



Title: Wastewater-Based Monitoring of COVID-19

NIH Project #: [1U01DA053941-01](#)

[YouTube Recording with Slides](#)

[November 2021 CIC Webinar Information](#)

Transcript Editor: Shikhar Johri

---

Transcript:

स्लाइड 1

ठीक है, धन्यवाद। क्या आप मेरी स्क्रीन देख सकते हैं? अरे, मध्यस्थों के लिए धन्यवाद। आप इस घटना की मेजबानी के लिए बहुत बहुत धन्यवाद। मैं यहां दक्षिण फ्लोरिडा आरएडी नामक हमारे समूह अनुसंधान के बारे में बात करने के लिए हूँ। यह COVID-19 के लिए अपशिष्ट जल-आधारित निगरानी कार्यक्रम पर केंद्रित है। हमारी परियोजना मियामी विश्वविद्यालय और वेल कॉर्नेल मेडिसिन के बीच एक संयुक्त परियोजना है। हम एनआईएच के माध्यम से वित्त पोषित हैं। परियोजना पर तीन पीआई हैं। वेडेल कॉर्नेल मेडिसिन के क्रिस मेसन और मियामी विश्वविद्यालय से, स्टीफन शूर और खुद। मैं हेलेना सोलो-ग्रेब्रियल हूँ और हमारी परियोजना के बारे में अधिक जानकारी के लिए आप [covidsfrad.org](#) पर जा सकते हैं।

स्लाइड 2

मैं अपनी परियोजना के लक्ष्यों का वर्णन करके शुरू करना चाहता था। हमारे तीन विशिष्ट उद्देश्य हैं। वे विकासशील और सूचना विज्ञान बुनियादी ढांचे में डेटा मानकीकरण पर ध्यान केंद्रित करते हैं, अपशिष्ट जल की विशेषता बताते हैं, और फिर मानव स्वास्थ्य निगरानी के साथ उस जानकारी को एकीकृत करते हैं। तो अनिवार्य रूप से, हम अपशिष्ट जल की जानकारी के साथ मानव जानकारी, मानव COVID-19 मामलों को जोड़ रहे हैं या जोड़ रहे हैं। हम इसे एक डेटा प्लेटफॉर्म में एकीकृत कर रहे हैं जिसका उपयोग हम प्रकोपों की भविष्यवाणी करने के लिए मॉडल विकसित करने के लिए करते हैं। हमारा इरादा यह है कि इन मॉडलों का उपयोग निर्णय निर्माताओं द्वारा नीतियों को विकसित करने के लिए किया जाएगा जो बीमारी के संचरण को कम करेंगे। हमारे शोध का एक बड़ा हिस्सा डेटा मानकीकरण में है। हम तीन प्रयोगशालाओं के साथ काम कर रहे हैं और मानव स्वास्थ्य निगरानी के साथ मिलकर सभी प्रयोगशालाओं से सभी जानकारी को एकीकृत करना एक चुनौती है। और हम करते हैं- हमारा बहुत सारा काम उस डेटा प्लेटफॉर्म को विकसित करने पर केंद्रित है, लेकिन इस बात में मैं ज्यादातर काम के प्रकोप लक्षण वर्णन भाग पर प्रस्तुत करने जा रहा हूँ। इसलिए, हमारा अंतिम उद्देश्य COVID-19 मामलों की भविष्यवाणी करने के लिए अपशिष्ट जल माप से संबंधित है।

### स्लाइड 3

इसमें अपशिष्ट जल SARS-CoV-2 स्तरों के साथ मानव स्वास्थ्य निगरानी को जोड़ना शामिल है। जैसा कि हम जानते हैं, श्वसन प्रणालियों से एरोसोलिज्ड बूंदों के माध्यम से संचरण के अलावा, जो मनुष्य COVID-19 से बीमार हैं, वे भी अपने मल और मूत्र के माध्यम से वायरस को बाहर निकाल देंगे, और परिणामस्वरूप यह सैनिटरी सीवर प्रणाली में पाया जाता है। फिर हम सैनिटरी सीवर सिस्टम से नमूना एकत्र कर सकते हैं और फिर SARS-CoV-2 नामक वायरस के RNA के लिए इसका विश्लेषण कर सकते हैं।

