MINISTERIO
DE SANIDAD

INFORME DE LA VIGILANCIA AMBIENTAL DE LAS AGUAS RESIDUALES

2024



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

Secretaria General Técnica Centro de Publicaciones

Paseo del Prado, 18, 28014 Madrid

NIPO:

Depósito Legal: pendiente tramitación

Marzo 2025.

Director General de Salud Pública y Equidad en Salud

Ministerio de Sanidad

Pedro Gullón Tosio

Subdirector/a General de Sanidad Ambiental y Salud Laboral

Santiago González Muñoz

Redacción:

Margarita Palau Miguel. Ministerio de Sanidad

Esperanza Guevara Alemany. Ministerio de Sanidad

Antonio Jesús Balboa Ortega. 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

Marzo 2025

ÍNDICE

PRESENTACIÓN 4
DATOS GLOBALES 5
1. INTRODUCCIÓN 6
2. MATERIALES Y MÉTODOS 8
2.1. Ámbito territorial 8
2.2. Unidad de información 9
2.3. Toma de muestra 9
2.4. Frecuencia de muestreo 10
2.5. Método de análisis y dianas genéticas controladas 10
2.6. Presentación de resultados 11
2.7. Valoración de la evolución semanal 12
2.8. Valoración de la evolución histórica 12
3. RESULTADOS 14
3.1. EDAR muestreadas 14
3.2. Muestreos realizados y laboratorios de análisis 14
3.3. Dianas 16
3.4. Resultados de SARS-CoV-2 en aguas residuales 17
3.5. Resultados notificados al observatorio de aguas residuales de la Comisión Europea 18
3.6. Resultados de secuenciación 19
4. EVOLUCIÓN 23
5. RESUMEN 25
6. BIBLIOGRAFÍA 26
7. ANEXOS 28

MINISTERIO
DE SANIDAD

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

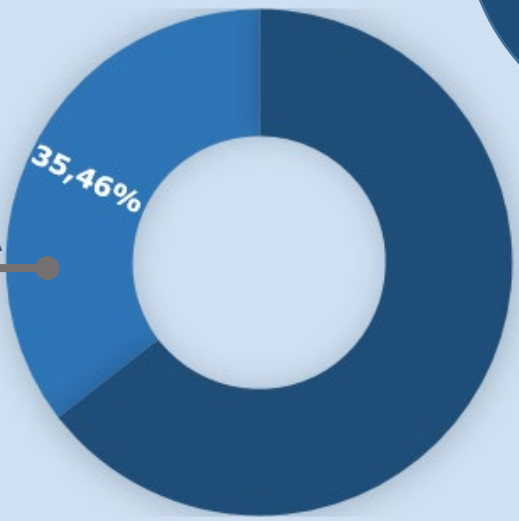
Pedro Gullón Tosio
Director General de Salud Pública
y Equidad en Salud

DATOS GLOBALES



78
EDAR
CONTROLADAS

78
Puntos de muestreo



%
POBLACIÓN REPRESENTADA

N1

IP4



DIANAS GENÉTICAS CONTROLADAS

1.382
RESULTADOS
OBTENIDOS



31
SEMANAS



1.INTRODUCCIÓN

Durante el transcurso de la pandemia de COVID-19 se generó un gran impacto en la salud pública, tanto a nivel nacional como a nivel internacional. Esta pandemia permitió poder desarrollar métodos alternativos de vigilancia epidemiológica, como la vigilancia epidemiológica en aguas residuales, al poder detectarse y cuantificarse, en este caso, material genético de SARS-CoV-2 en estas aguas [(1)].

Desde el inicio de la crisis sanitaria provocada por la COVID-19 hasta la actualidad, en España se han monitoreado gran parte de las aguas residuales para la detección y cuantificación del material genético de SARS-CoV-2 circundante, llegando a abarcarse hasta más de un 50% de la población española. Esto ha sido gracias al monitoreo y coordinación realizado por proyectos como VATar COVID-19, impulsado por el ministerio para la Transición Ecológica y Reto Demográfico (MITERD), el proyecto HEBAR (Herramienta Epidemiológica Basada en Aguas Residuales), impulsado por el Ministerio de Sanidad (MSAN), y otros distintos proyectos autonómicos y de otros ámbitos territoriales. Este constante monitoreo ha demostrado ser un gran aliado en la gestión de la pandemia, siendo útil como herramienta de detección temprana, para la observación de tendencias epidemiológicas y detección de variantes en circulación.

Tras los antecedentes (gracias a toda la experiencia adquirida) y el avance en esta temática por parte de la comunidad científica, la vigilancia epidemiológica en aguas residuales ya se ha establecido como estrategia de control a nivel nacional complementando a otros sistemas de vigilancia epidemiológica y se instaura para la vigilancia epidemiológica de otros patógenos de interés en aguas residuales. Un ejemplo de vigilancia de otros patógenos en aguas residuales puede darse para el virus de la viruela del mono o viruela símica (mpoxv, por sus siglas en inglés), cuya patología asociada (mpox) ha sido declarada emergencia de salud pública internacional por la Organización Mundial de la Salud (OMS) [(2)] en agosto de 2024 y que se ha detectado en aguas residuales en España [(3)].

Por último, el objetivo principal de este informe es exponer y documentar todas las actividades realizadas en España en el año 2024 con respecto a la detección de material genético de SARS-CoV-2 en aguas residuales. Las acciones realizadas por parte del MSAN son las siguientes:

- 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 y análisis de la información notificada por los proyectos HEBAR y VATar COVID-19.

- Búsqueda de bibliografía internacional y nacional actualizada referente a la vigilancia epidemiológica de SARS-CoV-2 y otros patógenos en aguas residuales.

- Comunicación activa con la Unión Europea, mediante el reporte de resultados en la plataforma europea del Observatorio de Aguas Residuales EU4S.

- Participación en 8 reuniones de Puntos Nacionales de Contacto (NCPs) y 7 reuniones del Open Data Model (ODM) o "Infopoint".

- Visita a las EDAR (Estación de depuración de aguas residuales) y laboratorios que han participado en el proyecto HEBAR para conocer de cerca a las personas que han estado implicadas en dicho proyecto.

2.MATERIALES Y MÉTODOS

2.1. Ámbito territorial

En 2024, se siguió la misma línea de años anteriores con respecto a los criterios de los núcleos poblacionales en los que se realizó detección de SARS-CoV-2 en aguas residuales, a saber:

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

En total **192** municipios han sido abarcados entre todas las EDAR muestreadas, lo que representa un **35,5%** de la población española (la población total de España para el segundo trimestre de 2024 fue de: 48.797.875 habitantes).

Con respecto a las CCAA, se ha conseguido abarcar más de un **25%** de su población siendo, excluyendo a Ceuta y Melilla, las comunidades autónomas de La Rioja y Asturias, las comunidades con mayor representatividad (Figura 1).

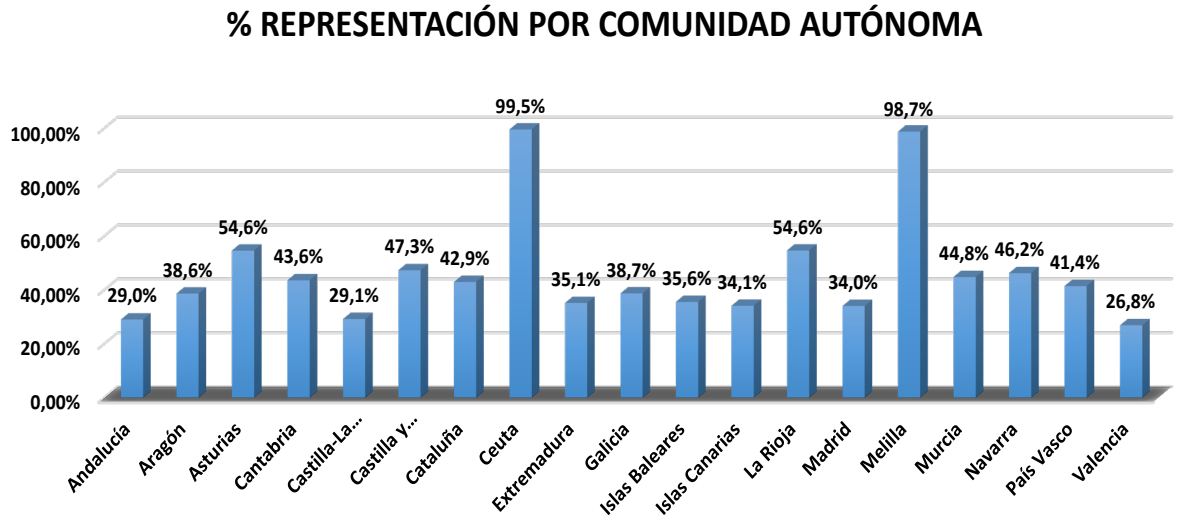


Figura 1. Porcentaje de población abarcada por las EDAR muestreadas en cada comunidad autónoma.

