

**« Rapport des activités de surveillance génomique du  
SARS COV-2 au CERFIG : janvier - juillet 2022**

**Version : 003\_24/08/2022**

## Table of Contents

<b>1. Contexte</b> .....	<b>3</b>
<b>2. Méthodes</b> .....	<b>3</b>
<b>3. Résultats</b> .....	<b>3</b>
Figure 1 : Évolution des variants (OMS Lineage) depuis le début de la surveillance génomique au CERFIG de 2020 à 2022.....	4
Figure 2 : Évolution des variants (Pango Lineage) détectés par la surveillance génomique au CERFIG de 2020 à 2022.....	5
Figure 3 : Évolution des variants identifiés sur des prélèvements de 2022 .....	5
<b>Note importante :</b> .....	<b>6</b>

## 1. Contexte

Le Centre de recherche et de formation en infectiologie de Guinée (CERFIG) dispose en son sein un laboratoire de biologie moléculaire/virologie qui contribue au diagnostic de la Covid-19, mais aussi au dépistage et à la surveillance des variants du SARS-CoV-2. Doté d'un séquenceur Illumina iSeq100 et d'un MIC qPCR pour la détection des variants, le CERFIG suit l'évolution des différents variants du SARS-CoV-2 dans le cadre de la riposte à la pandémie en Guinée, grâce au projet AFROSCREEN. Ce présent rapport est un récapitulatif des données obtenues au laboratoire du CERFIG à travers les plateformes de biologie moléculaire (criblage) et de génomique (séquençage).

## 2. Méthodes

Dans le cadre de la riposte Covid-19 en Guinée, le CERFIG reçoit des échantillons des cas suspects et patients hospitalisés dans les centres de traitement épidémiologique.

Tous les échantillons testés positifs à la PCR temps réel avec un Ct inférieur ou égale à 28 sont systématiquement orientés pour la surveillance des variants circulants par les techniques de criblage et/ou de séquençage.

**Criblage** : effectué la technologie MIC RT-qPCR qui utilise la technique de la *High Resolution Melting* (HRM ou fusion haute résolution) et permet de détecter des mutations spécifiques à certains variants (Variant of Concern) du SARS CoV-2. Le kit Di4DIAG de Innovative diagnostics est utilisé.

**Séquençage** : les kits Illumina DNA prep et COVIDSeq RUO ont été utilisés pour la préparation des bibliothèques. Les séquences obtenues sont analysées sur place avec des outils bio-informatiques.

## 3. Résultats

Les données rapportées ci-après concernent 209 échantillons qui ont été testés au criblage ou séquençage (Début séquençage avril 2021). Les échantillons sélectionnés ont été prélevés en 2020, 2021 et 2022. Quatre (04) variants d'intérêt ont été détectés durant cette période (*figure 1*).

On remarque pendant le premier semestre de l'année 2021 que le variant Alpha était prédominant. Cependant, au second semestre, le variant Delta est largement majoritaire. En décembre 2021, le variant Omicron apparaît et persiste jusqu'à

nos jours, avec ses différentes sous-lignées. Nous avons également détecté la présence du variant R.1 dans des prélèvements de janvier et avril 2021 et ceux de janvier 2022. Ce variant R.1, appelé encore B.1.1.316.1, qui a été retrouvé au Japon et aux Etats-Unis, c'est une sous-lignée du variant B.1.1.316 avec 03 mutations de plus que ce dernier sur la spike (*figure2*).

Parmi les prélèvements de l'année 2022 qui ont été séquences, le variant Omicron est prédominant avec ses différentes sous-lignées. Nous avons aussi retrouvé la présence du variant Delta (01 échantillon) (*figure3*).