### स्लाइड 4

इस काम को करने के लिए, हमारी हर एक नमूना संग्रह योजना को फिर से, एक मानव निगरानी प्रणाली के साथ जोड़ा जाता है। हमारे पास एक छात्र आवासीय निगरानी कार्यक्रम है जो हमारे मियामी विश्वविद्यालय के माध्यम से नेतृत्व किया जाता है जिसमें अनुसंधान के लिए हमारे प्रोवोस्ट के नेतृत्व में एक बहुत व्यापक परीक्षण, ट्रैकिंग और अनुरेखण प्रणाली है और विश्वविद्यालय के अध्यक्ष भी हैं जो सार्वजनिक स्वास्थ्य के विशेषज्ञ हैं। और परिसर में, हमारा मुख्य शैक्षणिक परिसर गैबल्स कैंपस है, और आप वहां नीले गुब्बारों द्वारा दिए गए हमारे निगरानी स्टेशनों को देख सकते हैं। '21 के पतन और वसंत के दौरान छात्र निगरानी के संदर्भ में, छात्रों को सांस परीक्षण के साथ संवर्धित नाक स्वाब qPCR द्वारा साप्ताहिक परीक्षण किया गया था। और फिर हम उन परिणामों को कुल परीक्षण और सकारात्मक रोगियों द्वारा प्राप्त करने में सक्षम थे, लेकिन भवन और भवन दोनों के स्तर पर। इसके अलावा, '21 के पतन और गर्मियों के दौरान, जिन छात्रों का टीकाकरण नहीं हुआ था, उनका साप्ताहिक परीक्षण किया गया था, और फिर जब हमें एक छात्रावास में स्पाइक मिला, तो छात्रावासों से सीवेज- इन सभी आवासीय छात्रों का उस समय परीक्षण किया गया था, हमें इमारत के भीतर COVID-19 की घटना के बारे में अतिरिक्त जानकारी प्रदान करना।

हमारे छात्र आवासीय निगरानी के अलावा, हमारे पास विश्वविद्यालय अस्पताल भी है जो COVID रोगियों की ज्ञात संख्या का इलाज करता है और हमारे पास इलेक्ट्रॉनिक मेडिकल रिकॉर्ड तक पहुंच है जो हमें अस्पताल के भीतर रोगियों की बीमारी की गंभीरता के बारे में जानकारी प्रदान करते हैं और हम इसे अपशिष्ट जल डेटा के साथ जोड़ते हैं। और फिर काउंटी स्तर पर, हमारे पास नमूने भी हैं जो हम सेंट्रल डिस्ट्रिक्ट अपशिष्ट जल उपचार संयंत्र नामक एक प्रमुख अपशिष्ट जल उपचार संयंत्र से एकत्र करते हैं, जो मियामी-डेड काउंटी में लगभग 800,000 लोगों को सेवा प्रदान करता है, और हम इसे उस डेटा के साथ जोड़ते हैं जो उपलब्ध है स्वास्थ्य विभाग के माध्यम से काउंटी आधार पर।

### स्लाइड 5

हमारे अध्ययन के माध्यम से विकसित मुख्य नवाचारों में से एक अपशिष्ट जल में SARS-CoV-2 को मापने के लिए एक नई तकनीक है। हम इसे ज्वालामुखी दूसरी पीढ़ी या V2G qPCR कहते हैं। इस तकनीक को यूनिवर्सिटी ऑफ मियामी सेंटर फॉर एड्स रिसर्च सीएफएआर के माध्यम से डॉ मार्क शार्की के निर्देशन में विकसित किया गया था। मार्क शार्की लार के लिए नमूना विधियों या विश्लेषण विधियों का विकास कर रहा था, और जैसा कि आप ऊपरी दाएं ग्राफिक में देख सकते हैं, नकारात्मक बनाम सकारात्मक परिणाम उनके प्रतिदीप्ति के मामले में बहुत अलग हैं। यह तकनीक एक उपन्यास पोलीमरेज़ का उपयोग करती है जो डीएनए और आरएनए का उपयोग करने में सक्षम है और इसलिए सीडीएनए संश्लेषण चरण से बचा जाता है, प्रक्रिया को सरल बनाता है जिससे प्रक्रिया कम खर्चीली हो जाती है, और तेज भी। हमारे पास एक टर्नअराउंड समय है जब यह लगभग ढाई घंटे की मार्क शार्की की प्रयोगशाला में

