

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

Mois d'octobre 2022

Table of Contents

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 d'octobre, 20 échantillons provenant de cas suspects sont positifs dont 14 déjà séquencés (publiés sur GISAID) ;
- Détection des variants Omicron **BQ.1 et BQ.1.1** (Investigation en cours sur les cas)
- 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 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 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.

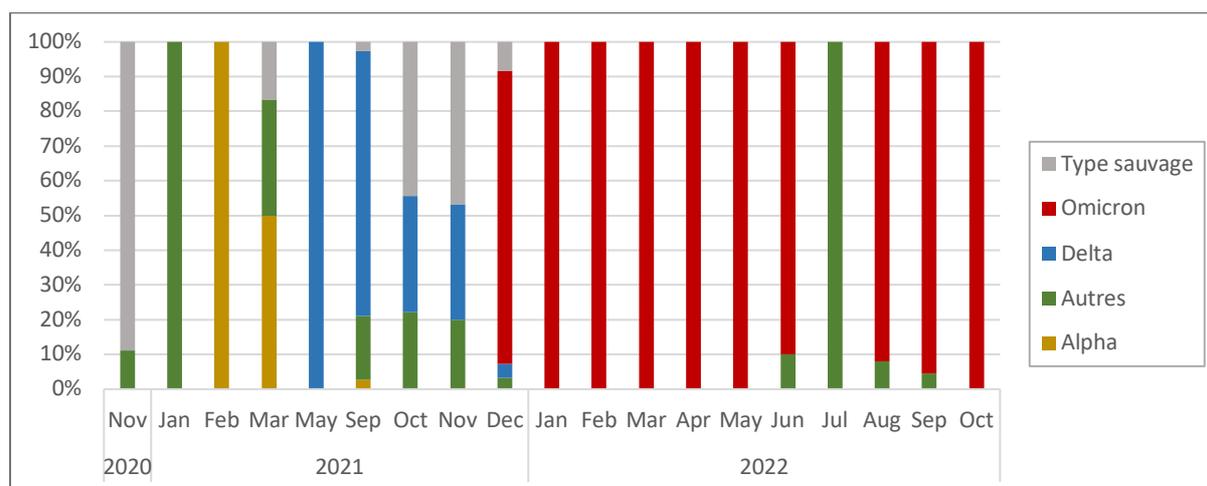
Criblage : la technologie MIC RT-qPCR utilise la technique de la *High Resolution Melting* (HRM ou fusion haute résolution) qui permet de détecter des mutations spécifiques à certains variants du SARS CoV-2. Le kit Di4DIAG de Innovative diagnostics est utilisé.

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.

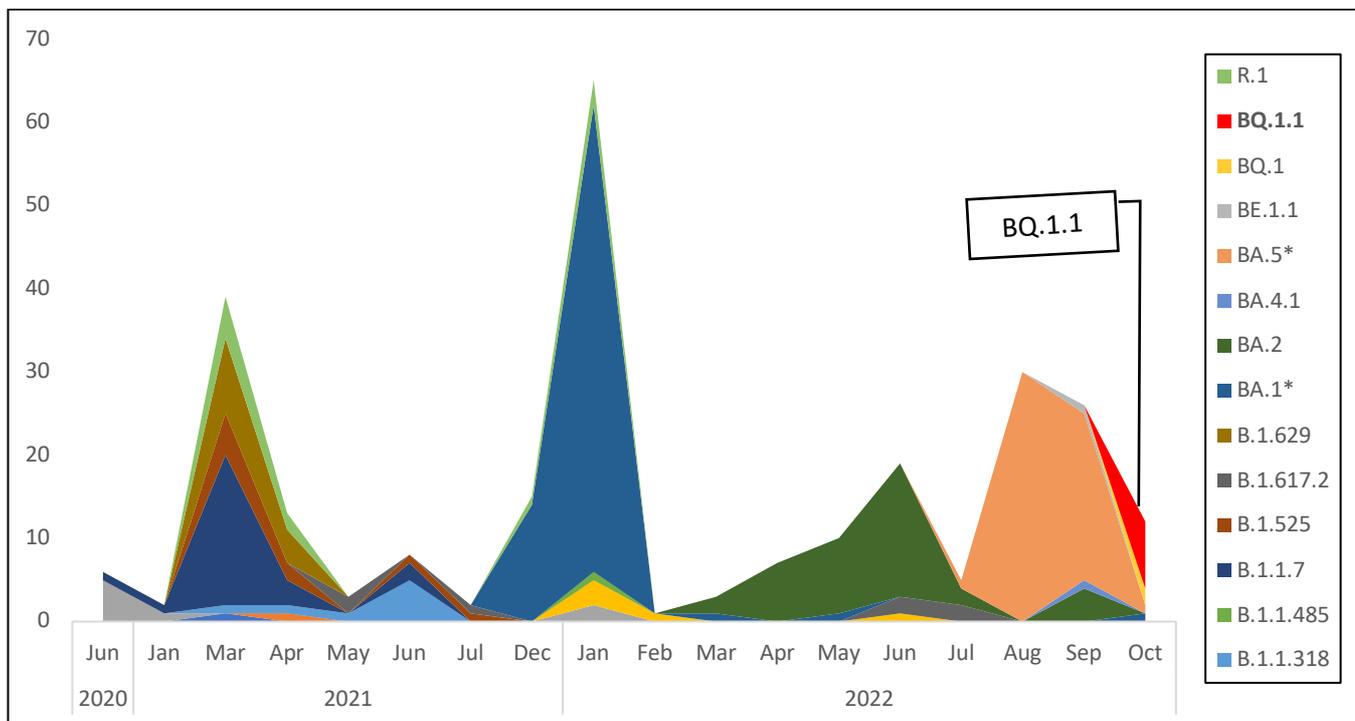
A ce jour, 358 échantillons ont été testés par la technique de criblage et quatre (04) variants d'intérêt ont été détectés. Le variant Omicron reste le variant prédominant depuis son apparition en décembre 2021 (*figure 1*).



