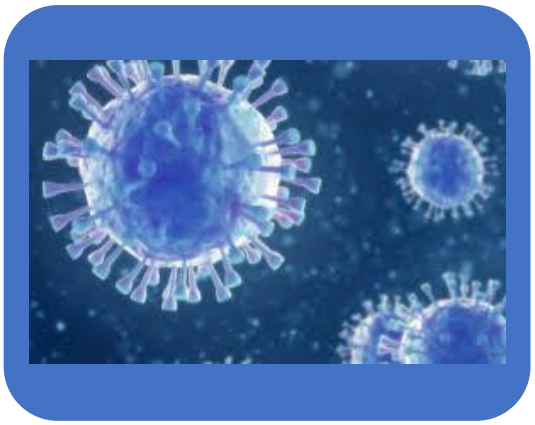
Titre : Nouveaux variants du Coronavirus : des chercheurs burkinabè et allemands étudient les souches de coronavirus circulant au Burkina Faso à la recherche de nouveaux variants.

Quoi retenir : Face à l'émergence de nouveaux variants du SARS-Cov-2 (coronavirus responsable de l'épidémie de COVID-19) qui pourraient être plus transmissibles et/ou plus virulents, la vigilance de la communauté scientifique est capitale. Une équipe de chercheurs Burkinabè et allemands ont pu séquencer le génome complet de 86 souches de Coronavirus circulant au Burkina Faso. Les variants rapportés durant la période de l'étude sont similaires -à ceux circulant dans la région Ouest Africaine

---

Introduction : L'émergence de trois nouveaux variants - britannique, sud-africain et japonais - en l'espace de quelques semaines inquiète le monde scientifique, qui s'est réuni en urgence sur convocation de l'OMS en vue de proposer des mesures fortes pour mieux contrôler la pandémie.

De quoi s'agit-il et quelles sont les conséquences liées à ces mutations ?



Il s'agit d'un phénomène naturel commun aux virus survenant pendant leur multiplication. Lors de la production de nouvelles particules virales, il arrive régulièrement que celles-ci subissent de petites modifications génétiques. Ces modifications sont appelées « mutations ». Le virus porteur d'une ou plusieurs nouvelles mutations est alors appelé « variant » du virus initial. Ces mutations peuvent être sans aucune conséquence sur l'expression de la maladie qu'ils entrainent (COVID-19).

Toutefois, selon l'endroit où les mutations sont situées dans le code génétique du virus, et selon la manière dont ces mutations affectent la forme ou d'autres caractéristiques du virus, certaines mutations peuvent éventuellement avoir un impact sur la façon dont le virus se comporte dans l'organisme d'un individu et/ou se transmet entre individus. Par exemple, des mutations

peuvent rendre un virus plus pathogène (l'expression de la maladie est alors plus grave, avec potentiellement plus d'hospitalisations et de décès). Elles peuvent aussi le rendre plus transmissible, c'est à dire qu'il se propage plus facilement dans une population. Les trois nouveaux variants actuellement décrits sont suspectés d'avoir un taux de contagiosité plus élevé. Si jusqu'à présent ces variants ne sont décrits que dans les pays développés, il faut s'interroger sur la situation des pays à ressources limitées comme le nôtre.

La recrudescence de transmission communautaire dans la région Afrique de l'Ouest observée depuis la fin d'année 2020 est-elle liée à la circulation de mutants du SARS-Cov-2 plus contagieux ?

En effet, à l'instar des autres pays d'Afrique de l'Ouest, le Burkina Faso connait une accélération de l'épidémie depuis quelques semaines, avec un nombre de cas cumulés qui a franchi la barre de 9000. Le nombre de cas a été multiplié par trois en 2 mois environ. Cette augmentation du nombre de personnes atteintes est-elle seulement liée à des facteurs humains et/ou environnementaux, ou avons-nous à faire à de nouveaux variants circulant au Burkina Faso plus contagieux ? Pour répondre à cette question, une équipe de chercheurs Burkinabés a réalisé des travaux de séquençage de souches du virus collectées au Burkina Faso. Le séquençage permet d'analyser le génome du virus, en vue de déceler des mutations. Il nécessite une technique très pointue, utilisant des équipements onéreux et des ressources humaines hautement qualifiées.

Sous la direction du Professeur Abdoul-Salam OUEDRAOGO, l'équipe de chercheurs issue de l'Institut National de Santé Publique **(INSP)** et du Centre Hospitalier Sanou Souro **(CHU-SS)** de Bobo-Dioulasso, a bénéficié d'une collaboration avec une équipe de l'Institut allemand Robert Koch. Ce travail collaboratif a été réalisé dans le cadre du projet ANDEMIA (*Réseau Africain pour l'Amélioration du Diagnostic, Epidémiologie et Gestion des Agents Infectieux Courants*), financé par le gouvernant allemand.