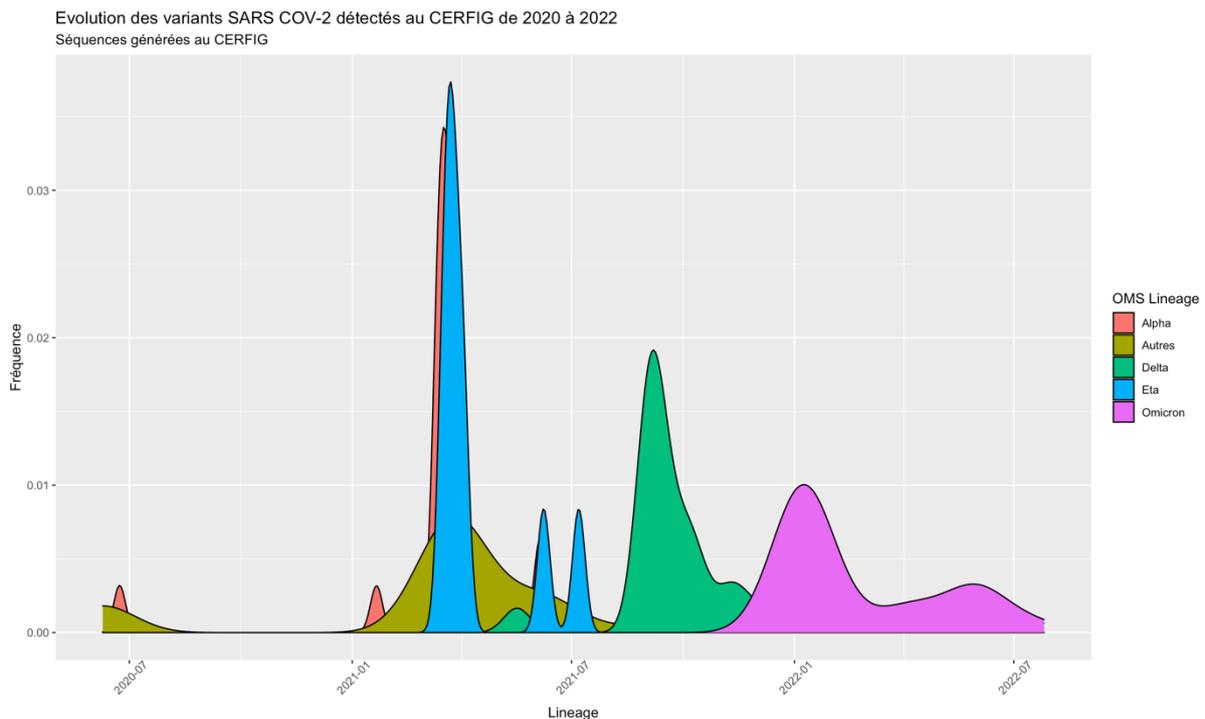


Figure 1 : Évolution des variants (OMS Lineage) depuis le début de la surveillance génomique au CERFIG de 2020 à 2022

