

[COVID Information Commons \(CIC\) Research Lightning Talk](#)

Transcript of a Presentation by Helena Solo-Gabriele (University of Miami), June 11, 2024



Title: *Wastewater Based Epidemiology Beyond the COVID-19 Pandemic: Opportunities and Next Steps*

[Award CIC Database Profile](#)

NIH Award #: [4U01DA053941-02](#)

[Youtube Recording with Slides](#)

[Spring 2024 CIC Webinar Information](#)

Transcript Editor: Lauren Close

Transcript

Slide 1

Oui, je viens de présenter cette diapositive, je vais donc continuer.

Slide 2

Je voudrais commencer par les remerciements. Ce projet est le fruit d'un énorme travail d'équipe, depuis le président de l'université jusqu'aux professeurs, au personnel et aux étudiants.

Slide 3

Je tiens également à remercier les nombreux départements et unités de l'université de Miami, y compris le CFAR Center for AIDS Research, qui fait également partie de l'université de Miami Weill Cornell Medicine et de MetaSUB.

Slide 4

Notre plan d'analyse de l'échantillon a été conçu pour diviser l'échantillon en trois parties. L'un d'eux a été envoyé au Centre de recherche sur le sida, où il a été analysé par le Dr Mark Sharkey à l'aide d'une nouvelle technologie innovante appelée Volcano Second Generation PCR (PCR de deuxième génération). C'était l'épine dorsale de notre réponse rapide. Nous avons été en mesure de fournir des échantillons dans un délai de 12 heures. Nous avons également envoyé des échantillons à l'Onco-Genomic Shared Resource où ils ont été analysés par RT-qPCR à des fins de comparaison. Toujours à l'Onco-Genomic Shared Resource, nous avons analysé les échantillons à la recherche de variantes à l'aide d'une approche

de séquençage ciblé en profondeur. Les échantillons ont également été envoyés à la Weill Cornell Medicine où ils ont été analysés par métatranscriptomique en utilisant l'ARN-seq. Toute la bioinformatique a été réalisée par Weill Cornell Medicine.

Slide 5

Tous nos plans de collecte d'échantillons ont été mis en correspondance avec les programmes de surveillance humaine de l'université de Miami. Nous disposons d'un vaste programme de test, de suivi et de traçage de nos étudiants, de nos professeurs et de notre personnel. L'hôpital universitaire avait également accès aux dossiers médicaux électroniques. Nous avons également accès à des données au niveau du code postal par l'intermédiaire du ministère de la santé de Floride. Les écoles publiques du comté de Miami Dade nous ont fourni des informations sur l'absentéisme. L'aspect le plus extrême de la pandémie a été les fermetures d'établissements, motivées par le fait que les hôpitaux étaient débordés.

Slide 6

Nous savons qu'à partir des eaux usées, il est possible de prévoir les hospitalisations. Ici, nous avons une ligne noire correspondant aux hospitalisations. Le vert correspond aux chiffres des eaux usées. Ce que nous avons constaté tout au long de la pandémie, c'est qu'au début de la pandémie, une petite quantité d'eau usée représentait un grand nombre d'hospitalisations. Au fur et à mesure des différentes phases de la pandémie, la pente s'est aplatie, de sorte qu'aujourd'hui, le virus est toujours présent dans les eaux usées, mais qu'il n'entraîne plus autant d'hospitalisations.

Slide 7

En ce qui concerne la variance, à droite, nous voyons les couleurs montrant les différentes variantes dans les échantillons cliniques et les échantillons d'eaux usées. Ils se suivent tous les deux. La variance est également visible dans les échantillons d'eaux usées. Sur la gauche, nous voyons la chronologie relative de la variance observée dans les échantillons d'eaux usées par rapport aux échantillons cliniques. Nous voyons que pour la variante Delta, par exemple, nous l'avons vue dans les eaux usées une semaine ou sept jours avant de la voir dans les échantillons cliniques.