2.2. Unidad de información

En este informe, la unidad base de información es la **EDAR,** los operadores de éstas han remitido datos al MSAN durante el año 2024. Un total de **78** estaciones de depuración, independientemente del caudal nominal tratado, han reportado datos, estando incluidas dentro de los proyectos:

A. EDAR contenidas en el **Proyecto VATar COVID-19** (n=54).

B. EDAR contenidas en el **Proyecto HEBAR** (n=24).

En la Figura 2 se representan geográficamente las EDAR participantes distinguidas por su proyecto (ver Anexo III para más información del listado completo de EDAR).

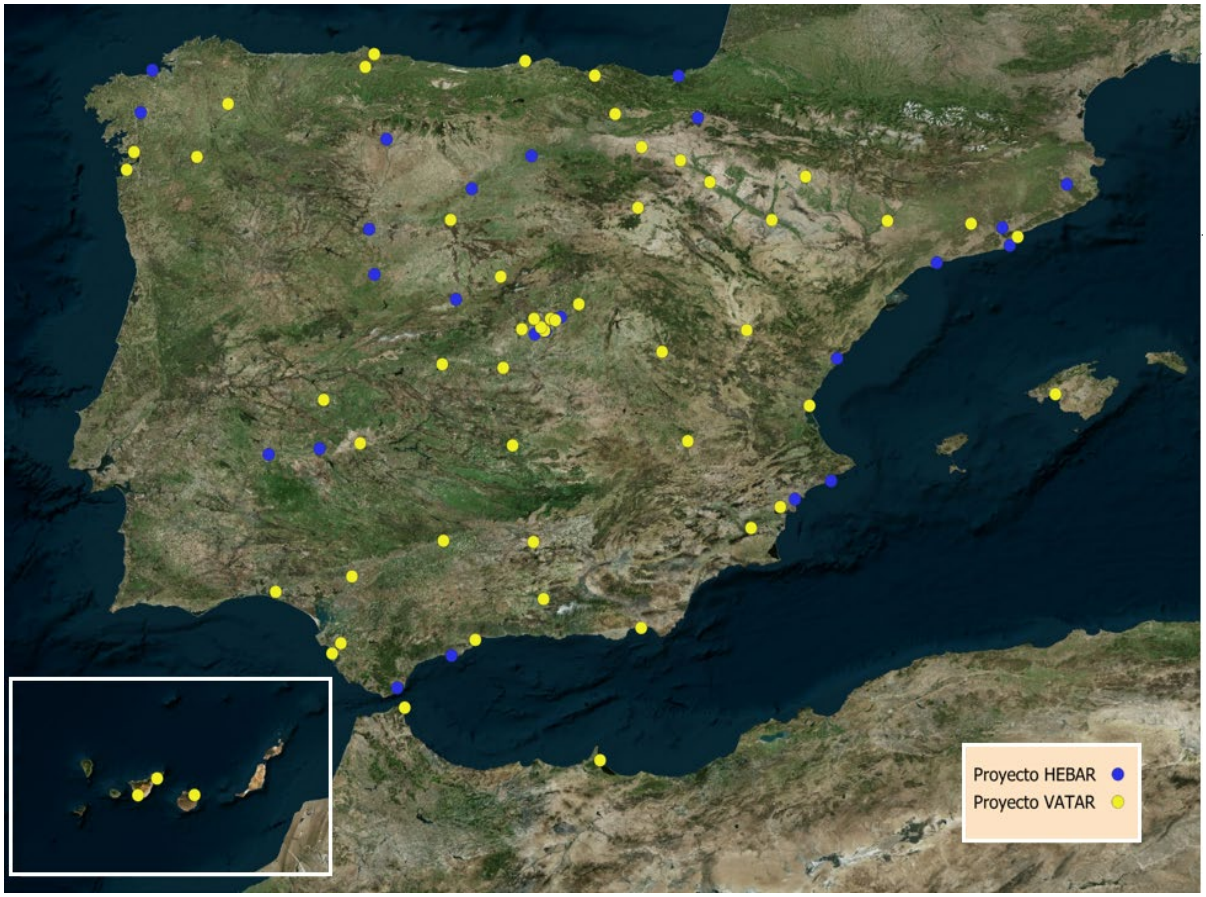


Figura 2. Geolocalización de las EDAR monitoreadas en el año 2024 por los proyectos VATar-Covid-19 (puntos amarillos) y HEBAR (puntos azules).

2.3. Toma de muestra

El "**Protocolo detección de SARS-CoV-2 en aguas residuales-VATar"** [(4)] sigue siendo el protocolo de referencia utilizado, tanto para los análisis, como para los muestreos. Este protocolo fue desarrollado por cuatro laboratorios: dos pertenecientes al Consejo Superior de Investigaciones

Científicas, 1) Grupo de Conservación y Seguridad Alimentaria del Instituto de Agroquímica y Tecnología de los Alimentos (CSIC-IATA); 2) Grupo de Calidad, Seguridad y Bioactividad de Alimentos Vegetales del Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CSIC-CEBAS); 3) Laboratorio de Virus Entéricos de la Universidad de Barcelona (UB); 4) Grupo de Investigación de Patología en Acuicultura (GIPA) de la Universidad de Santiago de Compostela.

2.4. Frecuencia de muestreo

La frecuencia de muestreo ha seguido manteniéndose en la línea a lo establecido en años anteriores. HEBAR ha muestreado semanalmente y el proyecto VATar COVID-19 con una frecuencia quincenal. En 2024, los muestreos se han realizado hasta junio y julio para los proyectos VATar COVID-19 y HEBAR, respectivamente, dado que ambos proyectos finalizaron en ese año.

2.5. Método de análisis y dianas genéticas controladas

La presencia de SARS-CoV-2 en aguas residuales se determina mediante la detección de su material genético (en este casp ácido ribonucleico, ARN) mediante 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, con el fin de 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 (Figura 3):

- ***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) [(5)].
- ***N1.*** Marcador molecular localizado en la región codificante de la proteína de la nucleocápside del virus. Se cuantifica 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).

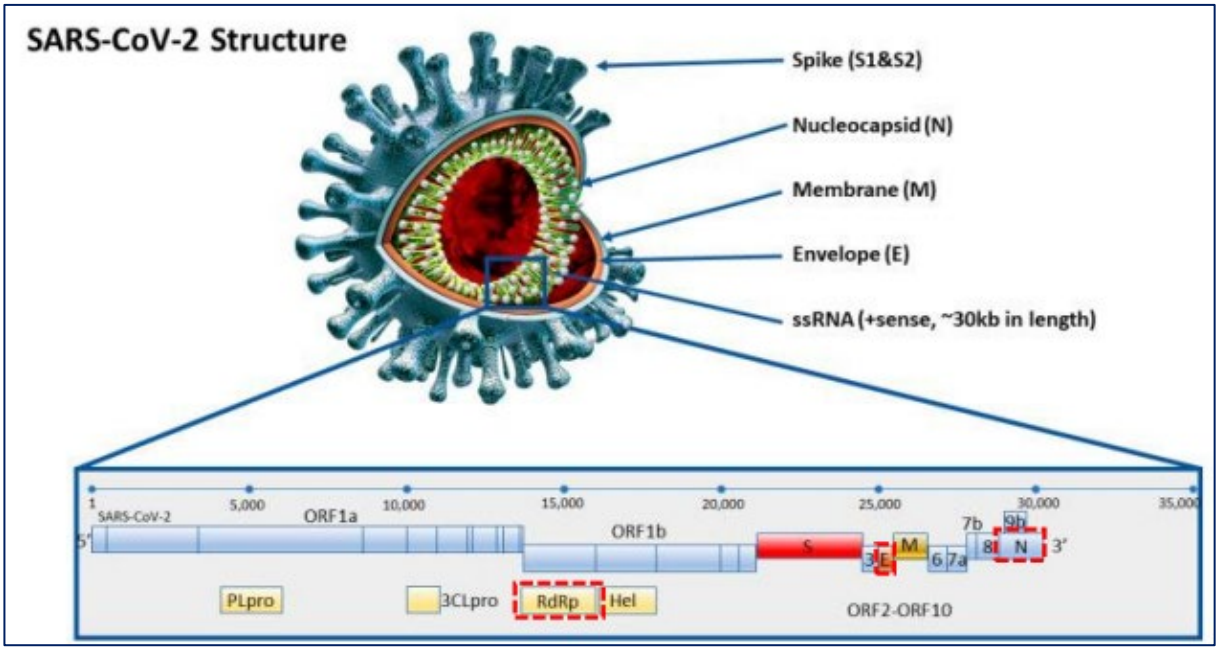


Figura 3. Estructura del virus SARS-CoV-2 con las regiones codificantes de sus proteínas más relevantes y que se usan como dianas para su detección, cuantificación y monitorización de variantes.

Hay que destacar 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 [(6)].

2.6. Presentación de resultados

La notificación de resultados ha sido homogénea durante el año 2024, con las frecuencias de muestreos que se han definido anteriormente y hasta la fecha descrita.

Todos los datos provenientes de los proyectos VATar y HEBAR han sido tratados y puestos en común.

2.7. Valoración de la evolución semanal

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, se mencionan dos 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 concreta y el resultado obtenido la semana anterior a esta, clasificándose en los rangos que aparecen en la Tabla 1. Del mismo modo se procede en el proyecto VATar-COVID-19.