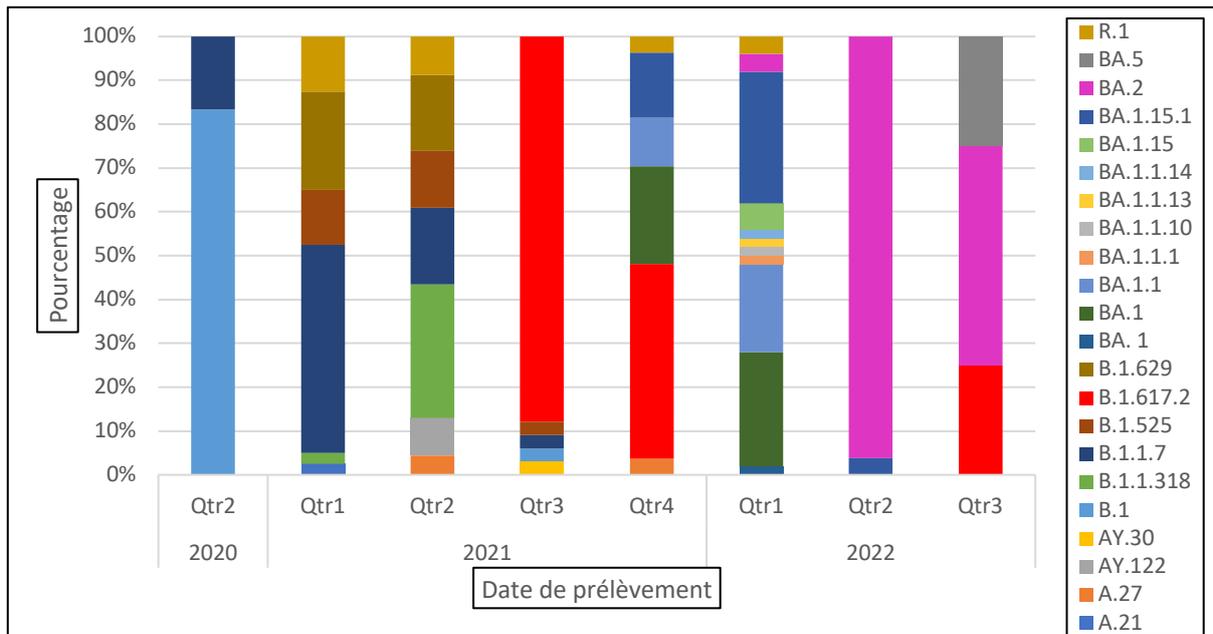


Figure 2 : Évolution des variants (Pango Lineage) détectés par la surveillance génomique au CERFIG de 2020 à 2022

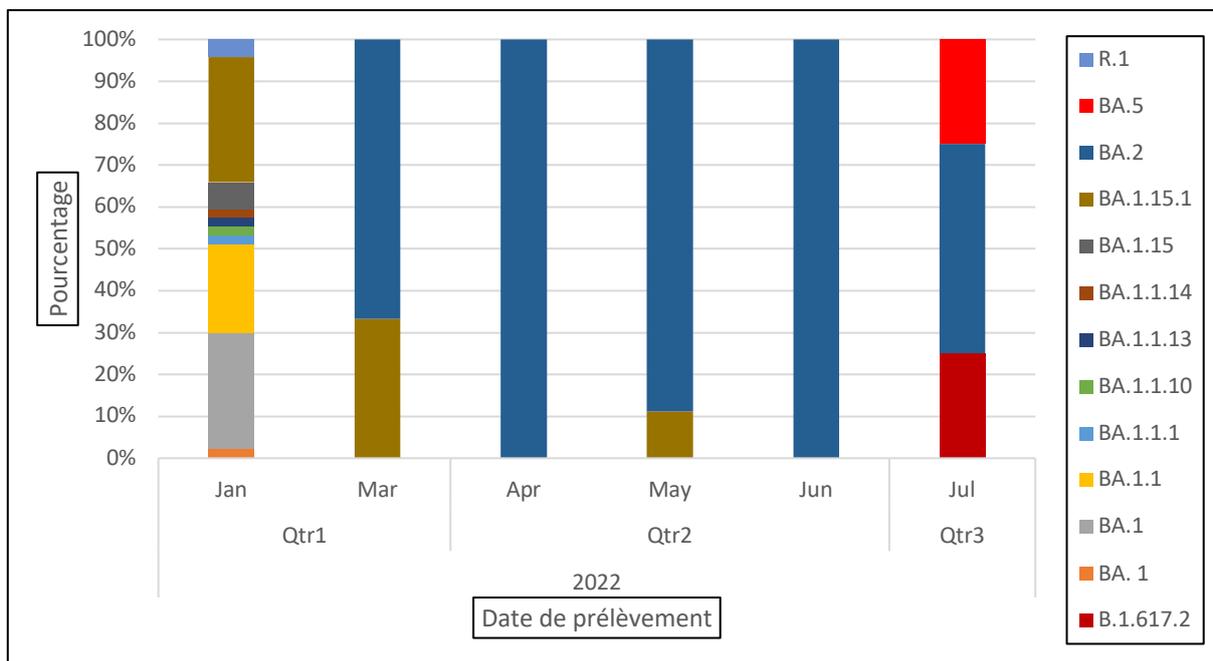


Figure 3 : Évolution des variants identifiés sur des prélèvements de 2022 (janvier – juillet)

**Note importante :**

- Détection du variant BA.5 sur un échantillon séquencé
- Réapparition de variant Delta sur un échantillon criblé et séquencé (date de prélèvement le 18/07/2022) et du variant R1
- Plus de séquences permettront de comprendre l'évolution des variants du SARS-CoV-2 en Guinée.