



Apport du NGS pour le diagnostic et la surveillance des maladies virales: expérience de laboratoire de Virologie Clinique-IPT

Sondes Haddad-Boubaker & Henda Triki

Laboratoire de Virologie Clinique - LR « Virus Vecteurs Hôtes »

Institut Pasteur de Tunis - Université Tunis El Manar

33eme congrès National de la Société Tunisienne de Pathologie Infectieuse, 9-11 Mai 2024

- **Phase 1:** Séquençage NGS et analyses bio-informatiques réalisées dans des laboratoires collaborateurs
 - Formation des cadres scientifiques et contribution à des travaux en santé publique
- **Phase 2:**
 - Préparation des échantillons et extraits
 - Préparation de librairies et séquençages (sous-traitance ou dans des laboratoires collaborateurs)
 - Analyses bio-informatiques et finalisation des travaux au LVC
- **Phase 3:** Séquençage et analyse bio-informatique réalisé en totalité au LVC

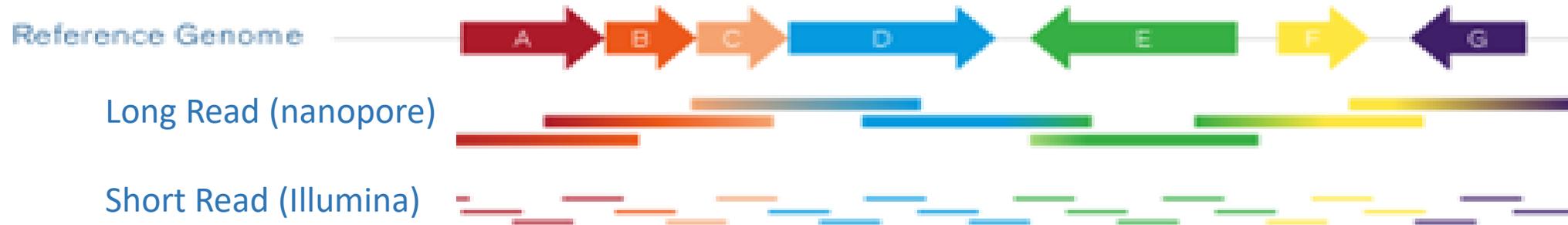


Plateforme Nanopore

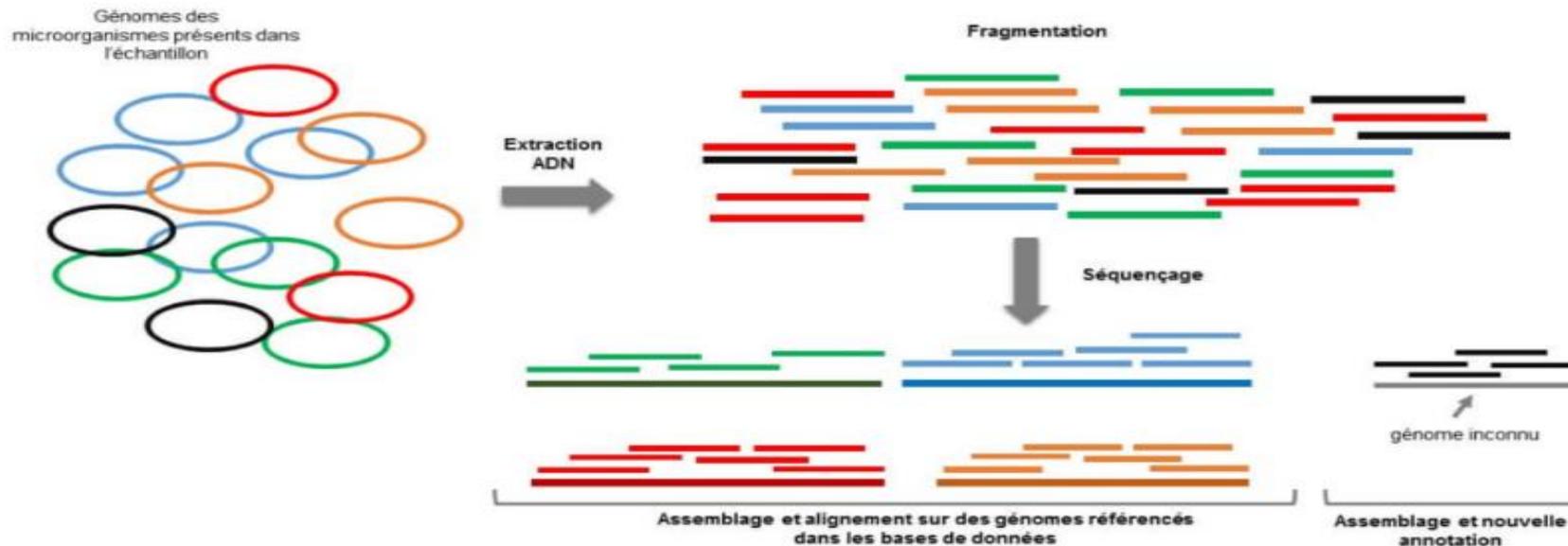


Plateforme Illumina

Approche spécifique pour séquençage du génome entier de virus



Approche métagénomique



Contribution du NGS dans l'identification de nouveaux virus et variants viraux

Recherche de nouveaux virus par approche métagénomique dans les prélèvements de selles entérovirus-négatifs de patients atteints de paralysie flasque aiguë

