

Résumé

Le 13 juin 2025, trois échantillons provenant d'un patient suspect de Mpox ont été testés positifs au laboratoire de biologie moléculaire du CERFIG. Pour mieux comprendre le virus, deux méthodes de séquençage ont été utilisées :

- Oxford Nanopore (métagénomique)
- Illumina (capture ciblée)

Ces analyses ont permis de reconstituer presque tout le génome du virus, appartenant à la lignée **A.2.2 du clade IIb**, identifiée dans plusieurs pays d'Afrique de l'Ouest. Cette découverte justifie une réaction rapide : isolement des cas, suivi des contacts et renforcement de la surveillance.

Contexte

Depuis 2022, le virus Mpox circule dans des régions où il n'était pas présent auparavant. La surveillance génomique aide à : i) Suivre les différentes lignées du virus, ii) Détecter des mutations importantes et iii) Guider les actions de santé publique. Le cas confirmé en Guinée provient d'un patient de 53 ans, consulté au service de Dermatologie du CHU Donka.

Méthodologie

Pour l'identification et la confirmation du Clade circulant et responsable du cas positif détecté, nous avons réalisé un séquençage génomique au Centre de recherche et de formation en infectiologie de Guinée (CERFIG) en utilisant deux méthodes :

Méthodes	Date de séquençage	Type d'échantillon	Code échantillon
Métagénomique Oxford Nanopore (ONT) - MinION	19/06/2025	Croûte	010Mpox-M/CERFIG
Capture ciblée – Illumina iSeq100	20/06/2025	Croûte	010Mpox-C/CERFIG

Les données brutes ont été analysées et comparées à des génomes de référence (MT903345, MT903338). L'assignation de Clade et lignée a été réalisée avec Nextclade version 3.15.1. Toutes les séquences de la lignée A.2.2 du Clade IIb de bonne qualité disponibles sur GISAID ont été téléchargées pour réaliser un arbre phylogénétique basé sur le modèle Maximum Likelihood avec IQ-TREE v2.3.6.

Résultats

Les deux méthodes ont montré des résultats fiables avec des couvertures de génome élevées :

- **99,9 %** avec Nanopore
- **98,9 %** avec Illumina

La profondeur de lecture était également très bonne (respectivement de 33x et 3042x). L'analyse a révélé que le virus détecté en Guinée est génétiquement très proche des souches circulant actuellement en Sierra Leone et Togo, appartenant toutes à la lignée **A.2.2 du clade IIb**. (Figure – Page 2)

Conclusion

Ce cas confirme l'introduction en Guinée d'une lignée Mpox qui circule dans des pays voisins. Cela souligne l'importance d'une surveillance génomique renforcée pour : i) Mieux comprendre la propagation, ii) Agir rapidement en cas de nouveaux cas et iii) Éviter une transmission plus large.



Opérateurs	M. Abdoul SOUMAH Dr. Thibaut Arnel Chérif GNIMADI
Validation	Pr. Alpha Kabinet KEITA