

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



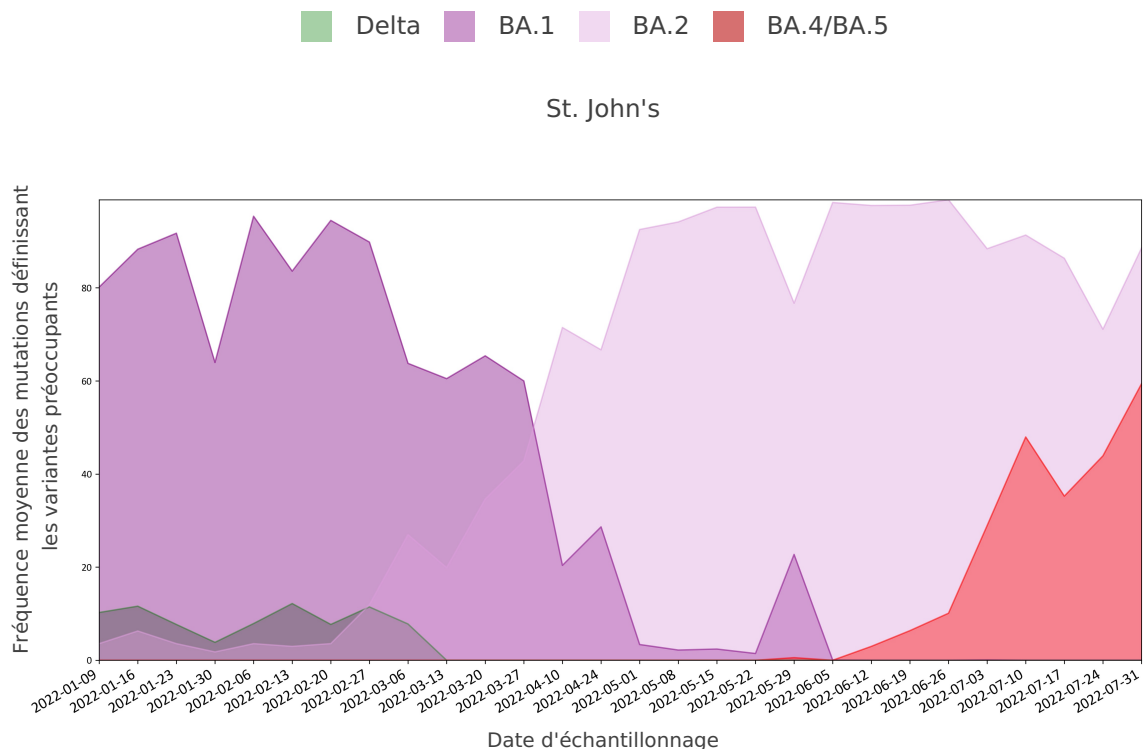
Public Health
Agency of Canada

Agence de la santé
publique du Canada

Données de séquençage longitudinal des eaux usées se terminant le 2022-07-31

Les graphiques montrent le pourcentage de trois variantes préoccupantes du SRAS-CoV-2 (Alpha, Delta et Omicron) détectées dans les 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 « 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 les échantillons d'eaux usées. Les zones ombrées du graphique montrent Delta en vert, BA.1 en violet foncé, BA.2 en violet clair, BA.4 ou BA.5 en rouge et, si applicable, Alpha en bleu.

St. John's



Le graphique montre une forte présence de BA.1 jusqu'à la fin février, date à laquelle les niveaux ont légèrement diminué pour atteindre des niveaux modérés. La présence de BA.1 a rapidement diminué à la fin du mois de mars alors que les niveaux de BA.2 augmentaient. BA.2 a atteint un niveau de présence élevé au cours de la deuxième semaine d'avril et a resté à des niveaux élevés depuis. 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 31 juillet 2022.