JOURNAL OF VIROLOGY, Nov. 2009, p. 12002–12006
0022-538X/09/\$12.00 doi:10.1128/JVI.01241-09
Copyright © 2009, American Society for Microbiology. All Rights Reserved.

Vol. 83, No. 22

A Novel Picornavirus Associated with Gastroenteritis^{∇†}

Linlin Li,^{1,2} Joseph Victoria,^{1,2} Amit Kapoor,^{1,2} Olga Blinkova,^{1,2} Chunlin Wang,³ Farbod Babrzadeh,³
Carl J. Mason,⁴ Prativa Pandey,⁵ Hinda Triki,⁶ Olfa Bahri,⁶ Bamidele Soji Oderinde,⁷
Marycelin Mandu Baba,⁷ David Nadeba Bukbuk,⁷ John M. Besser,⁸
Joanne M. Bartkus,⁸ and Eric L. Delwart^{1,2*}

JID 2010:201 (1 June) • 1633

Human Bocaviruses Are Highly Diverse, Dispersed, Recombination Prone, and Prevalent in Enteric Infections

Amit Kapoor,^{1,2} Peter Simmonds,³ Elizabeth Slikas,^{1,2} Linlin Li,^{1,2} Ladaporn Bodhidatta,⁴ Orntipa Sethabutr,⁴
Henda Triki,⁵ Olfa Bahri,⁵ Bamidele S. Oderinde,⁶ Marycelin M. Baba,⁶ David N. Bukbuk,⁷ John Besser,⁷
Joanne Bartkus,⁷ and Eric Delwart^{1,2}

JOURNAL OF VIROLOGY, Feb. 2010, p. 1674–1682
0022-538X/10/\$12.00 doi:10.1128/JVI.02109-09
Copyright © 2010, American Society for Microbiology. All Rights Reserved.

Multiple Diverse Circoviruses Infect Farm Animals and Are Commonly Found in Human and Chimpanzee Feces^{∇†}