Les travaux ont donc porté sur 86 souches de SARS-Cov-2, obtenues par prélèvement sur des personnes atteintes de COVID-19 de Mai à Novembre 2020. Le génome de ces souches a été entièrement séquencé. Trois principaux variants ont été identifiés : 19B, 20A et 20B.

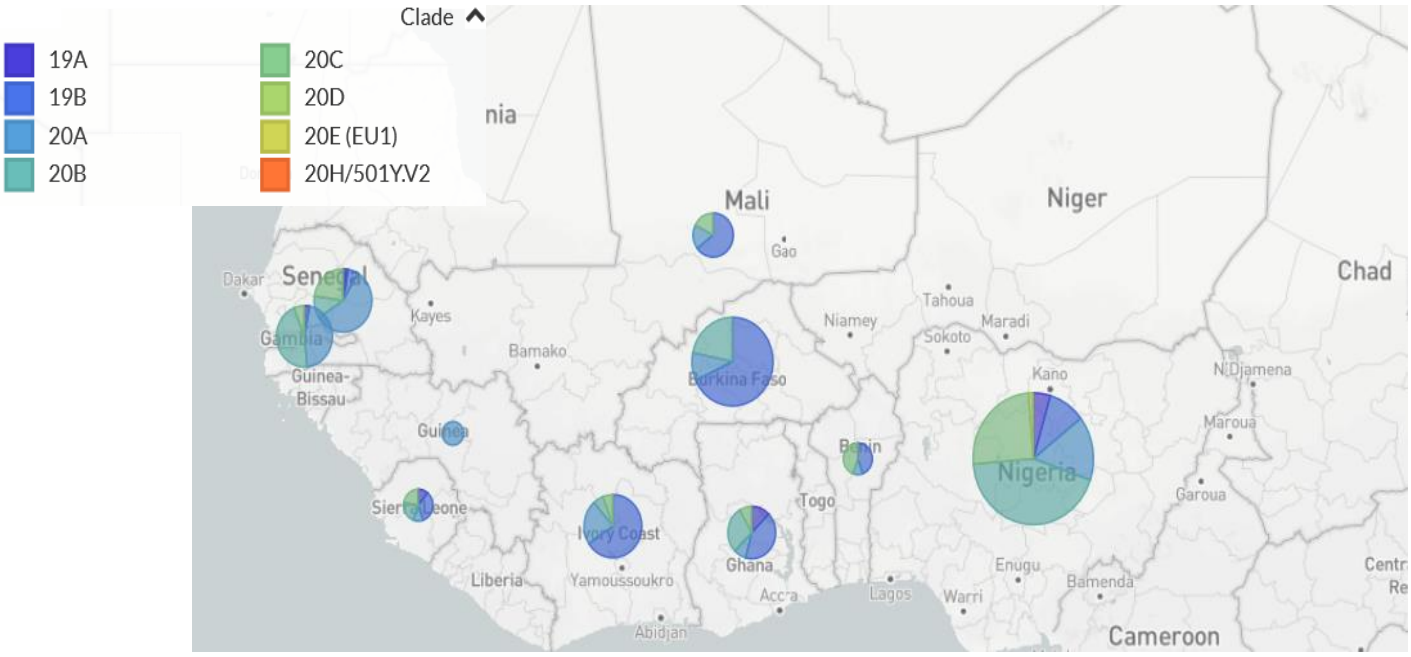
Que montrent ces résultats ?

Ces résultats montrent que les variants de coronavirus circulant au Burkina Faso durant la période étudiée sont similaires à celles présentes dans plusieurs autres pays de la région ouest africaine. Il ne semble cependant pas que les variants observés aient des propriétés significativement différentes du virus initial. Ces résultats soulignent l'importance de disposer de systèmes de surveillance de l'évolution génétique du coronavirus et l'intérêt d'une

surveillance systématique et continuelle, afin d'adapter les mesures de santé publique selon les résultats observés. Ces travaux montrent aussi la place que peut et doit occuper la recherche dans la réponse aux maladies émergentes, comme la pandémie à coronavirus.

Que faut-il faire ?

La collaboration fructueuse entre les équipes de chercheurs locales et internationales sera mise à profit dans les prochains mois pour maintenir une surveillance des souches virales circulant au Burkina Faso sous le leadership **de l'Institut National de Santé Publique (INSP).**
Pour la communauté scientifique et l'OMS, il est en effet capital de poursuivre de façon coordonnée la surveillance et la recherche pour déterminer l'impact des nouveaux variants sur la transmission, la gravité de la maladie, ainsi que tout impact potentiel sur l'efficacité des thérapeutiques, des outils diagnostiques (tests de dépistage) et les vaccins. Il est donc urgent d'encourager les chercheurs Burkinabè à apporter leurs contributions dans ce combat, et de mettre à leur disposition tous les moyens nécessaires pour le faire.



Distribution géographique des variants de SRAS COV-2 en Afrique de l'Ouest (www.gisaid.org)

Auteurs :
DG/INSP