

Rapport sur les tendances du séquençage des eaux usées : La Détection des variantes préoccupants du SRAS-CoV-2 par séquençage métagénomique



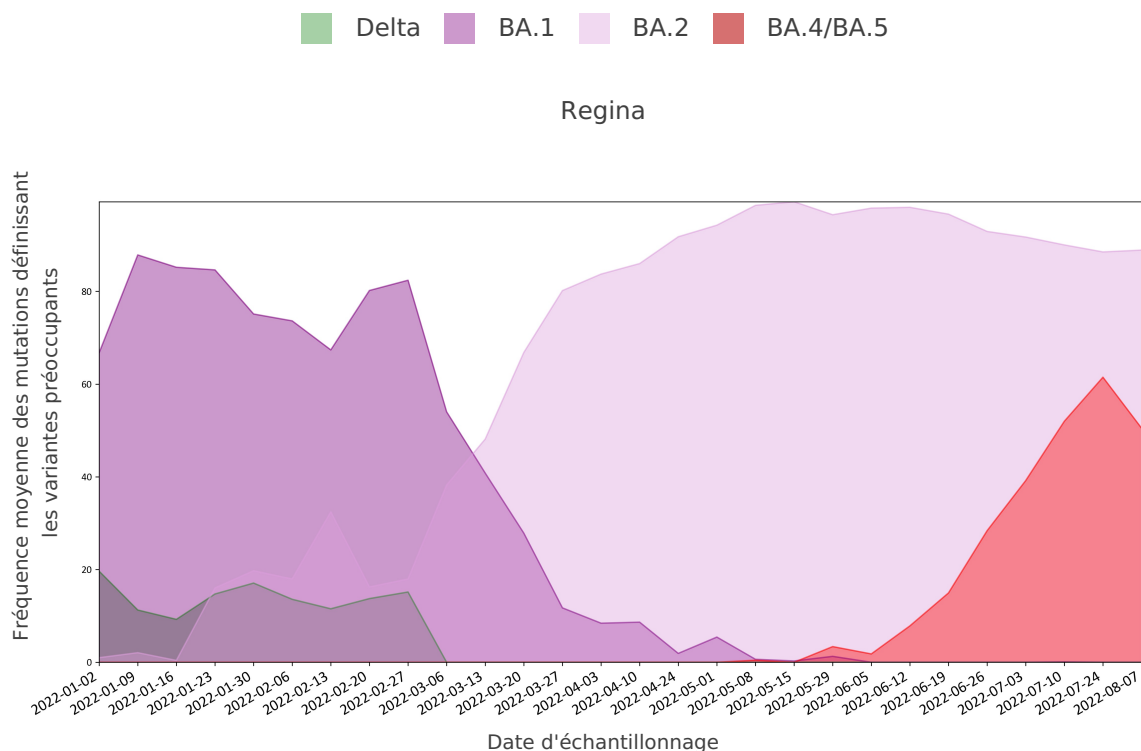
Public Health
Agency of Canada

Agence de la santé
publique du Canada

Données de séquençage longitudinal des eaux usées se terminant le 2022-08-07

Les graphiques montrent le pourcentage de trois variantes préoccupantes du SRAS-CoV-2 (Alpha, Delta et Omicron) détectées dans des échantillons d'eaux usées prélevés à des sites différents à l'aide du séquençage métagénomique. Les fragments viraux du SRAS-CoV-2 présents dans les eaux usées sont isolés et séquencés pour obtenir un « modèle (plan) » génomique du virus. Chaque variante préoccupante présente de petites différences dans leur empreinte génomique appelées mutations qui peuvent être interrogées à l'aide d'un logiciel spécialisé pour identifier la présence et l'abondance d'Alpha, de Delta et d'Omicron dans l'échantillon d'eau usée. Les zones ombrées du graphique montrent Delta en vert, Omicron en violet et, le cas échéant, Alpha en bleu.

Regina



Le graphique montre une forte présence de BA.1 jusqu'au début du mois de mars, lorsque les niveaux de BA.2 augmentent et dépassent ceux de BA.1. Les niveaux de BA.2 ont rapidement augmenté et sont restés élevés dans les échantillons prélevés jusqu'au 7 août 2022. Des traces de BA.4/BA.5 ont été détectées pour la première fois au début de mai 2022 et ont été détectées dans les échantillons prélevés jusqu'au 7 août 2022.