

INSTITUT NATIONAL DE SANTE PUBLIQUE

NOTE D'INFORMATION N°06

SUIVI DE L'EVOLUTION DU VIRUS DE LA COVID-19: LE SARS-CoV-2

DANS CE NUMÉRO :

- Situation épidémiologique mondiale du Covid-19
- Séquençage génomique
- Tableau de classification des différents variants du SARS-CoV-2 – fin décembre 2023
- Sources





NOTE D'INFORMATION N°06

VARIANTS DU SARS-CoV-2

Cette note a pour but de rapporter les informations concernant la surveillance et le suivi des variants du SARS-CoV-2 avec son évolution à l'échelle mondiale et nationale. Elle reprendra tout nouveau phénomène lié à l'apparition d'un nouveau lignage.

Situation épidémiologique mondiale du Covid-19

Selon l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS), plus de 1.1 million nouveaux cas de Covid-19 et plus de 8 700 nouveau décès ont été notifiés au cours de la période allant du 11 décembre 2023 au 07 janvier 2024.

Ces données sont mises à jour continuellement dès la déclaration des cas par les pays membres.

Variant EG.5

Actuellement selon l'OMS, le variant d'Omicron (EG.5) qui a été détecté le 17 Février 2023 est toujours considéré comme un variant d'intérêt (VOI). **Une diminution importante de la prévalence** a été observée, celle-ci est passée de 43,6 % au 03 décembre 2023 (semaine 48) à 16,6 % au 31 décembre 2023 (semaine 52).

Par ailleurs, selon le **"Global Initiative on Sharing All Influenza Data"** (plateforme **GISAID**), le variant EG.5 est actuellement présent dans 103 pays avec 197 310 séquences et ceci au 23 janvier 2024.

Variant BA.2.86

En novembre 2023, le BA.2.86 a été désigné comme VOI. Sa prévalence est passée de 7,0 % au 03 décembre 2023 (semaine 48) à 7,8 % au 31 décembre 2023 (semaine 52).

Le variant BA.2.86 est actuellement présent dans 70 pays avec 15 216 séquences selon la plateforme **GISAID** au 23 janvier 2024.

Variant JN.1

Le variant JN.1, descendant du BA.2.86, désigné comme VOI depuis le 18 décembre 2023 est **le plus dominant par rapport aux autres variants en circulation**. Sa prévalence est passée de 24,8 % au 03 décembre 2023 (semaine 48) à 65,5% au 31 décembre 2023 (semaine 52).

Le variant JN.1 est actuellement présent dans 85 pays avec 56 704 séquences selon la plateforme **GISAID** au 23 janvier 2024.

Les symptômes des variants sus cités, semblent toujours similaires à ceux d'Omicron, c'est-à-dire un syndrome grippal : fièvre, toux, asthénie, écoulement nasal, douleurs musculaires, maux de tête, agueusie, anosmie et diarrhée.

Les symptômes liés à JN.1, EG.5 et le BA.2.86 ne constituent qu'un risque faible pour la santé publique. Selon l'OMS, tous les variants actuellement en circulation ne présentent aucun changement dans **la gravité des symptômes de la Covid-19.**





Séquençage génomique

C'est quoi un séquençage génomique ?

Le séquençage est une technique qui permet de lire l'enchaînement des nucléotides¹ d'un fragment voire de la totalité de l'ADN ou de l'ARN, la molécule constituant le matériel génétique. Différentes approches technologiques ont été développées au cours du temps (méthode Sanger, séquençage nouvelle génération NGS...).

La méthode peut être utilisée aussi bien dans le domaine de la santé que dans d'autres domaines tel que l'alimentation et l'agriculture (séquençage des ressources génétique), etc.

Quel est l'intérêt du séquençage génomique ?

Le séquençage génomique réalisé par différentes techniques telle que la méthode Sanger ou le séquençage nouvelle génération (NGS), permet d'établir des cartographies, d'étudier les gènes et leurs fonctions, et notamment d'identifier des gènes responsables de maladies. Actuellement, la surveillance biologique du Covid-19 se fait grâce au séquençage génomique.

Intérêt du séquençage génomique pour l'action santé publique lors de la pandémie COVID-19

Le séquençage génomique s'est avéré très important depuis le début de la riposte à la COVID-19. De nouveaux variants se forment constamment et les données génomiques ont permis aux pays de prendre des décisions de santé publique rapides et éclairées depuis le début de la pandémie :

- Le séquençage génomique peut permettre aux pays de se préparer à d'éventuelles périodes de recrudescence des cas et de prendre des mesures cruciales telles que l'adaptation de la prise en charge en fonction du profil du variant, l'intensification des tests de dépistage, l'utilisation de mesures barrières simples pour diminuer la transmission interhumaine et éviter l'entrée de variants dans le pays.
- Les données génomiques permettent de choisir les vaccins les plus appropriés pour la population.

Le séquençage génomique permet également de résoudre d'autres problèmes en santé publique:

- En Afrique, La surveillance génomique n'est pas un élément nouveau. Elle est déjà utilisée pour comprendre la transmission et la résistance aux médicaments d'agents pathogènes tels que le VIH et la tuberculose.
- Le séquençage génomique a permis d'opter pour de meilleurs outils de diagnostic, vaccins et traitements possibles notamment La dengue, le Chikungunya et la fièvre jaune.
- La surveillance génomique s'est également avérée cruciale pour détecter de nouvelles transmissions zoonotiques de maladies telles que les maladies à virus Ebola ou à virus de Marburg.

¹ Nucléotides : molécules biologiques, composant de base de l'ADN ou l'ARN, symbolisées par les lettres A C G et T ou U dans l'ARN



NOTE D'INFORMATION N°06

VARIANTS DU SARS-CoV-2

Le Tableau ci-dessous regroupe les principaux variants du SARS-CoV-2 détectés à travers le monde.

Tableau : Classification des différents variants du Covid-19 – fin décembre 2023

Nomenclature OMS	Lignage PANGO	Pays de première détection	Date de déclaration par l'OMS	Classification OMS
Omicron	XBB.1.16 (1,5%*)	Inde, Etats Unis, Japon, Australie, Chine	Mai 2022	VOI
Omicron	XBB.1.5 (3,3%*)	Etats Unis	Novembre 2022	VOI
Eris	EG.5 (16,6%*)	Etats Unis, Chine, Corée du Sud	Février 2023	VOI
Non attribué	BA.2.86(7,8%*)	Royaume Unis, Etats Unis, Danemark	Août 2023	VOI
Non attribué	JN.1 (65,5%*)	Etats Unis, Danemark, Singapour, Canada	Août 2023	VOI

Lignage : Ensemble des descendants d'un ancêtre commun

* : prévalence des variants au 31 décembre 2023



NOTE D'INFORMATION N°06

VARIANTS DU SARS-CoV-2

Sources

<https://www.who.int/publications/m/item/covid-19-epidemiological-update---19-january-2024>

<https://www.afro.who.int/fr/news/pourquoi-le-sequencage-genomique-est-essentiel-la-riposte-la-covid19#:~:text=Le%20s%C3%A9quen%C3%A7age%20g%C3%A9nomique%20s'est,le%20d%C3%A9but%20de%20la%20pand%C3%A9mie>

https://www.myobase.org/doc_num.php?explnum_id=17017

<https://www.labtoo.com/fr/page/genomique-sequencage-ngs-d-adn-et-d-arn-clonage-et-qpcr>

https://cov-lineages.org/lineage_list.html

<https://gisaid.org/hcov19-variants/>