

## Surveillance génomique du virus SARS-CoV-2

A. Dumoulin, M. Moraz, S. Emonet, Institut Central des Hôpitaux, Hôpital du Valais, Sion

Le Coronavirus SARS-CoV-2, cause du COVID-19, impacte l'ensemble des continents depuis son apparition il y a bientôt trois ans. Cependant, le virus qui circule actuellement n'est plus le même que la souche originale, apparue dans la région de Wuhan en Chine. En effet, comme tous les virus, et particulièrement les virus à ARN, le SARS-CoV-2 mute facilement et s'adapte pour mieux échapper à nos défenses immunitaires et continuer ainsi à se reproduire.

Chaque nucléotide du génome du SARS-CoV-2 peut en théorie muter de façon aléatoire. Certaines de ces mutations ne confèrent aucun avantage au virus ou sont même délétères pour lui. Les souches porteuses de ces changements génétiques disparaîtront au profit de souches ayant des mutations leur apportant un avantage évolutif. Par exemple, les mutations modifiant la surface du virus empêchent les anticorps produits par le système immunitaire suite à une infection ou à une vaccination de reconnaître le SARS-CoV-2, ce qui permet au virus de se reproduire plus efficacement. Ce même type de mutations peut réduire l'efficacité des traitements à base d'anticorps monoclonaux dirigés contre des structures de surface du virus.

**Les variants du SARS-CoV-2 sont porteurs de mutations qui leur permettent notamment d'échapper plus facilement au système immunitaire ou de résister aux traitements.**

Depuis le début de la pandémie, l'OMS a surveillé l'émergence de variants porteurs de mutations leur conférant des propriétés inquiétantes au niveau de leur transmissibilité, de leur virulence, de leur capacité à échapper au système immunitaire, de leur résistance aux traitements ou impactant leur détection. Ces « variants of concerns » ont été dénommés par des lettres de l'alphabet grec. En Suisse, une surveillance des variants basée sur le séquençage de souches cliniques a été rapidement mise en place. A l'heure actuelle ce programme national de surveillance génomique du SARS-CoV-2, financé par la Confédération, se concentre sur les virus retrouvés chez des patients hospitalisés. En complément à cette surveillance des cas cliniques, une surveillance des variants dans les eaux usées a été mise en place, afin de garder une vision d'ensemble sur les souches circulant dans la communauté.

L'Institut Central des Hôpitaux est l'un des douze laboratoires suisses participant à ce programme de surveillance. Pratiquement, les prélèvements des patients testés positifs par PCR pour le SARS-CoV-2 font l'objet d'un processus d'extraction de l'ARN viral. Les extraits d'ARN sont ensuite envoyés au laboratoire de séquençage Health2030 à Genève. Au mois de septembre 2022, plus de 2500 prélèvements cliniques ont été séquencés dans le cadre de ce programme, dont 96 envoyés par l'ICH. Depuis le début de sa participation au programme, l'ICH a envoyé près de 4000 échantillons pour séquençage.

En se basant sur les séquences génomiques obtenues, on peut visualiser la succession des différents variants en utilisant des outils comme Covariants (covariants.org, Figure 1). Le variant Omicron BA.5 est largement dominant depuis l'été 2022. Cependant, le variant Omicron BQ.1 progresse rapide-

ment ces dernières semaines et pourrait devenir dominant d'ici la fin de l'année. Heureusement, depuis plusieurs mois maintenant, les vagues d'infections communautaires ne se traduisent plus que rarement par des hospitalisations en milieu de soins intensifs, ceci principalement en raison de l'immunité acquise par la vaccination ou suite à une infection. Une évolution naturelle des variants vers une plus grande transmissibilité mais une moindre virulence pourrait également expliquer ce phénomène.

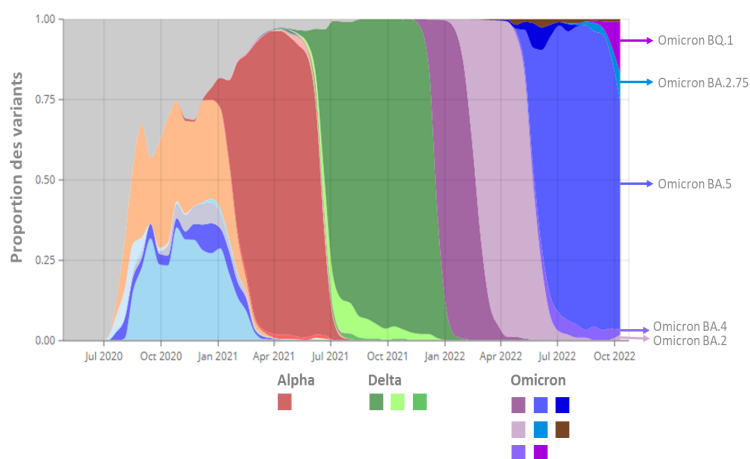


Figure 1 : succession des différents variants et sous-variants (adapté des données de covariant.org)

La surveillance génomique du SARS-CoV-2 permet aux autorités sanitaires et aux professionnels de la santé de pouvoir rapidement réagir à l'apparition de variants préoccupants et de prendre les mesures nécessaires au niveau de la population, de l'adaptation des vaccins ou de la prise en charge des patients (efficacité des Ac monoclonaux).

## Littérature

- [1] COVID-19 Suisse, Information sur la situation actuelle : [www.covid19.admin.ch](http://www.covid19.admin.ch)
- [2] Surveillance variants SARS-CoV-2, rapport mensuel : [www.hug.ch/laboratoire-virologie/surveillance-variants-sars-cov-2-geneve-national](http://www.hug.ch/laboratoire-virologie/surveillance-variants-sars-cov-2-geneve-national)
- [3] Surveillance of SARS-CoV-2 genomic variants in wastewater: [bsse.ethz.ch/cbg/research/computational-virology/sarscov2-variants-wastewater-surveillance.html](https://bsse.ethz.ch/cbg/research/computational-virology/sarscov2-variants-wastewater-surveillance.html)

## Personnes de contact

Dr Alexis Dumoulin alexis.dumoulin@hopitalvs.ch  
Dre Milo Moraz milo.moraz@hopitalvs.ch  
Prof. Dr Stéphane Emonet stephane.emonet@hopitalvs.ch

**La surveillance génomique permet de suivre l'évolution du SARS-CoV-2 et d'adapter en conséquence les mesures de santé publique et la prise en charge des patients.**