SEGUIMIENTO DE VARIANTES DE SARS-COV-2 EN AGUAS RESIDUALES

Durante la infección por SARS-CoV-2, las personas excretan el virus, el cual puede aparecer en las aguas residuales (AR), independientemente de que se presenten síntomas, o no. El estudio de AR para rastrear la transmisión viral es consecuentemente relevante, pero dificultoso porque el ARN se daña fácilmente y es relativamente escaso en las muestras recolectadas como para obtener un material genético del SARS-CoV-2 de alta calidad en dichas aguas.

En un estudio publicado el pasado mes de julio, un equipo de investigadores de la Universidad de California en San Diego (UCSD) y el Instituto de Investigación Scripps se propusieron superar estas limitaciones. Para ello diseñaron un tipo de nano esfera que se une de manera eficiente al ARN viral en las AR, y de ese modo es posible extraerlo más intacto para la secuenciación. El equipo también desarrolló una herramienta de análisis informático que permite reconocer fragmentos pequeños y distintos de esas secuencias, con miras a identificar rápidamente diferentes variantes virales en las muestras recolectadas y estimar su cuantía.

Los investigadores probaron el nuevo sistema de monitoreo entre noviembre de 2020 y septiembre de 2021. Examinaron las AR recolectadas diariamente alrededor del campus de UCSD. También exploraron muestras diarias de la planta principal de tratamiento de AR que atiende al gran condado de San Diego.

Los datos recolectados en las muestras de AR reflejaron lo registrado con las pruebas clínicas durante el período referido. Sin embargo, el primer sistema de detección identificó las variantes Alpha, y otras adicionales unas dos semanas antes de que comenzaran a aparecer en las muestras clínicas de los pacientes. El método indicó, asimismo, la presencia de la variante Ómicron en San Diego más de una semana antes de que fuera detectada por muestreo clínico en la comunidad. Esta detección temprana se produjo no obstante que los investigadores tenían menos de un 3 % de muestras de AR respecto de los hisopados.

El estudio de AR continuó detectando variantes en la comunidad semanas después de que ya no aparecieran regularmente en las pruebas clínicas. También halló variantes raras que no se encontraban a menudo al estudiarse los pacientes.

A la par de expandir nuestro conocimiento en torno a la epidemiología de la infección, la estrategia aplicada seguramente podría ser útil para la localización temprana de variantes y en función de sus características implementar medidas de intervención.

**Referencia**

Karthikeyan S et al. Wastewater sequencing reveals early cryptic SARS-CoV-2 variant transmission. Nature 2022 Jul 7, doi: 10.1038/s41586-022-05049-6