Tabla 1. Intervalos de variación de unidades logarítmicas de diferencia para la valoración semanal de la evolución de la concentración de material genómico en agua residual en el proyecto HEBAR.

	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**

2.8. Valoración de la evolución histórica

Para el proyecto HEBAR, de forma complementaria a la evolución semanal, se notificó la evolución de los datos obtenidos con respecto al conjunto de datos, mediante medidas de posición estadísticas que, para este caso, han sido los percentiles.

Para ello, cada dato estaba posicionado en un percentil como indicador de la proporción de datos de la serie histórica que quedaba por debajo de su valor. Se categorizaron los percentiles en 7 rangos, tal y como se especifica en la Tabla 2.

Tabla 2. Intervalos asociados a los percentiles para la valoración de la evolución histórica de los datos de concentración de material genético de SARS-CoV-2 en aguas residuales. Se incluyen los "Máximo histórico" y Mínimo histórico" para hacer referencia al valor más alto y más bajo respectivamente, de la serie histórica.

VARIACIÓN	Percentil
Máximo histórico	**Dato más alto**
Muy alto	**Entre 80 y 100**
Alto	**Entre 60 y 80**
Medio	**Entre 40 y 60**
Bajo	**Entre 20 y 40**
Muy bajo	**Entre 0 y 20**
Mínimo histórico	**Dato más bajo**

3.RESULTADOS

3.1. EDAR muestreadas

En el año 2024 se notificaron al MSAN datos de detección y cuantificación de material genético de SARS-CoV-2 en aguas residuales desde **78** EDAR diferentes: **54** incluidas dentro del proyecto VATar COVID-19 y **24** incluidas dentro del proyecto HEBAR. El muestreo en las EDAR fue estable, reportando las **78** EDAR todos los meses hasta julio, exceptuando este último mes, en el que solo hubo reporte del proyecto HEBAR, ya que finalizó el proyecto VATar-COVID-19 (Figura 4).

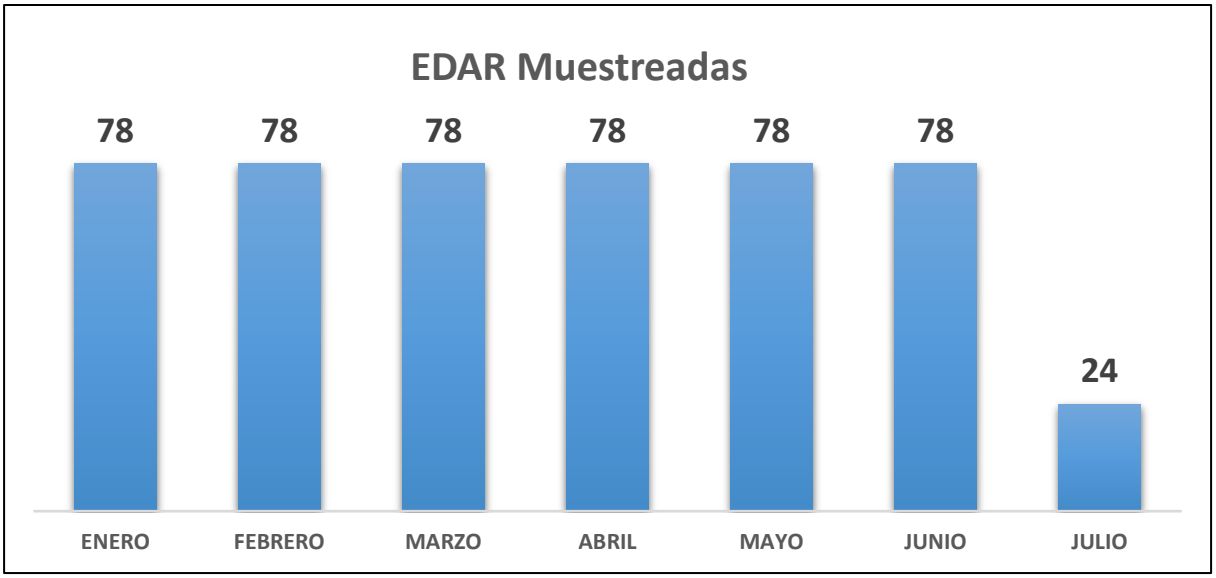


Figura 4. Número de estaciones de depuración de aguas residuales que remitieron datos al Ministerio de Sanidad durante el año 2024.

3.2. Muestreos realizados y laboratorios de análisis

En el año 2024, se han reportado datos obtenidos únicamente de muestreos a la **entrada** de la EDAR, por lo que el número de puntos de muestreo coincide con el número de EDAR que han participado.

El total de muestreos realizados ha sido de **1.389** (Figura 5), obteniéndose un total de **1.382** resultados de cuantificación de SARS-CoV-2 y **504** resultados de secuenciación.

Con respecto a los laboratorios, son 4 los laboratorios que han llevado a cabo los análisis en este año con un balance representado en la Figura 6.

Los laboratorios participantes han sido el Grupo de Conservación y Seguridad Alimentaria del Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IATA), el Grupo de Calidad, Seguridad y Bioactividad de Alimentos Vegetales del Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS), ambos laboratorios englobados dentro del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), el Laboratorio de Virus Entéricos de la Universidad de Barcelona (UB) y, por último, el laboratorio GAMASER.

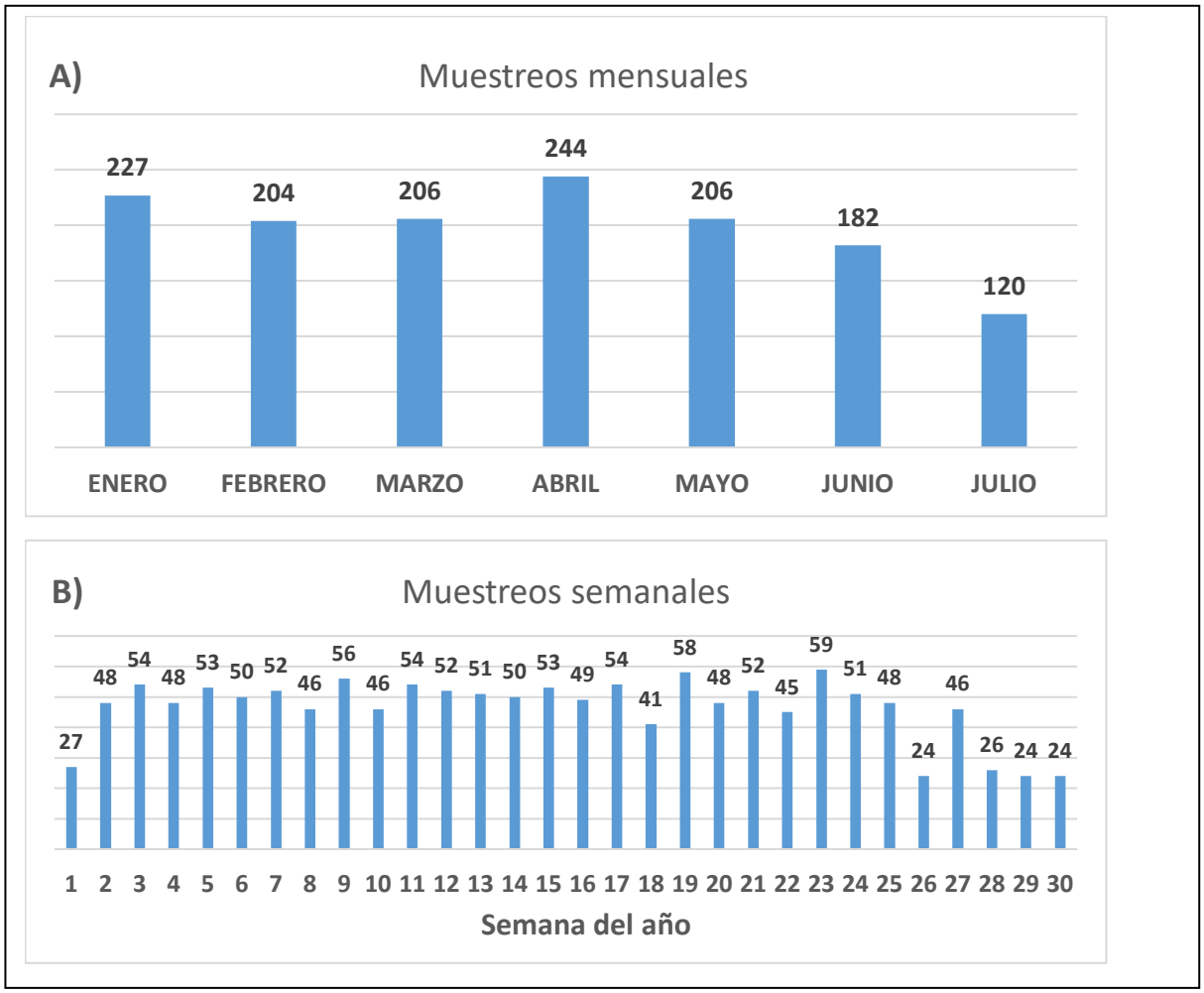


Figura 5. A) Número de muestreos notificados al Ministerio de sanidad durante el año 2024 por mes. **B)** Muestreos semanales notificados al Ministerio de Sanidad durante el año 2024.

