

[Centro de Información de COVIC \(CIC\) : Charlas Científicas de Relámpago](#)

[Transcripción de una presentación de Helena Solo-Gabriele \(Universidad de Miami\), 11 de junio de 2024.](#)

[Título: Epidemiología Basada en Aguas Residuales Más Allá de la Pandemia de COVID-19: Oportunidades y Próximos Pasos](#)



[Perfil de base de datos del Premio CIC](#)

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

[Grabación de YouTube con diapositivas](#)

[Información del seminario web del CIC de la Primavera del 2024](#)

[Traductor: Yonara Anastacio](#)

Transcripción

Diapositiva 1

Sí, acabo de presentar esta diapositiva, así que continuaré.

Diapositiva 2

Quería comenzar con nuestros agradecimientos. Este proyecto fue un gran esfuerzo en equipo, desde el presidente de la Universidad, incluyendo a profesores, personal y estudiantes.

Diapositiva 3

También quería reconocer los muchos departamentos y unidades de la Universidad de Miami, incluyendo el Centro de Investigación sobre el SIDA CFAR, que también forma parte de la Universidad de Miami Weill Cornell Medicine y también MetaSUB.

Diapositiva 4

Nuestro plan de análisis de muestras fue diseñado para dividir la muestra en tres partes. Una fue enviada al Centro de Investigación sobre el SIDA, donde fue analizada por el Dr. Mark Sharkey utilizando una nueva tecnología innovadora llamada PCR de Segunda Generación Volcano. Esa fue la base de nuestra respuesta rápida.. Pudimos procesar las muestras en 12 horas. También enviamos muestras al Recurso Compartido de Onco-Genómica, donde fueron analizadas mediante RT-qPCR con fines comparativos. Además, en el Recurso Compartido de Onco-Genómica, analizamos las muestras en busca de variantes

utilizando un enfoque de secuenciación dirigida profunda. Las muestras también fueron enviadas a Weill Cornell Medicine, donde fueron analizadas mediante Metatranscriptómica utilizando secuenciación de RNA (RNA-seq). Y toda la bioinformática se realizó a través de Weill Cornell Medicine.

Diapositiva 5

Todos nuestros planes de recolección de muestras fueron mapeados a los programas de vigilancia humana en la Universidad de Miami. Tuvimos un programa extenso de pruebas, seguimiento y rastreo de nuestros estudiantes, profesores y personal. También, en el hospital universitario, tuvimos acceso a los registros médicos electrónicos. Además, tuvimos acceso a datos a nivel de código postal a través del Departamento de Salud de Florida. A través de las Escuelas Públicas del Condado de Miami-Dade, obtuvimos información sobre el ausentismo. El aspecto más extremo de la pandemia fueron los confinamientos, los cuales fueron motivados por la sobrecarga de los hospitales.

Diapositiva 6

Sabemos que a partir de las aguas residuales se pueden predecir las hospitalizaciones. Aquí, tenemos una línea negra que corresponde a las hospitalizaciones. La línea verde corresponde a los números de las aguas residuales. Lo que encontramos a lo largo de la pandemia es que, al principio de la pandemia, una pequeña cantidad en las aguas residuales representaba muchas hospitalizaciones. A medida que íbamos pasando por las distintas fases de la pandemia, la pendiente se aplanó, de modo que ahora aún estamos viendo la presencia en las aguas residuales, pero no está resultando en tantas hospitalizaciones.

Diapositiva 7

En cuanto a la variación, a la derecha vemos los colores que muestran las diferentes variantes tanto en las muestras clínicas como en las muestras de aguas residuales. Ambas seguían un patrón similar. También podemos ver la variación en las aguas residuales. En el lado izquierdo vemos el tiempo relativo de la variación observada en las aguas residuales frente a las muestras clínicas. Vemos que, por ejemplo, para la variante Delta, la vimos en las aguas residuales una semana o siete días antes de observarla en las muestras clínicas.