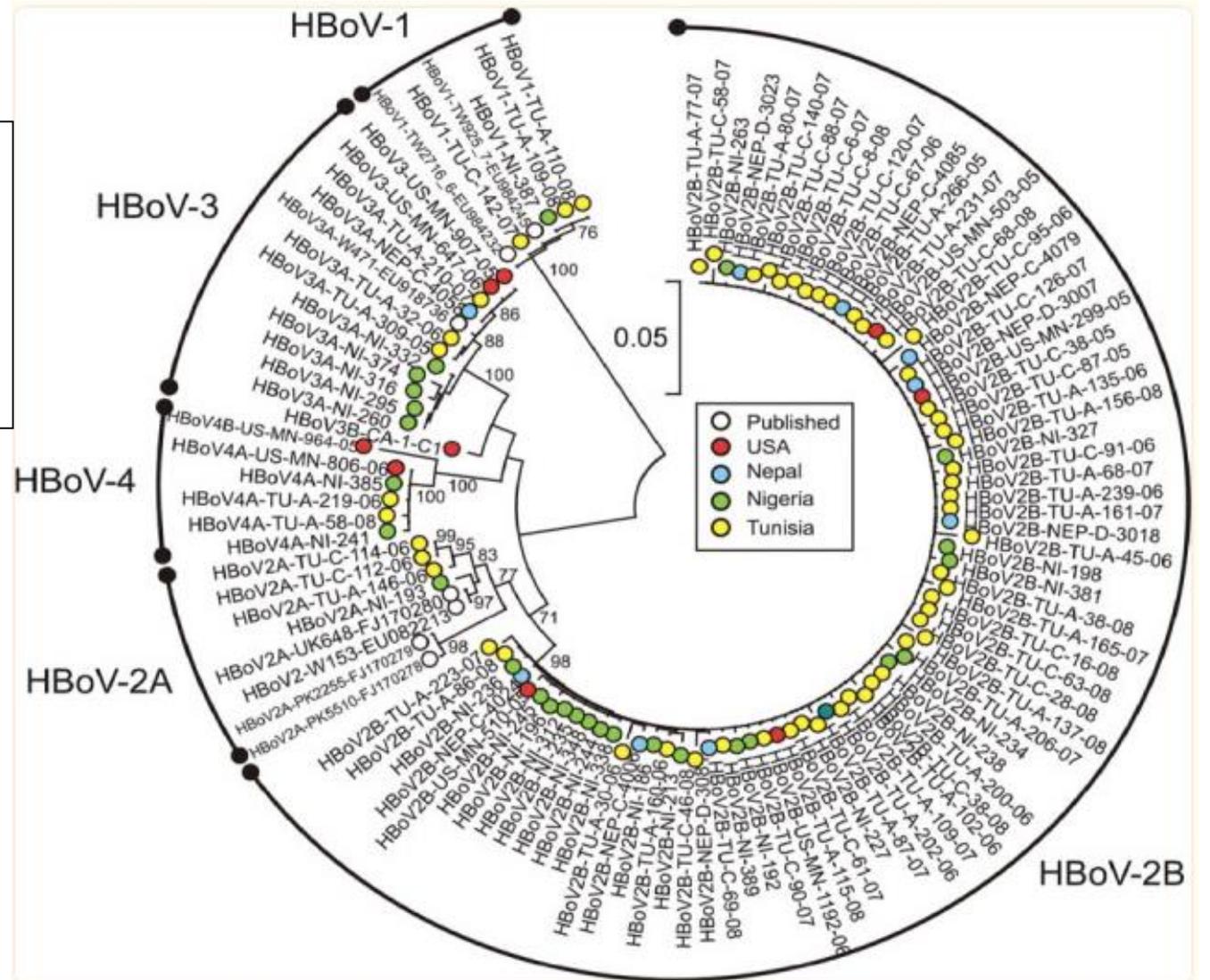
Linlin Li,^{1,2} Amit Kapoor,^{1,2} Beth Slikas,^{1,2} Oderinde Soji Bamidele,³ Chunlin Wang,^{4,5} Shahzad Shaukat,⁶
Muhammad Alam Masroor,⁶ Michael L. Wilson,^{7,8} Jean-Bosco N. Ndjango,⁹
Martine Peeters,¹⁰ Nicole D. Gross-Camp,¹¹ Martin N. Muller,¹²
Beatrice H. Hahn,¹³ Nathan D. Wolfe,^{14,15} Hinda Triki,¹⁶
Joanne Bartkus,¹⁷ Sohail Zahoor Zaidi,⁶ and Eric Delwart^{1,2*}