$N = 358$

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

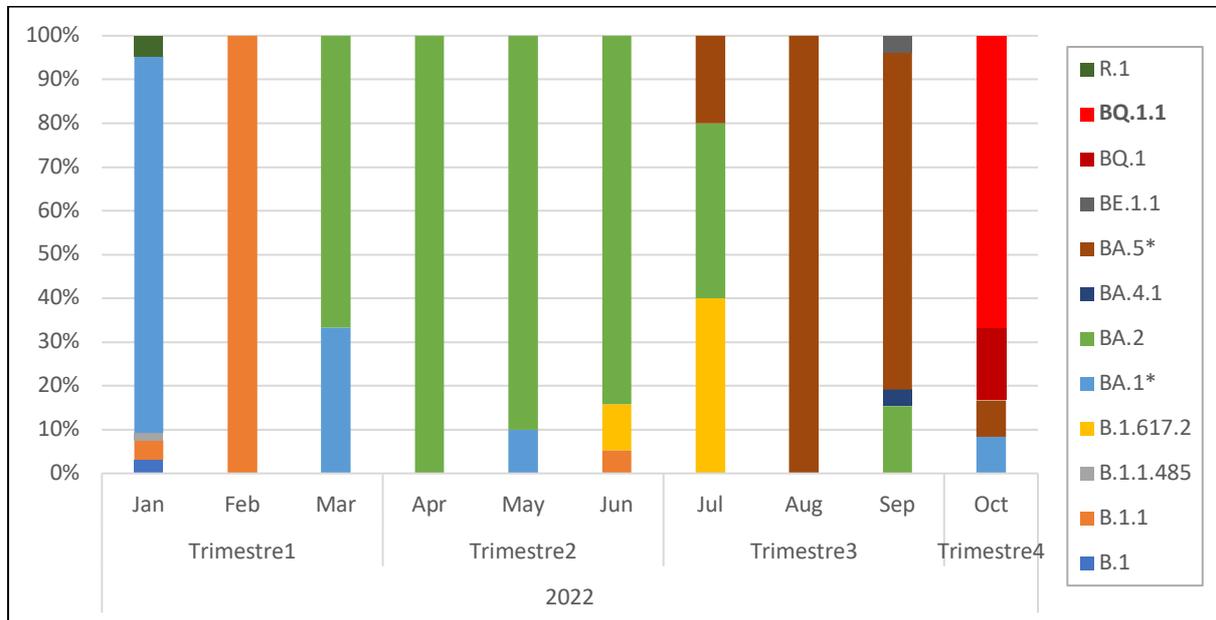
Les données de séquences montrent que le troisième trimestre de l'année a été dominé par la sous-lignée **BA.5** du variant Omicron. Nous avons détecté le variant **BE.1.1** au cours du mois de septembre 2022. Au cours de ce mois d'octobre, nous assistons à l'émergence du variant **BQ.1** et **BQ.1.1** (*figure2*).



N= 266

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

Tous les variants détectés par séquençage pour les échantillons prélevés en 2022 sont consignés dans le schéma ci-dessous (*figure3*).



N= 178

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