Slide 8

En ce qui concerne les données hospitalières, nous avons également pu évaluer les comorbidités et nous avons pu observer des corrélations entre le nombre de cas de SRAS-CoV-2 dans les eaux usées des hôpitaux et le nombre de patients. De même, au début de la pandémie, avec l'administration de remdesivir. Nous avons également pu observer le virus de la variole du singe dans les eaux usées de l'hôpital et nous avons pu le comparer au nombre de patients de l'hôpital. Cela a coïncidé dans le temps. De même, pour *Candida auris* - un champignon pathogène - nous avons pu établir une corrélation entre la présence de *Candida auris* dans les eaux usées et la présence de patients atteints de *Candida auris* à l'hôpital. Dans le cas de *Candida auris*, nous avons non seulement pu identifier ce pathogène fongique au niveau moléculaire, mais nous avons également pu le cultiver.

Slide 9

Nos prochaines étapes consisteront donc à nous concentrer sur d'autres cibles. Nous avons fait équipe avec un autre groupe de l'université de Yale. Nous avons téléchargé les données d'une analyse des eaux usées de Biobot - tous ces différents laboratoires analysent le SARS-CoV-2.

Slide 10

Pour faire le point sur la situation, voici le taux de positivité ou le nombre de cas positifs dans le comté de Miami Dade. Vous pouvez voir que le nombre de cas diminue avec le temps parce que les gens ne vont pas se faire tester, mais si nous divisons par le nombre de tests, donc le pourcentage de cas positifs parmi ceux qui ont été testés, nous constatons toujours une positivité significative et elle reste assez constante dans le temps. Si nous comparons cela aux eaux usées des différents laboratoires, nous constatons à nouveau une corrélation avec la vague Delta, pendant la vague Omicron, entre les eaux usées et la positivité, ainsi que pendant les vagues post-Omicron. Nous constatons une cohérence entre les différents laboratoires.

Slide 11

En outre, grâce au séquençage par shotgun, comme vous pouvez le voir sur l'image verte à droite, nous pouvons voir directement l'abondance des agents pathogènes. Ce qui est fascinant avec le séquençage, c'est que nous pouvons maintenant voir directement l'abondance des pathogènes. Dans le passé, il n'était généralement pas possible d'atteindre le niveau des pathogènes, mais le vert montre les pathogènes bactériens observés dans les eaux usées grâce au séquençage. Le séquençage de l'ARN nous permet également d'observer des pathogènes viraux tels que le norovirus et le virus d'Aichi.

Slide 12

En outre, nous pouvons voir les gènes de résistance aux antimicrobiens. Nous avons constaté qu'ils étaient significativement plus élevés et plus diversifiés dans les eaux usées de l'hôpital que dans celles de la station d'épuration. En aval, dans le réseau d'égouts, nous observons des niveaux plus faibles et une moins grande diversité.

Slide 13

Nous avons également fait équipe avec un groupe appelé Phase genomics, qui dispose d'une technologie très unique lui permettant d'attribuer l'hôte aux gènes AMR. Ainsi, par exemple, l'hôte de la bactérie *Prevotella* possède deux gènes antimicrobiens qui sont représentés ici par des bandes bleues. Ces deux gènes AMR se trouvent dans la structure génomique de la bactérie.

Slide 14

Nos prochaines étapes portent sur des cibles autres que le SARS-CoV-2 et nous étudions l'échantillonnage de l'air et de la surface ainsi que les eaux usées. Nous sommes très enthousiastes à l'égard du séquençage et de l'analyse indépendante de la cible qu'il permet. Le grand défi est de savoir

comment interpréter toutes ces informations que nous obtenons à partir des eaux usées - faire correspondre les données cliniques aux eaux usées afin de savoir ce que tout cela signifie. C'est l'un des défis à relever pour rassembler ces informations. Ensuite, bien sûr, la simulation des données - essayer de combiner automatiquement les données sur les eaux usées avec les données sur la santé humaine afin que les rapports puissent être générés plus rapidement.

Slide 15

Et je voudrais simplement vous remercier. Mon adresse électronique est ici si vous avez des questions. Nos publications sont également affichées ici. Je vous remercie de votre attention.