



¿SE PUEDEN PREVENIR LAS PANDEMIAS? EPIDEMIOLOGÍA BASADA EN AGUAS RESIDUALES

CAN PANDEMICS BE PREVENTED? WASTEWATER-BASED EPIDEMIOLOGY

Elizabeth Velástegui H. ¹, Liliana Lalaleo ², William Calero Cáceres ^{2,3 *}

¹Estudiante de Maestría en Seguridad Ocupacional, Universidad Regional Autónoma de los Andes UNIANDES, Ambato, Ecuador.

E-mail: elizabethvelasteguih@gmail.com

²Facultad de Ciencia e Ingeniería de los Alimentos y Biotecnología, Universidad Técnica de Ambato, Ambato, Ecuador.

E-mail: lp.lalaleo@uta.edu.ec

³UTA-RAM-One Health, Centro de Investigaciones Agropecuarias, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Técnica de Ambato, Cevallos, Ecuador.

E-mail: wr.calero@uta.edu.ec * Autor de correspondencia.

INTRODUCCIÓN

En el presente artículo de opinión, se analiza el potencial del estudio de aguas residuales como predictor epidemiológico de futuras emergencias de salud pública. La detección de SARS-CoV-2 de forma preliminar a la manifestación de brotes clínicos en aguas residuales urbanas; y, la correlación entre determinados marcadores biológicos con características intrínsecas de la población nos permite elucidar que su análisis podría ser utilizado como alerta temprana del apareamiento de futuras emergencias de salud pública. De acuerdo con diversas predicciones, la humanidad enfrentará varias crisis sanitarias en este siglo derivadas del cambio climático y la contaminación antropogénica. La aplicación de herramientas ómicas en el análisis de aguas residuales permite detectar modificaciones en los patrones de microorganismos patógenos, por ende, es necesaria la optimización de metodologías que permitan aplicar estas tecnologías como herramientas epidemiológicas a nivel global.

CUERPO

La influencia antropogénica ha acelerado el ritmo evolutivo y ha modificado drásticamente el equilibrio ecológico de forma casi irreversible, impactando en el surgimiento y diseminación de agentes infecciosos emergentes (Cavicchioli et al., 2019). Emergencias sanitarias globales como la del Síndrome Respiratorio Severo Agudo [SARS], Enfermedad del Coronavirus 2019 (COVID-19), Enfermedad por el virus del Ébola, Síndrome de Inmunodeficiencia Adquirida [SIDA], Gripe Aviar (H5N1), Síndrome Respiratorio del Oriente Medio [MERS] y la Enfermedad por el virus del Zika emergieron a partir de reservorios animales (Casella et al., 2020; Reperant y Osterhaus, 2017). Según la Organización de las Naciones Unidas alrededor del 60% de las infecciones en humanos, y el 75% de las enfermedades emergentes o reemergentes son de origen zoonótico (UNEP, 2016). Esta realidad, en combinación con episodios ambientales y sociales drásticos nos hacen prever que el surgimiento de nuevos episodios sanitarios críticos es altamente probable para los próximos años (Manzanedo y Manning, 2020; Rodríguez-Verdugo et al., 2020).

El aislamiento social, las restricciones comerciales, de transporte y la adopción de medidas drásticas a nivel global han derivado en una crisis socioeconómica sin precedentes, con pronóstico aún reservado (Nicola et al., 2020). Los sectores de investigación, la academia, salud pública y privada, y las agencias regulatorias alrededor del mundo se han enfocado en la contención, diagnóstico, elucidación y en la búsqueda de soluciones a corto plazo en un tiempo récord. Sin embargo, es necesario tener en cuenta que algunas investigaciones aplicadas vaticinaron una potencial pandemia relacionada con la familia de los Coronavirus años atrás, considerando la diversidad viral, las rutas de diseminación y distribuciones geográficas de los murciélagos, los cuales representan los principales reservorios y vectores de los géneros Alphacoronavirus y Betacoronavirus, quienes eventualmente pueden transmitirse al ser humano (Fan et al., 2019; Woo et al., 2012).