पहुंच जाता है। इस तकनीक को अपशिष्ट जल में माप के लिए समायोजित किया गया था, और जैसा कि आप अधिक पारंपरिक आर्कटिक पीसीआर बनाम वी 2 जी क्यूपीसीआर के साथ तुलना देख सकते हैं, दो प्रौद्योगिकियों के बीच तुलनीय परिणाम प्रदान करता है।

#### स्लाइड 6

हमारे विश्वविद्यालय निगरानी के संदर्भ में, यह समय के साथ मियामी विश्वविद्यालय में छात्र और संकाय सकारात्मक का दस्तावेज है जैसा कि हमारे डैशबोर्ड द्वारा दिया गया है। बाईं ओर हमारे पास सकारात्मक परीक्षण करने वाले लोगों की संख्या है। ग्रे बार छात्रों के अनुरूप हैं और सोना संकाय और कर्मचारियों के अनुरूप है। दाईं ओर हम अपशिष्ट जल के स्तर को एक लघुगणकीय पैमाने पर रख सकते हैं जहां अपशिष्ट जल प्रति लीटर जीनोमिक प्रतियों में व्यक्त किया जाता है। हमारे पास हमारे SARS-CoV-2 के लिए हमारी पहचान सीमा है जो प्रति लीटर लगभग सौ जीनोमिक प्रतियों के क्रम में है। और फिर उस पर सुपरइम्पोज़ करते हुए हमारे पास पीले वर्गों द्वारा दिए गए हमारे साप्ताहिक अपशिष्ट जल डेटा हैं जैसा कि यहां दिखाया गया है। और फिर हम चलती औसत, मानव स्वास्थ्य की चलती औसत, सात दिन चलती औसत, और अपशिष्ट जल के लिए तीन-नमूना चलती औसत लेना शुरू कर सकते हैं। और हम अपने ऑन-कैंपस निगरानी से क्या देख सकते हैं- गिरावट सेमेस्टर के दौरान एक लहर थी जो हमारे अपशिष्ट जल के नमूने एकत्र करने से पहले देखी गई थी। फिर गिरावट सेमेस्टर के दौरान एक दूसरी लहर थी जिसे अपशिष्ट जल द्वारा कब्जा कर लिया गया था। जनवरी की अवधि के दौरान एक बड़ी बड़ी लहर थी, फिर से, जिसे अपशिष्ट जल द्वारा कब्जा कर लिया गया था। फिर चौथी लहर, वसंत सेमेस्टर के दौरान, फिर से, अपशिष्ट जल और मानव मामलों दोनों में देखी गई। दिलचस्प बात यह है कि एक बार जब टीका समुदाय और छात्रों के लिए उपलब्ध हो गया, तो अपशिष्ट जल और मानव आबादी के बीच मूल्यों में काफी कमी आई। और फिर हमारे पास आखिरी लहर थी, पांचवीं लहर जुड़ी हुई थी- डेल्टा संस्करण से जुड़ी गर्मियों के अंत में। इस डेटा का विश्लेषण हमारी परियोजना पर महामारी विज्ञानियों, नरेश कुमार और एलेजांद्रो मोंटेरो द्वारा किया गया था। उन्होंने इस विश्लेषण के माध्यम से पाया कि SARS-CoV-2 और अपशिष्ट जल परिसर में मामलों का चार दिवसीय प्रमुख संकेतक था। उन्होंने अपशिष्ट जल डेटा के आधार पर एक मॉडल विकसित किया जहां सी द्वारा दिए गए प्रति लीटर आरएनए जीनोमिक प्रतियों की एकाग्रता, प्राकृतिक लघुगणक को लें, जो हमें एक रिश्ता देगा- सकारात्मकता का अनुमान। इसलिए, उदाहरण के लिए, यदि हमारे पास सीवेज में प्रति लीटर 10 से छठे या एक लाख जीनोमिक प्रतियां हैं, तो हम अनुमान लगा सकते हैं कि जो व्यक्ति उस सीवेज में योगदान दे रहे हैं, उनके पास लगभग 12- 12 प्रतिशत सकारात्मकता है। उस समूह के भीतर 12 प्रतिशत आबादी सकारात्मक होने की संभावना है।

