

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



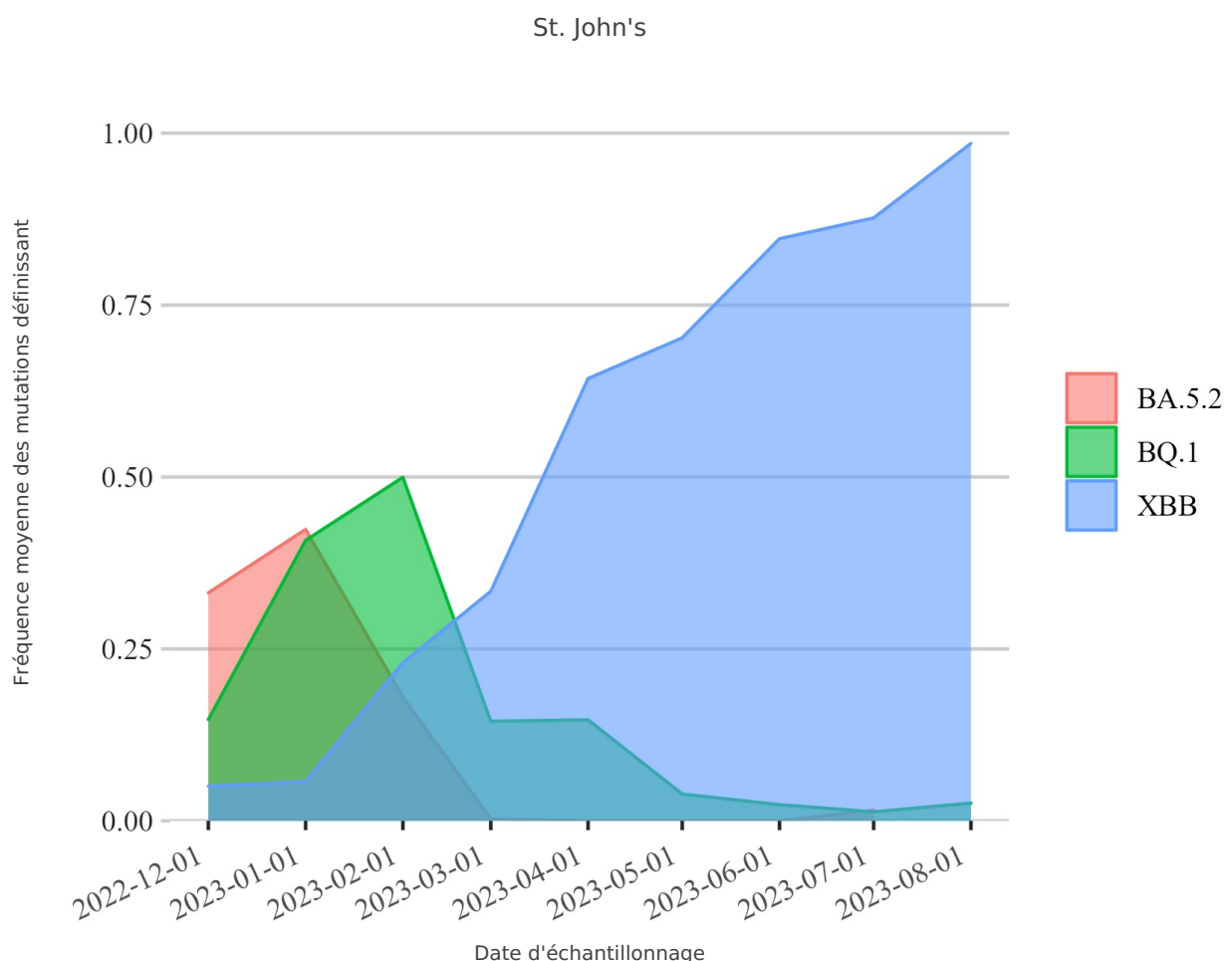
Public Health
Agency of Canada

Agence de la santé
publique du Canada

Données de séquençage longitudinal des eaux usées se terminant le 2023-08-01.

Les graphiques montrent la fréquence des mutations associées à Omicron et ses sous-lignées dominant (BA.5.2, BQ.1 et XBB) qui étaient détectés dans des échantillons d'eaux usées prélevés de sites différents par l'entremise du séquençage métagénomique. Les fragments viraux du SRAS-CoV-2 présents dans des eaux usées ont été isolés et séquencés afin d'obtenir une "empreinte génomique" du virus. Chaque sous-lignée présente de légères différences dans son empreinte génomique, appelées des mutations, qui peuvent être analysées à l'aide d'un logiciel spécialisé pour identifier leur présence et leur abondance (par exemples, les sous-lignées BA.5.2, BQ.1 et XBB) dans l'échantillon d'eaux usées. Les zones ombrées sur le graphique montrent BA.5.2 en rouge, BQ.1 en verte et XBB en bleue.

St. John's



Les sous-lignées BA.5.2 étaient la variante dominante du SRAS-CoV-2 pendant l'été 2022 à janvier 2023. Les mutations associées aux sous-lignées BQ.1 ont commencé à augmenter en prévalence en septembre 2022 et sont devenues la variante dominante en janvier 2023. Les mutations associées aux sous-lignées XBB ont commencé à augmenter en prévalence vers la fin de décembre 2022 et constituent maintenant la lignée dominante actuelle du SARS-CoV-2 prélevé à ce site.