

**« Rapport de surveillance génomique du SARS COV-2 au
CERFIG »**

Mois de Septembre 2022

Table des matières

Note importante :	3
1. Contexte	4
2. Méthodes	4
3. Résultats	5
Figure 1 : Variants détectés par la méthode de criblage depuis le début de la surveillance génomique au CERFIG (Prélèvements de 2020 à 2022)	5
Figure 2 : Évolution des variants détectés par la méthode de séquençage depuis le début de la surveillance génomique au CERFIG (Prélèvement de 2020 à 2022)	6
Figure 3 : Dynamique des variants détectés par la méthode de séquençage sur les prélèvements de 2022 dans le cadre de la surveillance génomique au CERFIG	7

Note importante :

- Au cours du mois de septembre 2022, au total 32 échantillons provenant de cas suspects ont été reçus dont 14 déjà séquencés ;
- Circulation importante des variantes d'omicron **BA.5** et sous-lignées depuis le mois d'août ;
- Surveillance génomique continue afin de suivre l'évolution des variants du SARS-CoV-2 en Guinée.

1. Contexte

Le Centre de recherche et de formation en infectiologie de Guinée (CERFIG) dispose en son sein un laboratoire de 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 en 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.

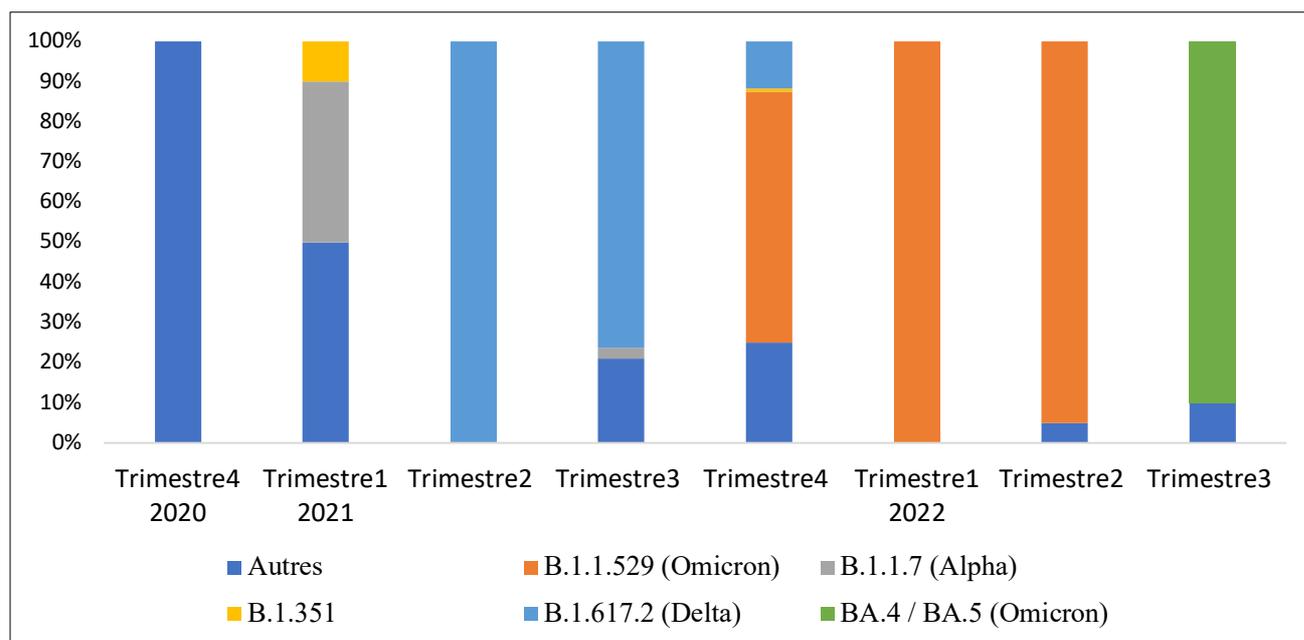
Criblage : la technologie MIC RT-qPCR utilise la technique de la *High Resolution Melting* (HRM ou fusion haute résolution) qui permet de détecter des mutations spécifiques à certains variants du SARS CoV-2. Le kit Di4DIAG de Innovative diagnostics est utilisé.

