
BADAJOS	EDAR DON BENITO	DON BENITO	EDAR DON BENITO	ENTRADA EDAR	35	VATAR
BADAJOS	EDAR MERIDA	MERIDA	EDAR MERIDA	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
CACERES	EDAR CACERES	CACERES	EDAR CACERES	ENTRADA EDAR	35	VATAR
CORUÑA	EDAR BENS	CORUÑA	EDAR BENS	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
CORUÑA	EDAR SILVOUTA	SANTIAGO DE COMPOSTELA	EDAR SILVOUTA	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
LUGO	EDAR LUGO	LUGO	EDAR LUGO	ENTRADA EDAR	34	VATAR
OURENSE	EDAR REZA - OURENSE	OURENSE	EDAR REZA-OURENSE	ENTRADA EDAR	34	VATAR
PONTEVEDRA	EDAR PLACERES	PONTEVEDRA	EDAR PLACERES	ENTRADA EDAR	34	VATAR
PONTEVEDRA	EDAR LAGARES - VIGO	VIGO	EDAR LAGARES - VIGO	ENTRADA EDAR	34	VATAR
MADRID	EDAR ALCALA DE HENARES OESTE	ALCALA DE HENARES	EDAR ALCALA DE HENARES OESTE	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
MADRID	EDAR ARROYO CULEBRO CUENCA BAJA	GETAFE+OTROS	EDAR ARROYO CULEBRO CUENCA BAJA	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
MADRID	EDAR ARROYO CULEBRO CUENCA MEDIA ALTA	FUENLABRADA+OTROS	EDAR ARROYO CULEBRO CUENCA MEDIA ALTA	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
MADRID	EDAR ARROYO DEL SOTO	MOSTOLES	EDAR ARROYO DEL SOTO	ENTRADA EDAR	34	VATAR
MADRID	EDAR LA CHINA	MADRID	EDAR LA CHINA	ENTRADA EDAR	34	VATAR
MADRID	EDAR LA GAVIA	MADRID	EDAR LA GAVIA	ENTRADA EDAR	34	VATAR
MADRID	EDAR REJAS	MADRID	EDAR REJAS	ENTRADA EDAR	34	VATAR
MADRID	EDAR TORREJON DE ARDOZ	TORREJOZ DE ARDOZ	EDAR TORREJON DE ARDOZ	ENTRADA EDAR	34	VATAR
MADRID	EDAR VIVEROS	MADRID	EDAR VIVEROS	ENTRADA EDAR	34	VATAR
MURCIA	EDAR CABEZO BEAZA	CARTAGENA	EDAR CABEZO BEAZA	ENTRADA EDAR	34	VATAR
MURCIA	EDAR MURCIA ESTE	MURCIA	EDAR MURCIA ESTE	ENTRADA EDAR	34	VATAR
NAVARRA	EDAR ARAZURI	PAMPLONA	EDAR ARAZURI	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
NAVARRA	EDAR TUDELA	TUDELA	EDAR TUDELA	ENTRADA EDAR	35	VATAR
ALAVA	EDAR CRISPIJANA	VITORIA	EDAR CRISPIJANA	ENTRADA EDAR	34	VATAR

PROVINCIA	EDAR	POBLACIONES	PUNTO DE MUESTREO	TIPO PM	N	PLAN
GUIPUZCOA	EDAR LOIOLA	SAN SEBASTIAN	EDAR LOIOLA	ENTRADA EDAR	50	HEBAR/PROPIO ¹
VIZCAYA	EDAR GALINDO	BILBAO	EDAR GALINDO	ENTRADA EDAR	34	VATAR
LA RIOJA	EDAR LOGROÑO	LOGROÑO	EDAR LOGROÑO	ENTRADA EDAR	34	VATAR
LA RIOJA	EDAR CALAHORRA	CALAHORRA	EDAR CALAHORRA	ENTRADA EDAR	34	VATAR
CEUTA	EDAR CEUTA	CEUTA	EDAR CEUTA	ENTRADA EDAR	33	VATAR
MELILLA	EDAR MELILLA	MELILLA	EDAR MELILLA	ENTRADA EDAR	34	VATAR

Madrid, mayo 2024

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