Grande diversité Génétique des Bocavirus

JID 2010;201 (1 June) • 1633

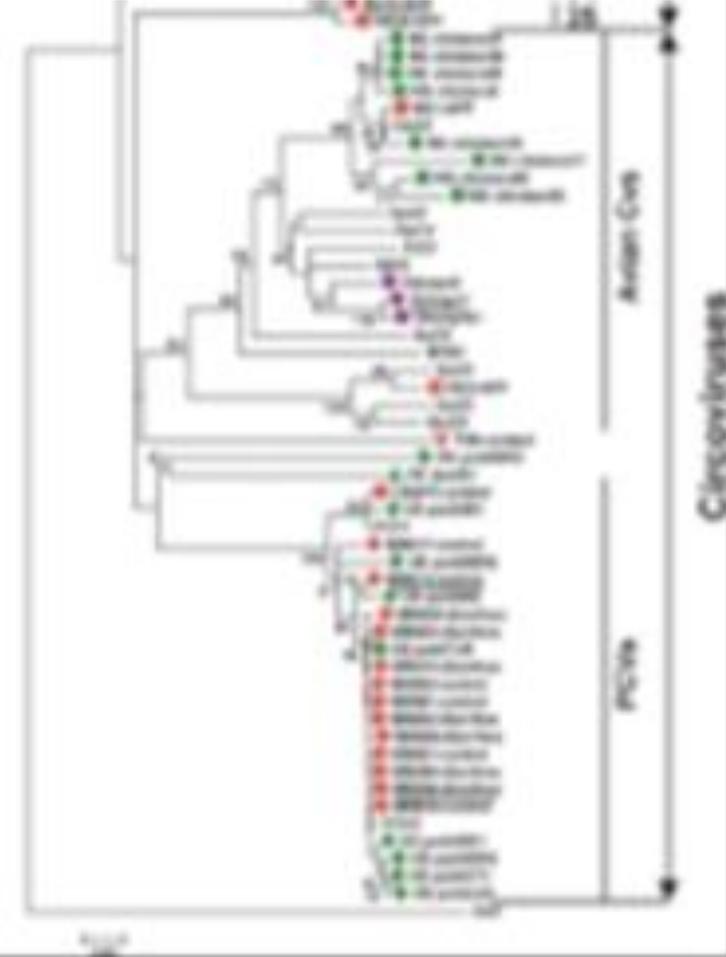
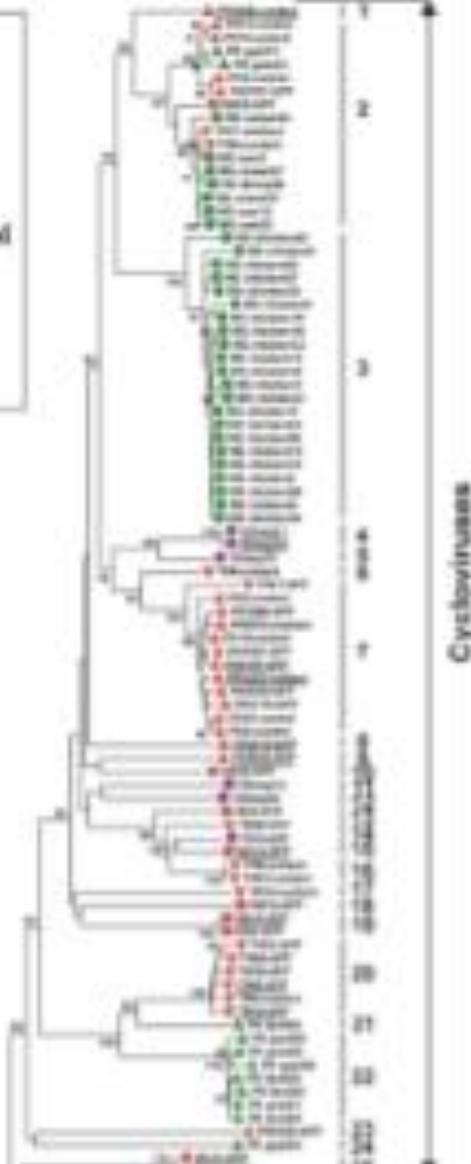
Human Bocaviruses Are Highly Diverse, Dispersed, Recombination Prone, and Prevalent in Enteric Infections