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 portent sur des échantillons prélevés en 2020, 2021 et 2022.

Entre septembre 2021 et septembre 2022, 345 échantillons ont été testés par la méthode de criblage et quatre (04) variants d'intérêt ont été détectés (*figure 1*).

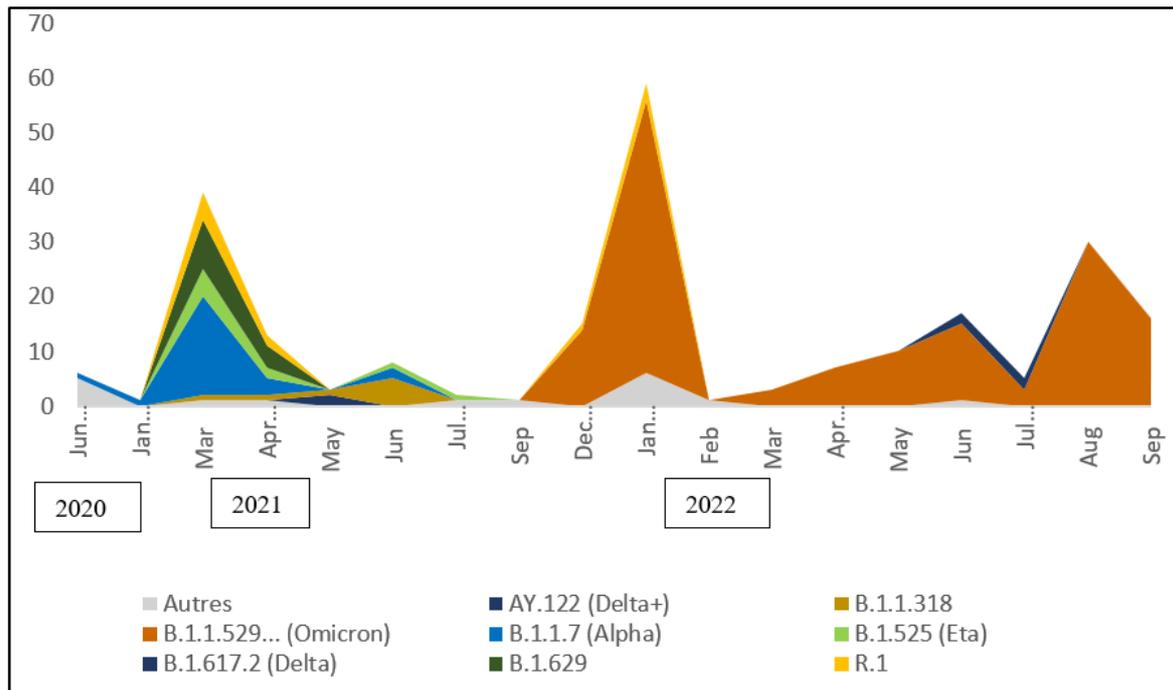


$N = 345$

Figure 1 : Variants détectés par la méthode de criblage depuis le début de la surveillance génomique au CERFIG (Prélèvements de 2020 à 2022)

Les données obtenues après séquençage montrent la prédominance du variant Alpha pendant le premier semestre de l'année 2021. Cependant, au second semestre, le variant Delta est largement majoritaire.