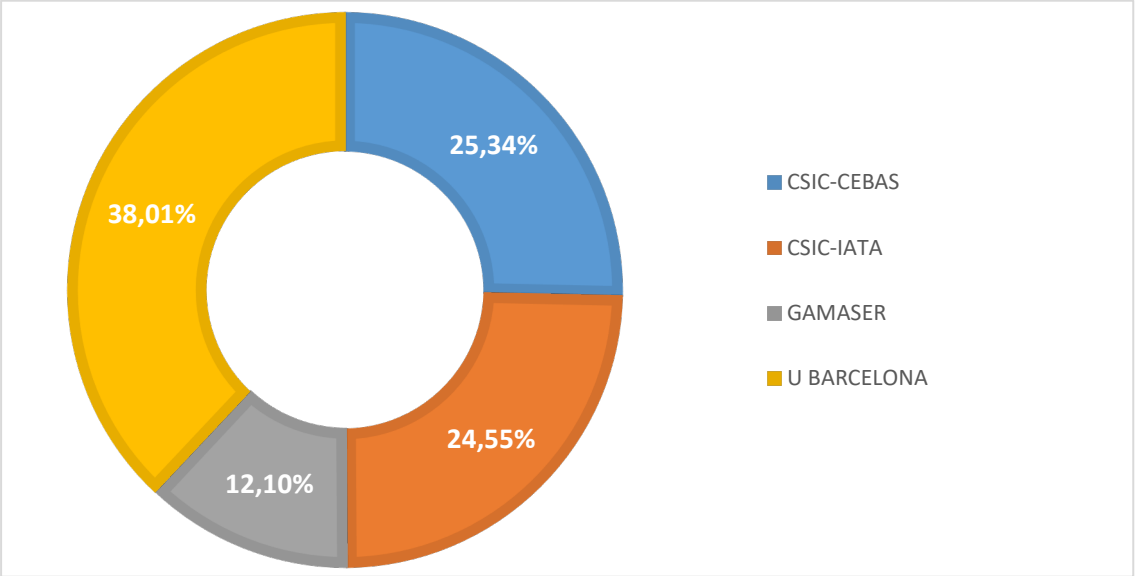


Figura 6. Proporción de muestreos analizadas según laboratorio durante el año 2024

3.3. Dianas

Las dianas genéticas utilizadas para la detección y cuantificación de SARS-CoV-2 han sido ***IP4*** y ***N1***. De los **1.382** datos obtenidos, ambas dianas fueron analizadas en la misma proporción obteniendo, además, valores muy similares de cuantificación (Tabla 2 y Tabla 3).

Tabla 2. Dianas controladas, número de determinaciones y valores medios y máximos notificados.

Diana notificada	Nº de Determinaciones	Valor medio (cg/l)	Valor máximo cuantificado (cg/l)
DIANA *N1*	1.382	1,86E+06	3,09E+07
DIANA *IP4*	1.382	1,58E+06	4,49E+07

La diana ***N1*** sigue siendo el marcador genético más sensible y que desde 2020 se ha mantenido como el mejor indicador de presencia de material genético en aguas residuales. Pese a ello, en 2024 sólo se utilizó como indicador genético en un **50,4%** de los resultados, siendo la diana ***IP4*** el indicador en el **49,6%** restante (Tabla 3), lo que muestra que esta diana también sigue siendo una buena indicadora de presencia de SARS-CoV-2 en aguas residuales. En la Figura 7 se muestran los porcentajes de resultados de qué tipo de diana genética sirvió como indicadora en la determinación y cuantificación de la muestra analizada.

Tabla 3. Porcentaje en el que la diana genética, bien *N1* o *IP4*, han sido utilizadas como indicador de presencia de material genético de SARS-CoV-2.

Diana genética	Nº de casos en los que la diana se utilizó como indicador de presencia de material genético del virus	%
DIANA *N1*	697	50,4
DIANA *IP4*	685	49,6

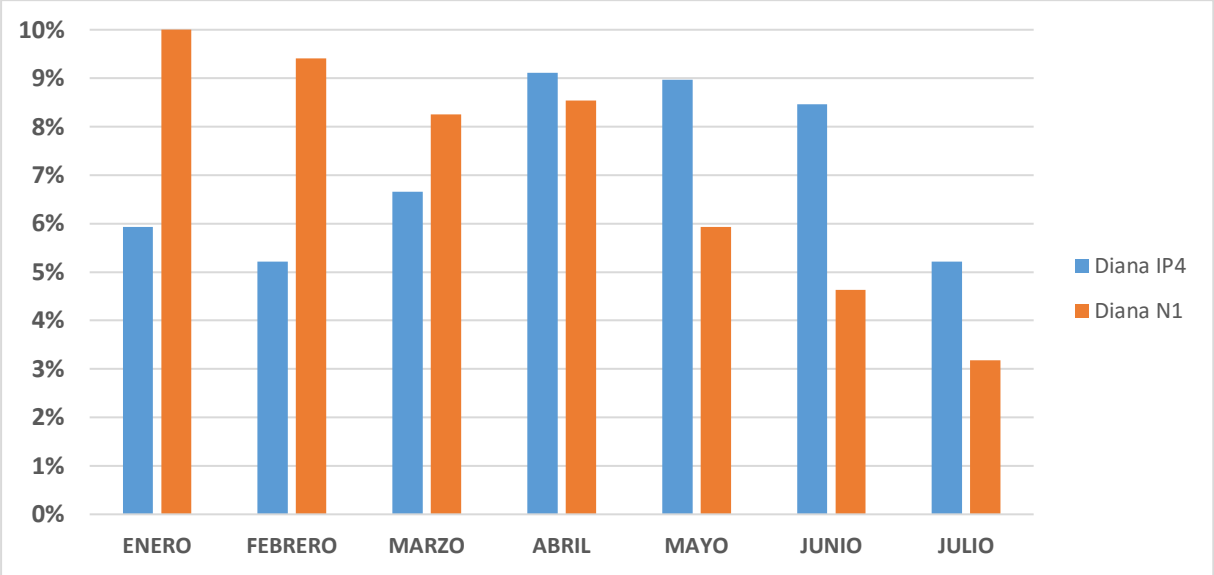


Figura 7. Porcentaje de los datos notificados según la diana genética aplicada por mes. Los porcentajes de cada mes están calculados en base al total de resultados analíticos de 2024 que fueron 1382.

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

La Figura 8 representa la evolución de las concentraciones de material genético de SARS-CoV-2 detectadas en aguas residuales durante los análisis de 2024. Tal y como se ha presenciado en otros años, se observan las mismas tendencias epidemiológicas durante los meses de verano (junio y julio) e invierno (diciembre y enero), aunque de manera ligeramente menos marcada para este año 2024.

Se obtuvo un **99,86%** de positividad de las muestras analizadas, siendo la carga viral con exponente en base diez igual a cinco la carga viral modal cuantificada con 548 muestras, seguido de la carga viral con exponente 6 (Tabla 4). De manera agrupada, se muestran en la Figura 8 los datos de concentración de virus por semana durante el año 2024, observándose que

se produjo un pico de concentración máxima en la semana 27 del año y, un mínimo en la semana 10. Además, en el Anexo II se muestra la evolución semanal de las capitales de provincia y localidades mayores de 150.000 habitantes. En el Anexo I se encuentra el gráfico evolutivo de la concentración de SARS-coV-2 desde el inicio de los muestreos.

Tabla 4. Datos obtenidos de los muestreos realizados en el año 2024.

	Total de muestras analizadas (N=1382)								
	No detectado	**Positivo**							
Total	2	1.380							
cg/L	-	**10^2**	**10^3**	**10^4**	**10^5**	**10^6**	**10^7**	**10^8**	**10^9**
N	2	0	17	219	548	541	55	0	0
%	0,14	0,00	1,23	15,85	39,65	39,15	3,98	0,00	0,00

