

# NOTE TECHNIQUE UTILISATION DU CRIBLAGE PAR PCR POUR LE VARIANT OMICRON

Le 26 novembre 2021, suite aux conseils du Groupe consultatif technique sur l'évolution du virus SARS-CoV-2 (TAG-VE), l'OMS a désigné un nouveau variant préoccupant (VOC), nommé Omicron et correspondant à la lignée Pango B.1.1.529. Ce variant a été signalé pour la première fois par l'Afrique du Sud à partir d'un échantillon prélevé début novembre, mais des données récentes suggèrent qu'il pourrait avoir circulé en Europe avant cette date. Depuis cette première notification, Omicron a été détecté par différents pays situés dans quatre des six régions de l'OMS. Comme lors de l'identification du variant Alpha au Royaume-Uni, l'équipe du laboratoire en Afrique du Sud a détecté un nombre croissant d'échantillons avec un échec d'amplification de la cible du gène S en utilisant le Thermo Fisher TaqPath COVID-19 Combo Kit comme test de diagnostic. Le séquençage de ces échantillons a permis d'identifier le nouveau variant B.1.1.529 du SRAS-CoV-2, désormais appelé Omicron, qui présente plus de 30 mutations sur le gène S. La prévalence relative de chaque mutation dans les séquences d'Omicron n'est pas encore connue car les données de séquençage sont actuellement limitées.

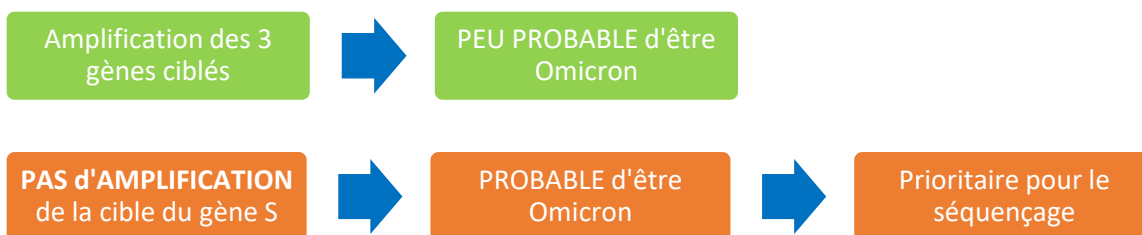
Cette note technique développée par l'OMS a pour but de fournir des informations aux États membres sur l'utilisation des tests PCR comme outil de criblage du variant Omicron. Le criblage par PCR peut guider la sélection d'échantillons à séquencer pour permettre l'identification définitive d'Omicron. Des tests de criblage par PCR spécifiques à ce variant sont rapidement produits par les fabricants.

Globalement, le VOC Delta a été identifié comme circulant largement dans les pays africains. **Dans un premier temps**, il est suggéré d'examiner les VOC identifiés au cours des 4 à 8 dernières semaines dans votre pays, si cette information est disponible, afin d'identifier le VOC prévalent en circulation. **Dans un deuxième temps**, identifiez les tests de diagnostic utilisés pour détecter le SRAS-CoV-2 et les réactifs de PCR de criblage des variants que vous possédez.

Le criblage de la présence probable du VOC Omicron peut être effectué en identifiant l'échec d'amplification de la cible du gène S (S Gene Target Failure - SGTF) ou en utilisant des tests qui ciblent des mutations spécifiques.

#### CRIBLAGE À PARTIR DE L'ÉCHEC D'AMPLIFICATION DE LA CIBLE DU GÈNE S (SGTF)

Si vous utilisez le Thermo Fisher TaqPath COVID-19 Combo Kit (test PCR avec 3 cibles) comme réactif de diagnostic, interprétez les résultats ci-dessous comme une indication qu'un échantillon pourrait être un variant Omicron.



**Merci de Noter :** **i)** pour pouvoir utiliser ce test, vous devez utiliser un thermocycleur ABI, par exemple ABI7500, QuantStudio 5 ou autre. De plus, ces machines doivent être calibrées pour les deux fluorophores qui sont la propriété de ThermoFisher; et **ii)** tous les virus Omicron ne présentent pas la mutation DEL69/70. Au 02/12/2021, 5% des séquences Omicron dans GISAID ne présentaient pas la mutation DEL69/70. Il est donc important de surveiller l'évolution épidémiologique de la délétion si elle est utilisée comme méthode de criblage.

#### CRIBLAGE PAR PCR POUR EXCLURE DELTA

Si Delta est/était le variant prédominant circulant dans votre pays, utilisez un test de criblage PCR (par exemple EscapePlex ou un test de mutation unique L452R) capable d'identifier le variant Delta.

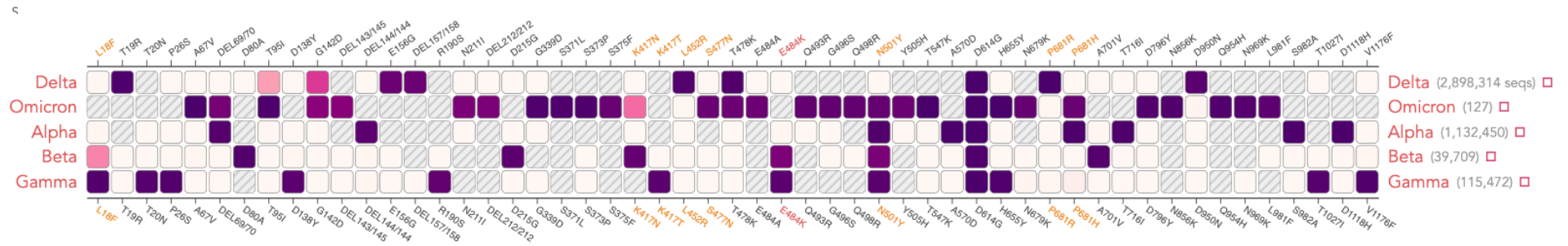
Analyser les résultats des tests en considérant les interprétations ci-dessous :

- Un résultat **POSITIF** identifiera le variant Delta
- Un résultat **NEGATIF** exclura Delta mais peut indiquer la présence d'Omicron ou d'une autre variant. Ce spécimen doit être **prioritaire pour le séquençage**.

Le séquençage ciblé du gène S par NGS ou séquençage Sanger, ou le séquençage du génome entier par NGS fournira une identification positive d'Omicron.

**Pour toute assistance technique, veuillez contacter l'équipe du laboratoire AFRO [afrgocovidlab@who.int](mailto:afrgocovidlab@who.int)**

## Mutations by lineage



\***Comparaison des lignées.** Alaa Abdel Latif, Julia L. Mullen, Manar Alkuzweny, Ginger Tsueng, Marco Cano, Emily Haag, Jerry Zhou, Mark Zeller, Emory Hufbauer, Nate Matteson, Chunlei Wu, Kristian G. Andersen, Andrew I. Su, Karthik Gangavarapu, Laura D. Hughes, and the Center for Viral Systems Biology. outbreak.info, (available at <https://outbreak.info/compare-lineages>). Consulté le 01 décembre 2021.