Amit Kapoor,^{1,2} Peter Simmonds,³ Elizabeth Slikas,^{1,2} Linlin Li,^{1,2} Ladaporn Bodhidatta,⁴ Orntipa Sethabutr,⁴ Henda Triki,⁵ Olfa Bahri,⁵ Bamidele S. Oderinde,⁶ Marycelin M. Baba,⁴ David N. Bukbuk,⁷ John Besser,⁷ Joanne Bartkus,⁷ and Eric Delwart^{1,2}



Grande diversité Génétique des Cyclo et Circovirus

- ▲ PK stool
- NG stool
- ◆ US stool
- ▼ TN stool
- Chimp stool
- ▲ PK meat
- NG meat
- ◆ US pork



JOURNAL OF VIROLOGY, Feb. 2010, p. 1674–1682
 0022-538X/10/\$12.00 doi:10.1128/JVI.02109-09
 Copyright © 2010, American Society for Microbiology. All Rights Reserved. Vol. 84, No. 4

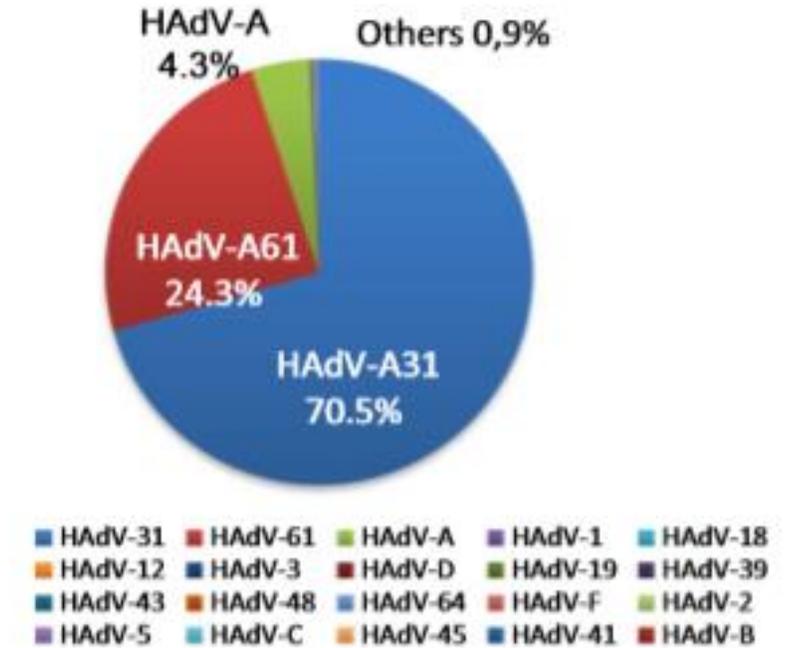
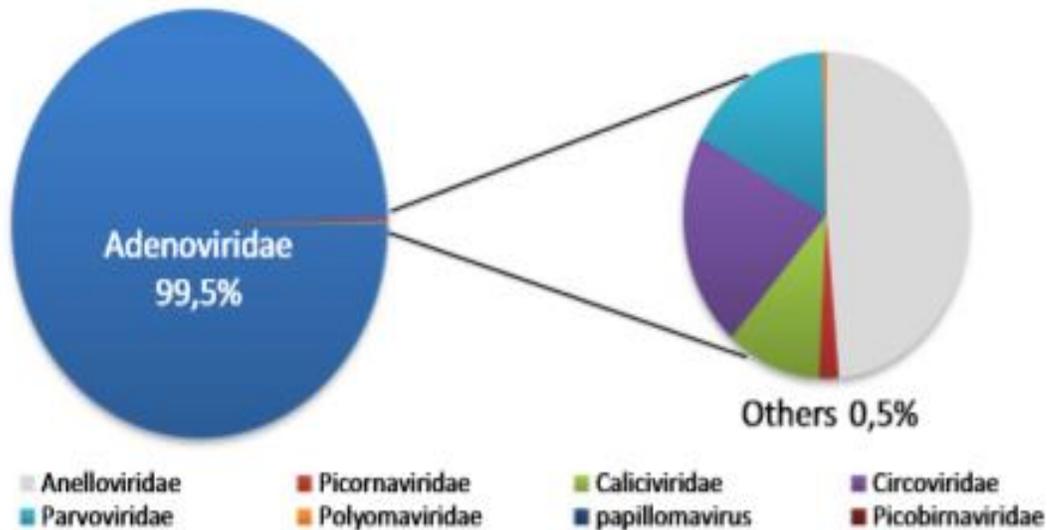
Multiple Diverse Circoviruses Infect Farm Animals and Are Commonly Found in Human and Chimpanzee Feces^{V†}