La vía de transmisión del agente causal del COVID-19 (SARS-CoV-2), así como de los coronavirus en general, es por medio de partículas nasales o por contacto directo humano-humano. Sin embargo, este virus ha sido detectado también en materia fecal de los portadores; por lo cual, la potencial transmisión fecal-oral necesita ser investigada y elucidada (La Rosa et al., 2020). La detección de material genético específico de SARS-CoV-2 en aguas residuales y en cuerpos de agua que han recibido impacto antropogénico es de considerable interés, considerando que ciertas investigaciones han detectado la presencia de este virus en estaciones de tratamiento de agua residual de forma anticipada a que se reporten casos clínicos confirmados (Medema et al., 2020). En la actualidad, diversas publicaciones reportan la detección de este virus en aguas residuales alrededor del mundo, en las cuales utilizan en su mayoría la metodología de detección y cuantificación para muestras clínicas, basada en la reacción de la cadena de la polimerasa de transcripción inversa (RT-qPCR) (La Rosa et al., 2020; Núñez-Delgado, 2020; Singer y Wray, 2020).

El estudio de las aguas residuales como herramienta epidemiológica (WBE, del inglés wastewater-based epidemiology) se fundamenta en la elevada correlación existente entre los contaminantes y biomarcadores detectados en estas matrices, y datos cualitativos y cuantitativos de las poblaciones de las cuales provienen (Lorenzo y Picó, 2019). Esta herramienta está siendo utilizada en la detección de perfiles de resistencia a antibióticos a partir de metagenomas alrededor del mundo, revelando diferencias notables en diversidad y abundancia de acuerdo con los niveles de sanitización de origen (Hendriksen et al., 2019). A nivel de viomas (colección total de virus), una de las principales preguntas de investigación pendientes es la estandarización de técnicas de extracción, purificación, secuenciación y análisis bioinformático, con la finalidad de evitar sesgos sistemáticos (Calero-Cáceres, Ye, y Balcázar, 2019).

La detección y cuantificación de SARS-CoV-2 en aguas es un desafío complejo, considerando el efecto de dilución que podrían tener dependiendo el caudal, el cual podría fácilmente opacar la concentración detectable, más aún cuando se utilizan volúmenes pequeños para la extracción y purificación (Bogler et al., 2020). Por lo tanto, es imprescindible que las metodologías de análisis sean armonizadas, con la finalidad de poder utilizar a las variaciones en las tendencias de abundancia de determinadas familias de virus como indicadores de potenciales brotes clínicos futuros. Los recientes avances en técnicas de secuenciación y bioinformática han transformado rápidamente el análisis de la diversidad y abundancia de los componentes microbianos en diversos ecosistemas. Actualmente, los costos de realización de análisis genómico de última generación, y la disponibilidad de paquetes informáticos para su interpretación, permite su aplicación rutinaria en muchos países (Ji et al., 2020; Watts y Hurwitz, 2020). Un reciente artículo detalla la caracterización de viomas de aguas residuales de 81 áreas densamente pobladas alrededor del mundo, detectando una elevada diversidad de familias de virus, muchos de ellos de interés sanitario (Nieuwenhuijse et al., 2020), estableciendo una línea base que podría ser utilizada para el diseño de estrategias de vigilancia epidemiológica viral.

CONCLUSIONES

Por medio del WBE, se podría contar con una herramienta económicamente factible y éticamente aceptada para la detección temprana de determinantes de potenciales enfermedades de interés en salud pública, permitiendo tomar decisiones oportunas para contener de forma más eficiente futuras emergencias de salud pública. Sin embargo, es necesaria la estandarización de las metodologías de análisis para evitar sesgos sistemáticos que limiten la interpretación adecuada de los resultados obtenidos.



REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bogler, A., Packman, A., Furman, A., Gross, A., Kushmaro, A., Ronen, A., Bar-Zeev, E. (2020). Rethinking wastewater risks and monitoring in light of the COVID-19 pandemic. *Nature Sustainability*. <https://doi.org/10.1038/s41893-020-00605-2>
- Calero-Cáceres, W., Ye, M., y Balcázar, J. L. (2019). Bacteriophages as Environmental Reservoirs of Antibiotic Resistance. *Trends in Microbiology*, Vol. 27, pp. 570–577. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2019.02.008>
- Cascella, M., Rajnik, M., Cuomo, A., Dulebohn, S. C., & Di Napoli, R. (2020). Features, evaluation and treatment coronavirus (COVID-19). En *Statpearls* [internet]. StatPearls Publishing.
- Cavicchioli, R., Ripple, W. J., Timmis, K. N., Azam, F., Bakken, L. R., Baylis, M., Webster, N. S. (2019). Scientists' warning to humanity: microorganisms and climate change. *Nature Reviews Microbiology*. <https://doi.org/10.1038/s41579-019-0222-5>
- Fan, Y., Zhao, K., Shi, Z. L., & Zhou, P. (2019). Bat coronaviruses in China. *Viruses*, 11(3), 27–32. <https://doi.org/10.3390/v11030210>
- Hendriksen, R. S., Munk, P., Njage, P., van Bunnik, B., McNally, L., Lukjancenko, O., Aarestrup, F. M. (2019). Global monitoring of antimicrobial resistance based on metagenomics analyses of urban sewage. *Nature Communications*, 10(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-019-08853-3>
- Ji, P., Aw, T. G., Van Bonn, W., & Rose, J. B. (2020). Evaluation of a portable nanopore-based sequencer for detection of viruses in water. *Journal of Virological Methods*, 278(113805). <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2019.113805>
- La Rosa, G., Bonadonna, L., Lucentini, L., Kenmoe, S., & Suffredini, E. (2020). Coronavirus in water environments: Occurrence, persistence and concentration methods - A scoping review. *Water Research*, Vol. 179, p. 115899. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2020.115899>
- Lorenzo, M., y Picó, Y. (2019). Wastewater-based epidemiology: current status and future prospects. *Current Opinion in Environmental Science and Health*, Vol. 9, pp. 77–84. <https://doi.org/10.1016/j.coesh.2019.05.007>
- Manzanedo, R. D., & Manning, P. (2020). COVID-19: Lessons for the climate change emergency. *Science of the Total Environment*, 742, 140563. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.140563>
- Medema, G., Heijnen, L., Elsinga, G., Italiaander, R., & Brouwer, A. (2020). Presence of SARS-Coronavirus-2 RNA in Sewage and Correlation with Reported COVID-19 Prevalence in the Early Stage of the Epidemic in The Netherlands. *Environmental Science & Technology Letters*. <https://doi.org/10.1021/acs.estlett.0c00357>
- Nicola, M., Alsafi, Z., Sohrabi, C., Kerwan, A., Al-Jabir, A., Iosifidis, C., Agha, R. (2020). The socio-economic implications of the coronavirus pandemic (COVID-19): A review. *International Journal of Surgery*. <https://doi.org/10.1016/j.ijsu.2020.04.018>
- Nieuwenhuijse, D. F., Oude Munnink, B. B., Phan, M. V. T., Hendriksen, R. S., Bego, A., Rees, C., Koopmans, M. P. G. (2020). Setting a baseline for global urban virome surveillance in sewage. *Scientific Reports*, 10(1), 1–13. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-69869-0>
- Núñez-Delgado, A. (2020). What do we know about the SARS-CoV-2 coronavirus in the environment? *Science of the Total Environment*, Vol. 727, p. 138647. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.138647>
- Reperant, L. A., Osterhaus, A. D. M. E. (2017). AIDS, Avian flu, SARS, MERS, Ebola, Zika... what next? *Vaccine*, 35(35), 4470–4474. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2017.04.082>
- Rodríguez-Verdugo, A., Lozano-Huntelman, N., Cruz-Loya, M., Savage, V., Yeh, P. (2020). Compounding Effects of Climate Warming and Antibiotic Resistance. *IScience*. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2020.101024>
- Singer, A. C., & Wray, R. (2020). Detection and survival of SARS-coronavirus in human stool, urine, wastewater and sludge. Preprints. <https://doi.org/10.20944/preprints202006.0216.v2>
- UNEP. (2016). Emerging Issues of Environmental Concern. En *UNEP Frontiers 2016 Report*. Recuperado de: https://web.unep.org/frontiers/sites/unep.org.frontiers/files/documents/unep_frontiers_2016.pdf
- Watts, G. S., & Hurwitz, B. L. (2020). Metagenomic Next-Generation Sequencing in Clinical Microbiology. *Clinical Microbiology Newsletter*, 42(7), 53–59.
- Woo, P. C. Y., Lau, S. K. P., Lam, C. S. F., Lau, C. C. Y., Tsang, A. K. L., Lau, J. H. N., Yuen, K.-Y. (2012). Discovery of Seven Novel Mammalian and Avian Coronaviruses in the Genus Deltacoronavirus Supports Bat Coronaviruses as the Gene Source of Alphacoronavirus and Betacoronavirus and Avian Coronaviruses as the Gene Source of Gammacoronavirus and Deltacoronavirus. *Journal of Virology*, 86(7), 3995–4008. <https://doi.org/10.1128/jvi.06540-11>