

ABC

Coronavirus

El análisis de aguas residuales, capaz de predecir rebrotes a diez días vista

El material genético del virus se puede rastrear en las heces de los pacientes infectados, incluso en los asintomáticos

«Nos sorprenden todas las mutaciones que se encuentran en localidades como Baiona», aseguran los investigadores

Patricia AbetSantiago Actualizado:03/05/2021 10:09h Guardar



Estación depuradora en la capital gallega - MIGUEL MUÑIZ

Un año cumplido de pandemia ha dado para mucho. Entre otras cosas, para comprobar que el **análisis de las aguas residuales** es uno de los mejores termómetros a la hora de analizar la evolución de los contagios y de adelantarse a posibles olas o repuntes de la enfermedad entre la población. Lo saben bien los encargados del proyecto DIMCoVAR

—dependiente del CSIC y de la Universidad de Vigo y financiado con más de 200.000 euros por el Fondo Supera Covid— que en los últimos meses han realizado **avances notables** en este campo de estudio. Uno de los descubrimientos más trascendentes en la batalla contra el virus revela que el incremento de concentración de material genético del SARS en la entrada de depuradoras «se adelanta entre siete y 10 días a la detección de nuevos infectados». Este **hallazgo** implica ir un paso por delante de la propia evolución de la pandemia, lo que abre la puerta a tomar decisiones con más margen (caso del cierre perimetral de un municipio) y por tanto, más efectivas.

El análisis realizado por los expertos consistió en analizar la presencia de material genético del SARS-CoV-2 en las aguas residuales de entrada de **11 depuradoras de Galicia** y sus puntos de vertido en el medio marino. A la hora de seleccionar las depuradoras que iban a ser estudiadas, los investigadores se decantaron por localidades con diferentes niveles de población y en las que no se produjese una entrada de aguas procedentes de grandes hospitales, lo que aumentaría la presencia del virus y perturbaría los resultados finales. De este modo, el investigador del grupo de **Biología Industrial e Ingeniería Ambiental** de la UVigo, Claudio Cameselle, y la científica del grupo de Inmunología y Genómica del Instituto de Investigaciones Marinas, Beatriz Novoa, llegaron a la conclusión de que el muestreo en las depuradoras seleccionadas, situadas entre Cedeira y Baiona, «resultó representativo de la evolución de la pandemia a nivel de Galicia».

Atendiendo a los análisis más recientes realizados por el grupo, que datan del mes de marzo, los expertos indican que los valores obtenidos eran «**discretos**» comparados con los obtenidos durante el mes enero, en plena tercera ola. Sin embargo, y tras detectar un importante descenso de la presencia de material genético del Covid durante febrero, los investigadores también señalaron que los últimos análisis permiten concluir que «el virus sigue en circulación» y que «la aparición de una nueva ola es un riesgo real, **similar al sucedido en diciembre 2020**».

Mutaciones y variantes

Pero el poder de lectura de las aguas residuales va más allá. en el marco del mismo proyecto el CSIC anunció la pasada semana que había logrado realizar la secuenciación del virus en este medio. Sobre las derivadas del logro, uno de sus responsables, Antonio Figueras, explica que «**el conseguir detectar las mutaciones** que están circulando en una localidad es muy valioso para identificar variantes. Hay que tener en cuenta que en las aguas residuales se concentra todo, incluso los virus de personas asintomáticas que **no acuden al hospital**», incide el director del grupo de Inmunología, que desde hace un año se volcó en el análisis de estas muestras. Echando la vista atrás, Figueras aclara que desde que al principio de la pandemia «se detectó el material genético del virus en muestras de heces de pacientes infectados, ha habido un interés a nivel internacional por la monitorización del SARS-CoV-2 en aguas residuales». Y su equipo ha estado a la cabeza. «Lograr este hito en las localidades objeto de seguimiento, explican, permite conocer el pool de virus que circula en cada zona, así como identificar tanto las mutaciones más frecuentes como las asociadas a variantes de riesgo».

Y los primeros resultados no han sido nada pobres. «**En Noia y Melide las mutaciones detectadas son compatibles con la variante española y europea**, mientras que en Baiona destacan las compatibles con la británica, sudafricana y brasileña. Dado que la

mayoría de estas mutaciones se hallan en el gen que da lugar a la proteína Spike, que interactúa con los receptores celulares, se trata de mutaciones con implicaciones funcionales en el virus e interés clínico», comenta Beatriz Novoadespués de esta primera incursión.

«Necesitamos secuenciar más, pero ya nos sorprende la cantidad de mutaciones que encuentran en localidades como Baiona, con una prevalencia abrumadora de la variante británica, con mutaciones únicas que la definen; así como de mutaciones compartidas entre diversas variantes de preocupación entre las que se encuentran la [británica](#), [sudafricana](#), [brasileña y otras](#)», apunta Antonio Figueras, que no duda a la hora de manifestar que este tipo de análisis de aguas residuales permitiría la detección de nuevas mutaciones aparejadas a la evolución de la epidemia que pudiesen ser «peligrosas» de una forma más prematura.