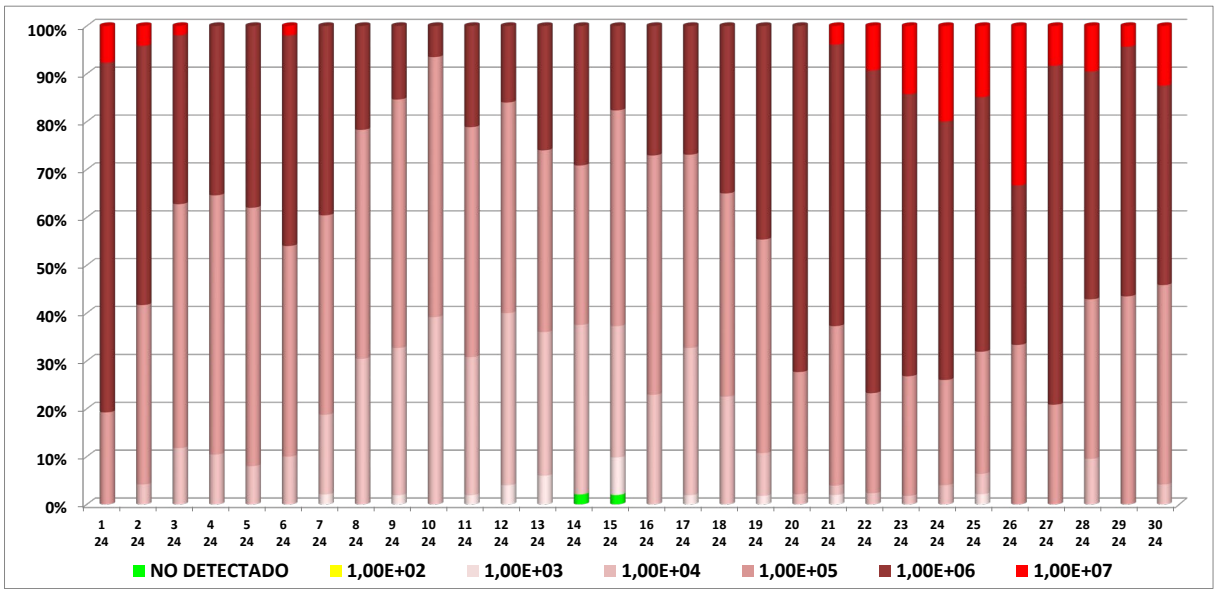


Figura 8. Concentración de material genético de SARS-CoV-2 detectado en agua residual durante el año 2024.

3.5. Resultados notificados al observatorio de aguas residuales de la Comisión Europea

Desde abril de 2023, el MSAN reporta todos los datos de la vigilancia de SARS-CoV-2 en aguas residuales a Europa, recopilados y notificados mensualmente, incluyendo tanto datos de cuantificación de dianas genéticas de SARS-CoV-2, como las variantes circulantes que se

detectaban. Además, se ha reportado todos los datos obtenidos desde que se inició la vigilancia epidemiológica en aguas residuales en 2020.

En la Tabla 5 se representan todos los datos reportados a Europa en 2024 y, en la Tabla 6 todas las variantes que se han notificado en este mismo año, diferenciando entre las nuevas dianas encontradas en 2024 y las que ya estaban siendo detectadas en 2023.

Tabla 5. Resultados de las muestras analizadas por métodos cuantitativos notificados a Europa en 2024.

	Total muestras analizadas (N=1.382)		Muestras analizadas por métodos cuantitativos (N=1.382)								
cg/L	Negativo	Positivo	0	10^1	10^2	10^3	10^4	10^5	10^6	10^7	10^8
Nº	**2**	**1380**	2	0	0	17	219	548	541	55	0
%	**<0,1**	**99,9**	0,0	0,0	0,0	1,2	15,8	39,6	39,1	3,9	0,0

Tabla 6. Variantes genéticas detectadas notificadas a Europa durante el año 2024.

Ya detectadas a finales de 2023	Omicron BA.4, BA.5 and/or derived sublinajes (del69/70); Omicron BA.2.75[1] ; Omicron BQ.1; Omicron XBB[2] ; Omicron CH.1.1; Omicron EG.5 (XBB.1.5-like + F456L); Omicron XBB.1.5-like[3]; Omicron XBB.1.5-like + F456L; Omicron BA.2.86[4]; Omicron FLip: L455F + F456L[5]; Omicron FL.1.5.1 (XBB.1.5-like + F456L); FLip+A475V; FLip+K478R; Omicron JN.1 (BA.2.86)[6]; Omicron XBB.1.5-like+L455F+F456L[7]; Omicron DV.7.1
Nuevas hasta julio 2024	Omicron JN.1 + T572I[8]; SLip: L455S+F456L[9]; L455S + R346T (BA.2.86)[10]; SVip: L455S + F456V (BA.2.86)[11]; FLiRT: F456L + R345T(BA.2.86); FLiRTTI: F456L + R346T + T572I (BA.2.86)[12]; FluQE: F456L + Q493E (BA.2.B6)[13]; Omicron BA.2.86 + R346T + F456L; Omicron BA.2.86 + R346T; Omicron BA.2.86 + F456L

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). 7 Desde el 15/03/2024 se incluyen también en esta categoría las XBB.1.5-like+F456L y las XBB.1.5-like+L455F+F456L.
4 No incluye a las FLiRT, que se reportan aparte.
5 Incluye todas las XBB.1.5-like + L455F + F456L y las DV.7.1 (CH.1.1).
6 Incluye: todo el linaje JN.1 y la JN.2.5 que presenta la misma región *S* que la JN.1 (*L455S*).
7 Incluye: XBB.1.48, XBB.1.5.70, XBB.1.16.26, EG.5.1.8, GW.5, GK*, JF.1*, HK*, JG.3, JJ.1, JR.1.1.* y JD.1 (XBB.1.5-like) (*y sus sublinajes derivados). Incluye todos aquellos linajes y sublinajes de XBB.1.5-like que tienen las mutaciones *L455F* y *F456L*.
8 Incluye: JN.1.1.1, XDK, JN.1.7, JN.1.8.1 y JN.2.2.
9 Incluye: JN.1.11.1 caracterizada por adquirir la mutación *F456L*.
10 Incluye: JN.1.1.3, JN.1.6.1 y JN.1.18, caracterizadas por adquirir la mutación *R346T*.
11 Incluye: JN.1.12 caracterizada por adquirir la mutación F456V.
12 Incluye la KZ.1.1.1.
13 Incluye la KP.3.

3.6. Resultados de secuenciación

El virus SARS-CoV-2 desarrolla estrategias y mecanismos para optimizar la expresión y replicación de sus genes con la ayuda de los mecanismos que

le proporcionan las células que hospeda. Este virus, de tipo ARN monocatenario, tiene una dotación de enzimas que le permite ejecutar la replicación, pero que son propensas a cometer errores. Estos errores permiten que el virus evolucione rápidamente [(7)].

Pese a ello, el SARS-CoV-2 posee una proteína codificada en el gen *ORF1ab*, la proteína nsp14 que tiene actividad 3'→5' exonucleasa y que permite mantener la integridad del genoma del coronavirus, disminuyendo las modificaciones [(8)], lo que hace que acumule mutaciones más lentamente que otros virus ARN [(7)].

La proteína S es la proteína vírica que se adhiere al receptor de la enzima convertidora de la angiotensina 2 de las células hospedadoras, iniciando así su entrada. La subunidad S1 de esta proteína posee un dominio de unión al receptor que juega un papel clave en la inducción de la respuesta inmunitaria, por lo que la variación en el gen que codifica para esta proteína es el que influye tanto en la efectividad de las vacunas como en la propia inmunidad innata [(7)].

Los estudios de secuenciación son, por tanto, cruciales a la hora de identificar inserciones, deleciones o sustituciones que puedan provocar cambios en el comportamiento del virus de SARS-CoV-2, por lo que su monitoreo es esencial para su prevención y manejo clínico [(9)].

A lo largo de todo el año 2024 el proyecto VATar y HEBAR han continuado con la detección de variantes/linajes/sublinajes de SARS-CoV-2 mediante secuenciación masiva de las **78** EDAR mencionadas representando un **35,5%** de la población española. En ambos proyectos la secuenciación tuvo una frecuencia mensual por cada EDAR. 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*.

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 2024, 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

de cada variante, linaje o sublinaje de SARS-CoV-2 y la determinación de su proporción en %, 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 9 se recogen los datos mensuales de secuenciación correspondientes al proyecto VATar y HEBAR.