Diapositiva 8

En cuanto a los datos del hospital, también pudimos evaluar las comorbilidades y observar correlaciones entre los niveles de SARS-CoV-2 en las aguas residuales del hospital y el número de pacientes. Además, al inicio de la pandemia, observamos una correlación con la administración de *Remdesivir*. También logramos detectar el virus de la viruela del mono en las aguas residuales del hospital y comparar esa presencia con el número de pacientes en el hospital, coincidiendo temporalmente. De manera similar, para *Candida auris* – un patógeno fúngico – pudimos correlacionar su presencia en las aguas residuales con la de pacientes infectados en el hospital. En el caso de *Candida auris*, no solo detectamos este patógeno a nivel molecular en las aguas residuales, sino que también logramos cultivarlo.

Diapositiva 9

Entonces, nuestros próximos pasos realmente se enfocan en objetivos adicionales. Nos hemos asociado con otro grupo de la Universidad de Yale. Hemos descargado datos de un análisis de aguas residuales de Biobot; todos estos laboratorios están analizando el SARS-CoV-2.

Diapositiva 10

Solo para dar una actualización sobre la situación actual: esto se refiere a la positividad o los casos positivos en el condado de Miami-Dade. Como ven, el número de casos está disminuyendo con el tiempo, lo que podría deberse a que menos personas están yendo a realizarse pruebas. Sin embargo, si dividimos por el número de pruebas realizadas, es decir, el porcentaje de personas que resultan positivas entre las que se hacen la prueba, todavía vemos una positividad significativa que se mantiene bastante constante con el tiempo. Si comparamos esto con los datos de aguas residuales de los distintos laboratorios, vemos nuevamente la correlación con la ola Delta, durante la ola Ómicron, entre las aguas residuales y la positividad, y también durante las olas posteriores a Ómicron. Estamos observando consistencia en los resultados de todos los laboratorios

Diapositiva 11

Además, con la secuenciación de escopeta (shotgun), como se puede observar en el área verde a la derecha, lo fascinante de esta técnica es que ahora podemos identificar directamente las abundancias de patógenos. En el pasado, típicamente no se podía llegar al nivel del patógeno, pero el área verde muestra los patógenos bacterianos que se están detectando en las aguas residuales mediante secuenciación. Además, con la secuenciación de ARN, incluso podemos identificar patógenos virales, incluidos el norovirus y el virus de Aichi.

Diapositiva 12

Además de eso, podemos detectar genes de resistencia antimicrobiana. Nosotros descubrimos que estos eran significativamente más abundantes y diversos en las aguas residuales del hospital en comparación con las de la planta de tratamiento de aguas residuales. A medida que avanzamos río abajo a través del sistema de alcantarillado, observamos niveles más bajos y una menor diversidad.

Diapositiva 13

También nos hemos asociado con un grupo llamado *Phase Genomics*, que tiene una tecnología muy única que permite atribuir los genes de resistencia a los antimicrobianos (RAM) a su hospedador. Por ejemplo, el hospedador bacteriano de *Prevotella* tiene dos genes antimicrobianos, que se muestran con las franjas azules aquí. Estos dos genes RAM se encuentran en la estructura genética de la bacteria.

Diapositiva 14

Nuestros próximos pasos se centran en objetivos más allá del SARS-CoV-2, y estamos explorando el muestreo de aire y superficies, así como de aguas residuales. Estamos muy entusiasmados con la secuenciación y el análisis independiente de objetivos que esta tecnología nos proporciona. El gran desafío es cómo interpretar toda esta información que estamos obteniendo de las aguas residuales: cómo lograr que los datos clínicos coincidan con los datos de las aguas residuales para comprender su significado. Este es uno de los retos al integrar esta información. Además, está el tema de la simulación de datos: intentar combinar automáticamente los datos de las aguas residuales con los datos de salud humana para generar informes de manera más rápida.

Diapositiva 15

Y solo me gustaría decir gracias. Mi correo electrónico está aquí por si tienen alguna pregunta. También tenemos nuestras publicaciones mostradas aquí. Gracias.