#### स्लाइड 7

यह हमारा साप्ताहिक नमूना कार्यक्रम है और साप्ताहिक के अलावा, अभी वास्तव में हम सप्ताह में दो बार नमूना ले रहे हैं, लेकिन हमारे साप्ताहिक नमूने के अलावा हमारे पास प्रति घंटा और दैनिक नमूना भी है जो हम विशिष्ट प्रश्नों के उत्तर देने के लिए भी करते हैं। और लेकिन हमारा नमूना इस बात के समान है कि हम उन्हें कैसे संसाधित करते हैं, लेकिन जिस तरह से हम अपने नमूने को संसाधित करते हैं वह यह है कि हम अपने कच्चे अपशिष्ट जल को लेते हैं और हम इसे इलेक्ट्रॉनगेटिव निस्पंदन का उपयोग करके केंद्रित करते हैं। हम तीन फिल्टर का उत्पादन, और उन फिल्टर में से प्रत्येक तो तीन प्रयोगशालाओं में से एक के लिए भेजा जाता है, या तो एड्स अनुसंधान के लिए केंद्र में मार्क शार्की की प्रयोगशाला, सिल्वेस्टर व्यापक कैंसर केंद्र में Oncogenomic साइंसा संसाधन में शॉन विलियम्स प्रयोगशाला मियामी विश्वविद्यालय, या Weill कॉर्नेल मेडिसिन में एकीकृत जीनोमिक्स प्रयोगशाला में क्रिस मेसन की प्रयोगशाला. उनमें से दो फिल्टर RT-qPCR द्वारा जांच के साथ V2G दोनों द्वारा तेजी से पता लगाने से गुजरते हैं, और यही हम परिसर में COVID मामलों के वास्तविक समय के पूर्वानुमान के लिए साप्ताहिक

आधार पर उपयोग करते हैं। अतिरिक्त फिल्टर क्रिस मेसन प्लस शॉन विलियम्स की प्रयोगशाला में भी जाते हैं। वे फिल्टर आरटी-क्यू का उपयोग करके एक गहरी अनुक्रमण प्रक्रिया से भी गुजरते हैं, और क्रिस मेसन की प्रयोगशाला में उस डेटा को जैव सूचना पाइपलाइन के माध्यम से संसाधित किया जाता है जो तब वेरिएंट के बारे में जानकारी देता है।

#### स्लाइड 8

परिणामों के संदर्भ में, यहां शीर्ष परिणाम V2G द्वारा qPCR हैं जो हमें समय के साथ मान देते हैं, और फिर नीचे के ग्राफ पर हमारे पास विचरण की भिन्नता है। जैसा कि आप देख सकते हैं कि ये तल पर नमूना संग्रह की तारीखें हैं, और हम मार्च से जून की शुरुआत तक देख सकते हैं, अपशिष्ट जल के भीतर वेरिएंट का प्रभुत्व अल्फा और बीटा वेरिएंट था, लेकिन जैसा कि हम जून से जुलाई तक आगे बढ़ते हैं, और फिर अंततः अगस्त और सितंबर में हमें डेल्टा संस्करण का प्रभुत्व मिलता है जैसा कि अपशिष्ट जल में देखा गया था और यह भीतर परिलक्षित होता था रोगी के नमूने भी ऐसे हैं कि अपशिष्ट जल न केवल COVID-19 मामलों का पता लगाने में सक्षम है, बल्कि समुदाय के बीच वेरिएंट के बारे में भी जानकारी प्रदान कर सकता है।

#### स्लाइड 9

तो, यह कुछ कार्यों की प्रस्तुति है जो हम कर रहे हैं। समाप्त करने से पहले, मैं मियामी विश्वविद्यालय और वेइल कॉर्नेल मेडिसिन के माध्यम से सहयोग के वित्तपोषण के प्रावधान के लिए राष्ट्रीय स्वास्थ्य संस्थान को फिर से स्वीकार करना चाहता था। यह सहयोग उस समर्थन के बिना संभव नहीं होता जो हम विश्वविद्यालय के माध्यम से ऊपरी नेतृत्व के माध्यम से, सुविधाओं के माध्यम से, पर्यावरणीय स्वास्थ्य और सुरक्षा के माध्यम से, हमारी प्रयोगशाला टीम के छात्रों और फील्ड सैंपलिंग टीमों के माध्यम से देखते हैं। बहुत सराहना की। और मैं अपना ईमेल पता प्रदान करके समाप्त करूंगा और फिर [covidfrac.org](https://covidfrac.org) पर अधिक जानकारी के लिए हमारा वेबपेज भी। धन्यवाद।