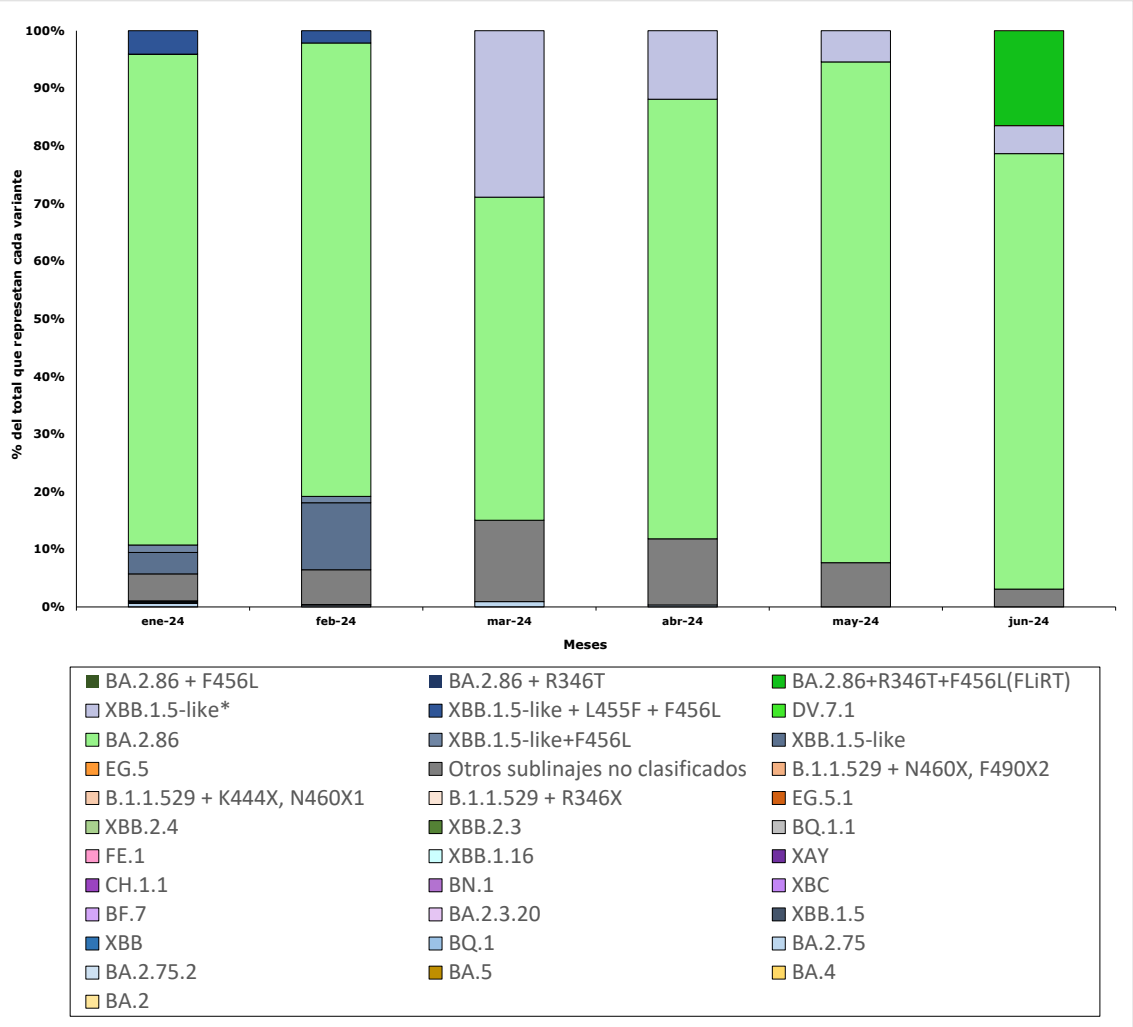


Figura 9. Evolución de la presencia de las diferentes variantes del virus SARS-CoV-2 detectadas en muestras de aguas residuales por secuenciación masiva del gen *S*. Los valores de presencia (% promedio) de cada variante se obtienen calculando el promedio de presencia en el total de muestras analizadas en el mes correspondiente al informe.

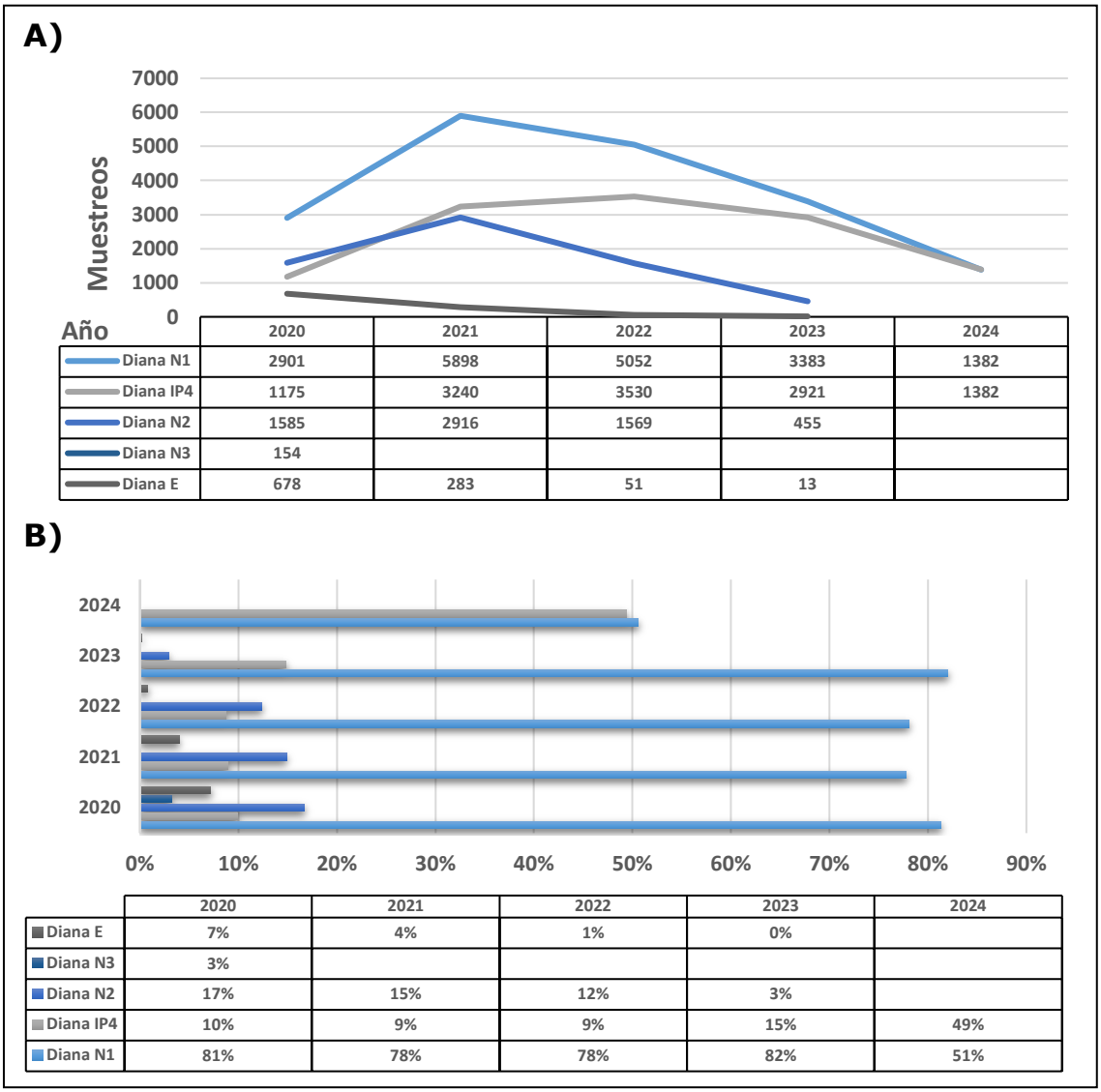
4. EVOLUCIÓN

En este apartado, se presentan e ilustran resultados de algunos aspectos del control del material genético de SARS-CoV-2 en las aguas residuales y cómo han ido evolucionando durante el año 2024 y el resto de los años anteriores.

Primeramente, en la Figura 10A se muestran el número de muestreos en los que se notificó alguna de las dianas analizadas a lo largo de la vigilancia epidemiológica de SARS-CoV-2 en aguas residuales. Se observa que las dianas ***IP4*** y ***N1*** siguen siendo las dianas más notificadas, además, las únicas dianas cuantificadas a día de hoy en los análisis. Si se analizan sus porcentajes de notificación con respecto al número de muestreos realizados, estas dianas, han visto incrementado ese porcentaje de notificación, siguiendo un incremento desde que se comenzaron los análisis en aguas residuales. Este hecho, junto con lo comentando anteriormente, sugiere que estas dianas genéticas son las más fiables para la cuantificación y detección de este virus.

Por otro lado, este año 2024 la diana ***N1*** ha seguido siendo la que mayor porcentaje de indicador de presencia y cuantificación de material genético del virus presenta (**50,4%**). No obstante, dicho porcentaje se ha visto reducido debido al incremento de la diana ***IP4*** como indicador, que aumentó un 35% respecto al añ0 2023 (Figura 10B).

En el Anexo I se puede visualizar la evolución de la concentración de material genético de SARS-CoV-2 en aguas residuales desde la semana 11 del año 2020, con el inicio de los muestreos, hasta la finalización de estos en la semana 30 del año 2024.



Año	2020	2021	2022	2023	2024
Diana N1	2901	5898	5052	3383	1382
Diana IP4	1175	3240	3530	2921	1382
Diana N2	1585	2916	1569	455	
Diana N3	154				
Diana E	678	283	51	13	

	2020	2021	2022	2023	2024
Diana E	7%	4%	1%	0%	
Diana N3	3%				
Diana N2	17%	15%	12%	3%	
Diana IP4	10%	9%	9%	15%	49%
Diana N1	81%	78%	78%	82%	51%

Figura 10. A) Dianas notificadas por año desde el inicio de los análisis de SARS-CoV-2 en aguas residuales. **B)** Porcentaje de diana utilizado como indicador de presencia y cuantificación de SARS-CoV-2 por año desde el inicio de los muestreos.

5. RESUMEN

- En el año 2024, **se ha continuado** con el control del material genético del virus SARS-CoV-2 en aguas residuales, iniciado en 2020, como un complemento de la vigilancia epidemiológica y clínica en nuestro país. Esta monitorización se llevó a cabo hasta el mes de julio.

- La **notificación de resultados** al MSAN (Dirección general de Salud Pública y Equidad en Salud) ha sido constante a lo largo de 2024 gracias a la continuidad de los proyectos nacionales **VATar-COVID-19** (MITERD) y **HEBAR** (MSAN)**.** Este presente año no ha habido notificaciones por parte de las CCAA ni proyectos locales.