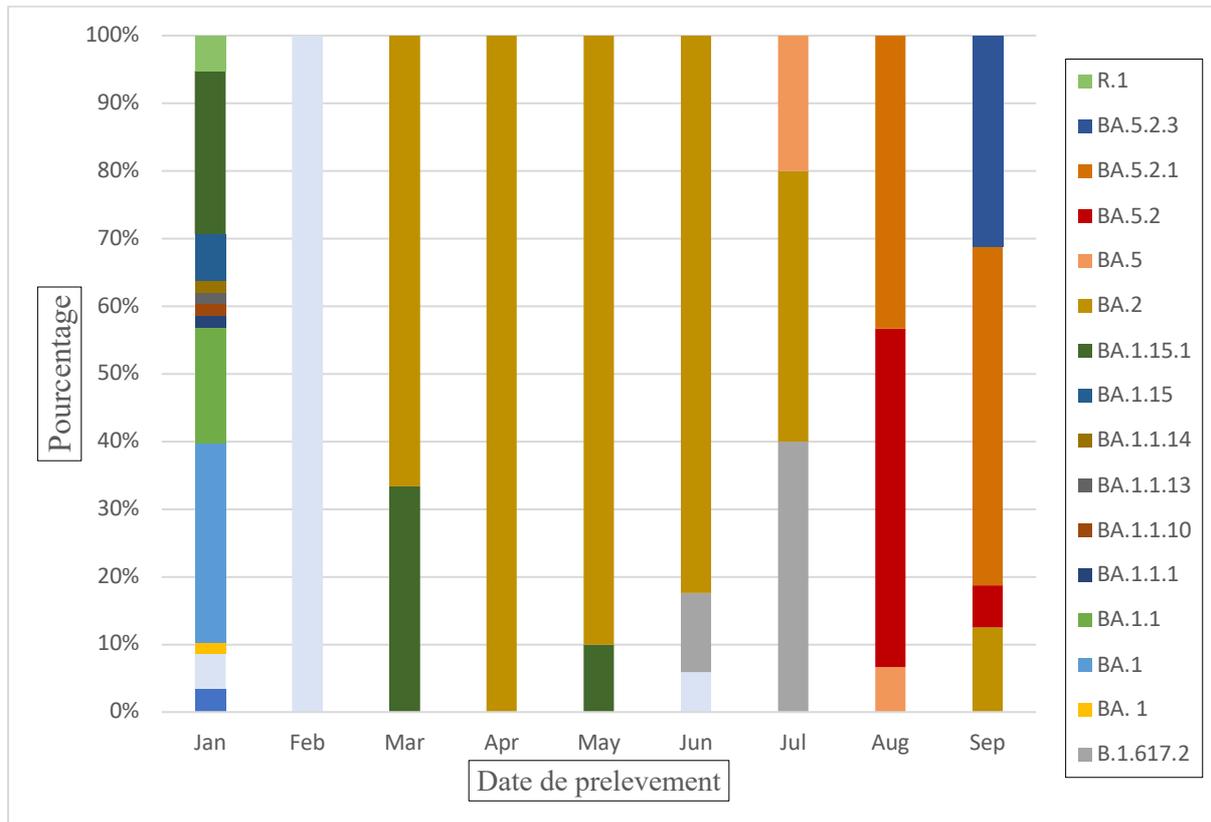
En décembre 2021, le variant Omicron apparait et persiste jusqu'à nos jours, avec ses différentes sous-lignées. Nous avons également détecté la présence du variant R1 dans des prélèvements de janvier et avril 2021 et ceux de janvier 2022. (*figure 2*).



N= 236

Figure 2 : Évolution des variants détectés par la *méthode de séquençage* depuis le début de la surveillance génomique au CERFIG (Prélèvement de 2020 à 2022)

Parmi les prélèvements de l'année 2022 qui ont été séquencés, le variant Omicron est prédominant avec ses différentes sous-lignées. Nous avons aussi retrouvé la présence du variant Delta (01 échantillon). Les sous-lignées Omicron les plus fréquentes pour le mois d'août et septembre sont **BA.5** et sous-lignées (*figure3*).



N= 147

Figure 3 : Dynamique des variants détectés par la *méthode de séquençage* sur les prélèvements de 2022 dans le cadre de la surveillance génomique au CERFIG

Conclusion

En résumé, nous notifions une circulation importante du variant BA.5 et sous-lignées. La surveillance continue permettra de détecter en temps réel les éventuels variants préoccupants (VOC) circulants afin de prendre les mesures de santé publique adéquates.