- **Finalización** de las monitorizaciones de SARS-CoV-2 por parte de los proyectos **VATar-COVID-19** y **HEBAR** en los meses de junio y julio, respectivamente. Hay que destacar la importancia que han tenido, tanto estos proyectos nacionales, como autonómicos, propios y municipales, en la vigilancia epidemiológica de SARS-CoV-2 en aguas residuales durante y tras la pandemia.

- Establecer la vigilancia ambiental de las aguas residuales como un sistema rutinario y continuo, promovido y llevado a cabo desde el Ministerio de Sanidad.

- Gracias a toda la experiencia adquirida en vigilancia epidemiológica de SARS-CoV-2 en aguas residuales durante estos años, este tipo de monitorización se ha instaurado de manera permanente, siendo un apoyo y complemento eficaz junto al monitoreo clínico para el estudio de la epidemiología de patógenos de interés. Esta estrategia permitirá reforzar los sistemas de alerta y respuesta frente a posibles amenazas futuras en materia de Salud Pública.

6. BIBLIOGRAFÍA

1. Chavarria-Miró G, Anfruns-Estrada E, Martínez-Velázquez A, Vázquez-Portero M, Guix S, Paraira M, et al. 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;87(7).

2. El Director General de la OMS declara una emergencia de salud pública de importancia internacional por el brote de viruela símica (mpox) [Internet]. Who.int. [citado 11 de octubre de 2024]. Disponible en: https://www.who.int/es/news/item/14-08-2024-who-director-general-declares-mpox-outbreak-a-public-health-emergency-of-international-concern

3. Girón-Guzmán I, Díaz-Reolid A, Truchado P, Carcereny A, García-Pedemonte D, Hernáez B, et al. Spanish wastewater reveals the current spread of Monkeypox virus. Water Res. 2023;231(119621):119621.

4. 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/miteco/es/agua/temas/concesiones-y-autorizaciones/vertidos-de-aguas-residuales/alerta-temprana-covid19/protocolo-deteccion-sars-cov-2-en-aguas-residuales_tcm30-528265.pdf

5. Institut Pasteur, Paris. Protocol: Real-time RT-PCR assays for the detection of SARS-CoV-2. 2020 [Internet]. Who.int. [citado 11 de octubre de 2024]. Disponible en: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/real-time-rt-pcr-assays-for-the-detection-of-sars-cov-2-institut-pasteur-paris.pdf

6. 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 [Internet]. Gob.es. [citado 11 de octubre de 2024]. Disponible en: 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

7. Eiros JM, Hernández M. La evolución en variantes del SARS-CoV-2 y su repercusión clínica y sanitaria. Rev Clin Esp. 2022;222(7):414-6.

8. V'kovski P, Kratzel A, Steiner S, Stalder H, Thiel V. Coronavirus biology and replication: implications for SARS-CoV-2. Nat Rev Microbiol. 2021;19(3):155-70.

9. SARS-CoV-2 genomic sequencing for public health goals [Internet]. Who.int. [citado 11 de octubre de 2024]. Disponible en:

https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-genomic_sequencing-2021.1

10. SARS-CoV-2 version 5.3.2 scheme release [Internet]. ARTIC Real-time Genomic Surveillance. 2023 [citado 11 de octubre de 2024]. Disponible en: https://community.artic.network/t/sars-cov-2-version-5-3-2-scheme-release/462/4

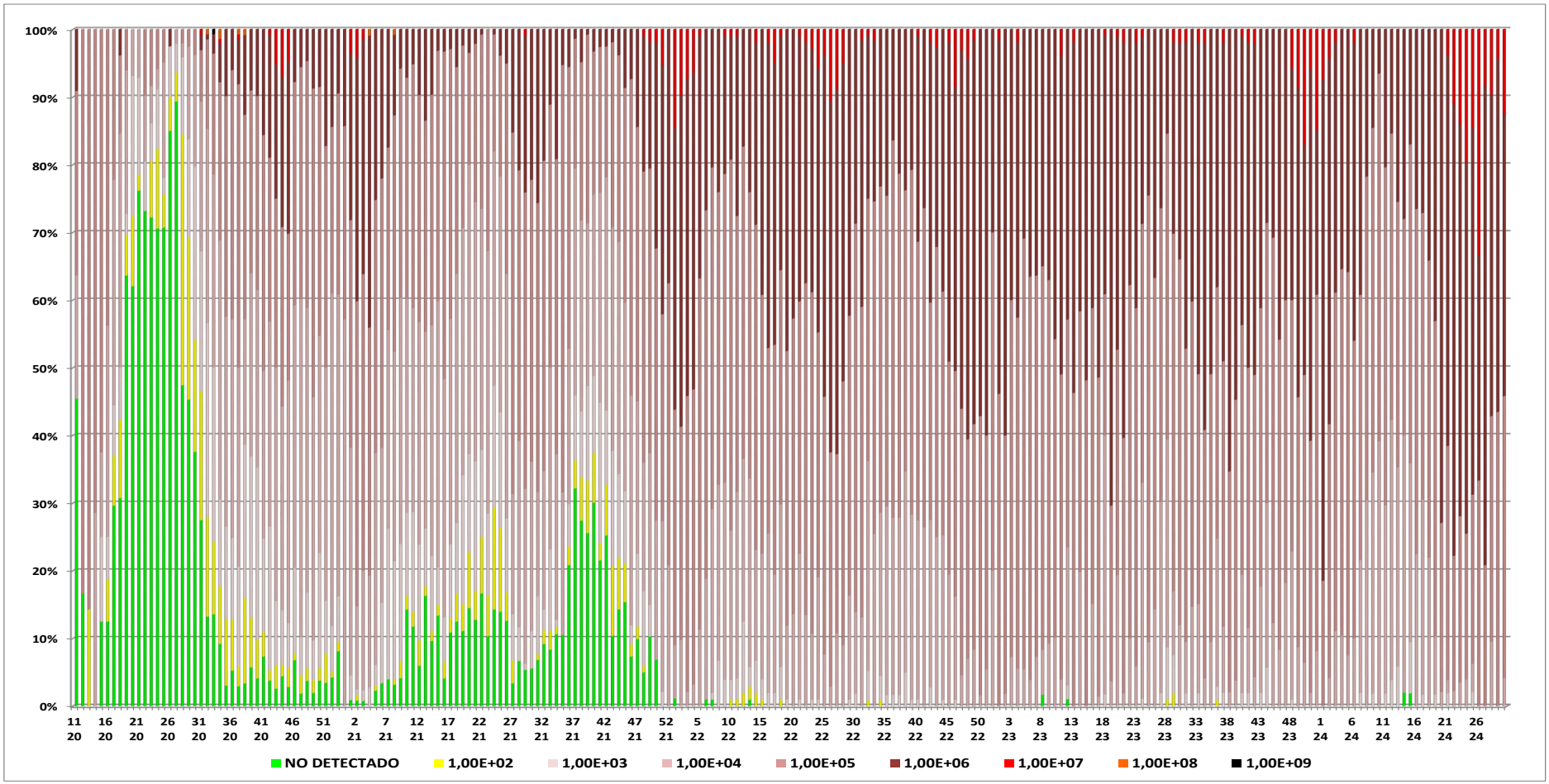
11. PCR tiling of SARS-CoV-2 virus - classic protocol (SQK-LSK109 with EXP-NBD196) (PTCN_9103_v109_revR_13Jul2020) [Internet]. Oxford Nanopore Technologies. 2020 [citado 11 de octubre de 2024]. Disponible en: https://nanoporetech.com/es/document/pcr-tiling-SARS-CoV-2-nbd

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;609(7925):101-8.

13. SARS-CoV-2 variants of concern as of 27 September 2024 [Internet]. European Centre for Disease Prevention and Control. 2021 [citado 11 de octubre de 2024]. Disponible en: https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern

7. ANEXOS

Anexo I. Resumen de la distribución de la concentración semanal de material genético del SARS-CoV-2 en agua residual desde el inicio de la pandemia hasta el último muestreo.



Anexo II. Evolución de la carga viral semanal o quincenal de las capitales de provincia y localidades mayores de 150.000 habitantes.

DATOS 150.000 HABITANTES				2024																												
				EN					FB				MR				AB					MY				JN				JL			
CA	PROVINCIA	POBLACIONES	EDAR	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
ANDALUCIA	ALMERIA	ALMERIA	EDAR EL BOBAR																													
ANDALUCIA	CADIZ	CADIZ	EDAR CADIZ-SAN FERNANDO																													
ANDALUCIA	CADIZ	JEREZ DE LA FRONTERA	EDAR DEL GUADALETE																													
ANDALUCIA	CORDOBA	CORDOBA	EDAR LA GOLONDRINA																													
ANDALUCIA	GRANADA	GRANADA	EDAR GRANADA SUR																													
ANDALUCIA	HUELVA	HUELVA	EDAR HUELVA																													
ANDALUCIA	JAEN	JAEN	EDAR JAÉN																													
ANDALUCIA	MALAGA	MALAGA	EDAR GUADALHORCE																													
ANDALUCIA	SEVILLA	SEVILLA + OTROS	EDAR SAN JERONIMO																													
ANDALUCÍA	CÁDIZ	ALGECIRAS	EDAR ALGECIRAS																												NT		
ANDALUCÍA	MÁLAGA	MARBELLA	EDAR ARROYO DE LA VÍBORA									NT																			NT		
ARAGON	HUESCA	HUESCA	EDAR HUESCA																													
ARAGON	TERUEL	TERUEL	EDAR TERUEL																													
ARAGON	ZARAGOZA	ZARAGOZA	EDAR LA CARTUJA																													
ASTURIAS	OVIEDO	GIJON	EDAR OESTE - LA REGUERONA																													
ASTURIAS	OVIEDO	OVIEDO	EDAR VILLAPEREZ																													
BALEARES	BALEARES	PALMA DE MALLORCA	EDAR PALMA II																													
CANARIAS	GRAN CANARIA	LAS PALMAS DE GC	EDAR BARRANCO SECO																													
CANARIAS	TENERIFE	SANTA CRUZ DE TENERIFE	EDAR BUENOS AIRES																													
CANARIAS	TENERIFE	TENERIFE SUR	EDAR ADEJE - ARONA																													
CANTABRIA	CANTABRIA	SANTANDER	EDAR SAN ROMAN																													
CASTILLA Y LEON	SEGOVIA	SEGOVIA	EDAR SEGOVIA																													
CASTILLA Y LEON	SORIA	SORIA	EDAR SORIA																													
CASTILLA Y LEON	VALLADOLID	VALLADOLID	EDAR VALLADOLID																													
CASTILLA Y LEÓN	ÁVILA	ÁVILA	EDAR FUENTES CLARAS (ÁVILA)																												NT	
CASTILLA Y LEÓN	LEÓN	LEÓN+OTRAS	EDAR LEÓN																													
CASTILLA Y LEÓN	PALENCIA	PALENCIA	EDAR PALENCIA																													
CASTILLA Y LEÓN	BURGOS	BURGOS	EDAR BURGOS																													
CASTILLA Y LEÓN	SALAMANCA	SALAMANCA	EDAR SALAMANCA																													
CASTILLA Y LEÓN	ZAMORA	ZAMORA	EDAR ZAMORA							NT																						
CASTILLA LA MANCHA	ALBACETE	ALBACETE	EDAR ALBACETE																													
CASTILLA LA MANCHA	CIUDAD REAL	CIUDAD REAL	EDAR MIGUELTURRA																													
CASTILLA LA MANCHA	CUENCA	CUENCA	EDAR CUENCA																													
CASTILLA LA MANCHA	GUADALAJARA	GUADALAJARA	EDAR GUADALAJARA																													
CASTILLA LA MANCHA	TOLEDO	TALAVERA DE LA REINA	EDAR TALAVERA DE LA REINA																													
CASTILLA LA MANCHA	TOLEDO	TOLEDO	EDAR TOLEDO																													

							NT	
NO DETECTADO	1E+02 cg/L	1E+03 cg/L	1E+04 cg/L	1E+05 cg/L	1E+06 cg/L	1E+07 cg/L	NO TESTEADO	NO MUESTREADO

DATOS 150.000 HABITANTES				2024																												
				EN					FE					MR					AB					MY					JN					JL			
CA	PROVINCIA	POBLACIONES	EDAR	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
CATALUÑA	BARCELONA	BARCELONA	EDAR DEL PRAT																														
CATALUÑA	BARCELONA	SABADELL	EDAR SABADELL																														
CATALUÑA	BARCELONA	TERRASSA	EDAR TERRASSA																														
CATALUÑA	GERONA	GIRONA	EDAR GIRONA																														
CATALUÑA	LERIDA	LLEIDA	EDAR LLEIDA																														
CATALUÑA	TARRAGONA	REUS	EDAR REUS																														
CATALUÑA	TARRAGONA	TARRAGONA	EDAR TARRAGONA																														
COM. VALENCIANA	ALICANTE	ELCHE	EDAR ALGOROS																														
COM. VALENCIANA	VALENCIA	VALENCIA + OTROS	EDAR PINEDO 1																														
COM. VALENCIANA	ALICANTE	ALICANTE	EDAR RINCÓN DE LEÓN																														
COM. VALENCIANA	ALICANTE	BENIDORM	EDAR BENIDORM																														
COM. VALENCIANA	CASTELLÓN	CASTELLÓN DE LA PLANA	EDAR CASTELLÓ DE LA PLANA																														
EXTREMADURA	BADAJOZ	DON BENITO	EDAR DON BENITO																														
EXTREMADURA	CACERES	CACERES	EDAR CACERES																														
EXTREMADURA	BADAJOZ	BADAJOZ	EDAR BADAJOZ																														
EXTREMADURA	BADAJOZ	MÉRIDA	EDAR MÉRIDA																														
GALICIA	CORUÑA	CORUÑA	EDAR BENS																														
GALICIA	LUGO	LUGO	EDAR LUGO																														
GALICIA	OURENSE	OURENSE	EDAR REZA - OURENSE																														
GALICIA	PONTEVEDRA	PONTEVEDRA	EDAR PLACERES																														
GALICIA	PONTEVEDRA	VIGO	EDAR LAGARES - VIGO																														
GALICIA	LA CORUÑA	SANTIAGO DE COMPOSTELA	EDAR SILVOUTA																											NT			
MADRID	MADRID	MADRID	EDAR LA CHINA																														
MADRID	MADRID	MADRID	EDAR LA GAVIA																														
MADRID	MADRID	MADRID	EDAR REJAS																														
MADRID	MADRID	MADRID	EDAR VIVEROS																														
MADRID	MADRID	MOSTOLES	EDAR ARROYO DEL SOTO																														
MADRID	MADRID	ALCALÁ DE HENARES	EDAR ALCALÁ DE HENARES																														
MADRID	MADRID	GETAFE+OTROS	EDAR ARROYO CULEBRO CUENCA BAJA																							NT							
MADRID	MADRID	FUENLABRADA+OTROS	EDAR ARROYO CULEBRO CUENCA MEDIA ALTA																														
MURCIA	MURCIA	CARTAGENA	EDAR CABEZO BEAZA																														
MURCIA	MURCIA	MURCIA	EDAR MURCIA ESTE																														
NAVARRA	NAVARRA	PAMPLONA	EDAR ARAZURI																														
NAVARRA	NAVARRA	TUDELA	EDAR TUDELA																														
PAIS VASO	ALAVA	VITORIA	EDAR CRISPIJANA																														
PAIS VASO	GUIPUZCOA	SAN SEBASTIAN	EDAR LOIOLA																														
PAIS VASO	VIZCAYA	BILBAO	EDAR GALINDO																														
RIOJA	LA RIOJA	LOGROÑO	EDAR LOGROÑO																														
MELILLA	MELILLA	MELILLA	EDAR MELILLA																														
CEUTA	CEUTA	CEUTA	EDAR CEUTA																														

Anexo III. 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

PROVINCIA	EDAR	POBLACIONES	PUNTO DE MUESTREO	TIPO PM	N	PLAN
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
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 BESOS	BARCELONA	EDAR BESOS	ENTRADA EDAR	47	VATar

PROVINCIA	EDAR	POBLACIONES	PUNTO DE MUESTREO	TIPO PM	N	PLAN
BARCELONA	EDAR DEL PRAT	BARCELONA	EDAR DEL PRAT	ENTRADA EDAR	51	HEBAR
BARCELONA	EDAR IGUALADA	IGUALADA	EDAR IGUALADA	ENTRADA EDAR	48	VATar
BARCELONA	EDAR TERRASSA	TERRASSA	EDAR TERRASSA	ENTRADA EDAR	51	HEBAR
GERONA	EDAR GIRONA	GIRONA	EDAR GIRONA	ENTRADA EDAR	51	HEBAR
GERONA	EDAR LLORET DE MAR	LLORET DE MAR	EDAR LLORET DE MAR	ENTRADA EDAR	10	PROPIO
LERIDA	EDAR LLEIDA	LLEIDA	EDAR LLEIDA	ENTRADA EDAR	49	VATar
TARRAGONA	EDAR TARRAGONA	TARRAGONA	EDAR TARRAGONA	ENTRADA EDAR	51	HEBAR
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
BADAJOZ	EDAR BADAJOZ	BADAJOZ	EDAR BADAJOZ	ENTRADA EDAR	37	HEBAR
BADAJOZ	EDAR DON BENITO	DON BENITO	EDAR DON BENITO	ENTRADA EDAR	35	VATar
BADAJOZ	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

PROVINCIA	EDAR	POBLACIONES	PUNTO DE MUESTREO	TIPO PM	N	PLAN
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
GUIPUZCOA	EDAR LOIOLA	SAN SEBASTIAN	EDAR LOIOLA	ENTRADA EDAR	50	HEBAR
VIZCAYA	EDAR GALINDO	BILBAO	EDAR GALINDO	ENTRADA EDAR	34	VATar

PROVINCIA	EDAR	POBLACIONES	PUNTO DE MUESTREO	TIPO PM	N	PLAN
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, 18 de marzo de 2025