Linlin Li,^{1,2} Amit Kapoor,^{1,2} Beth Slikas,^{1,2} Oderinde Soji Bamidele,³ Chunlin Wang,^{4,5} Shahzad Shaukat,⁶ Muhammad Alam Masroor,⁶ Michael L. Wilson,^{7,8} Jean-Bosco N. Ndjango,⁹ Martine Peeters,¹⁰ Nicole D. Gross-Camp,¹¹ Martin N. Muller,¹² Beatrice H. Hahn,¹³ Nathan D. Wolfe,^{14,15} Hinda Triki,¹⁶ Joanne Bartkus,¹⁷ Sohail Zahoor Zaidi,⁶ and Eric Delwart^{1,2*}



Metagenomic analysis identifies human adenovirus 31 in children with acute flaccid paralysis in Tunisia

Sondes Haddad-Boubaker^{1,2} · Marie-Line Joffret^{3,4} · Philippe Pérot⁵ · Mael Bessaud^{3,4} · Zina Meddeb^{1,2} · Hinda Touzi^{1,2} · François Delpéroux^{3,4} · Henda Triki^{1,2} · Marc Eloit^{5,6}



HAdV –A31:

- Retrouvé dans 17% des Ppts de cas de PFA entérovirus négatifs
- Auparavant rapporté surtout chez des patients immunodéprimés après greffe de moelle ou de foie
- Rarement rapporté chez des patients avec troubles neurologiques



Table 1 - Confirmed HCV genotypes/subtypes



Book: [Study Group Information](#)

- ▼ Flaviviridae: Hepacivirus C Classification
 - > Hepacivirus C Files
 - > [Table 1 - Confirmed HCV genotypes/subtypes](#)
 - > Table 2 - Unassigned complete coding region sequences
 - > Table 3 - Remaining provisionally assigned HCV subtypes

Table 1 - Confirmed HCV genotypes/subtypes (March 2022)

CONFIRMED HCV GENOTYPES/SUBTYPES

Genotype ¹	Locus/Isolate(s) ²	Accession number(s)	Reference(s)
2m	QC178, BID-G1314	JF735111, JX227967	(Li <i>et al.</i> , 2012; Newman <i>et al.</i> , 2013)
2q	963, 852	FN666428, FN666429	(Martró <i>et al.</i> , 2011)
2r	QC283	JF735115	(Li <i>et al.</i> , 2012)
2t	MRS40	KC197238	(Jordier <i>et al.</i> , 2013)
2u	QC182	JF735112	(Li <i>et al.</i> , 2012)
2v	495-05	MW041295	(Rajhi <i>et al.</i> , 2021)

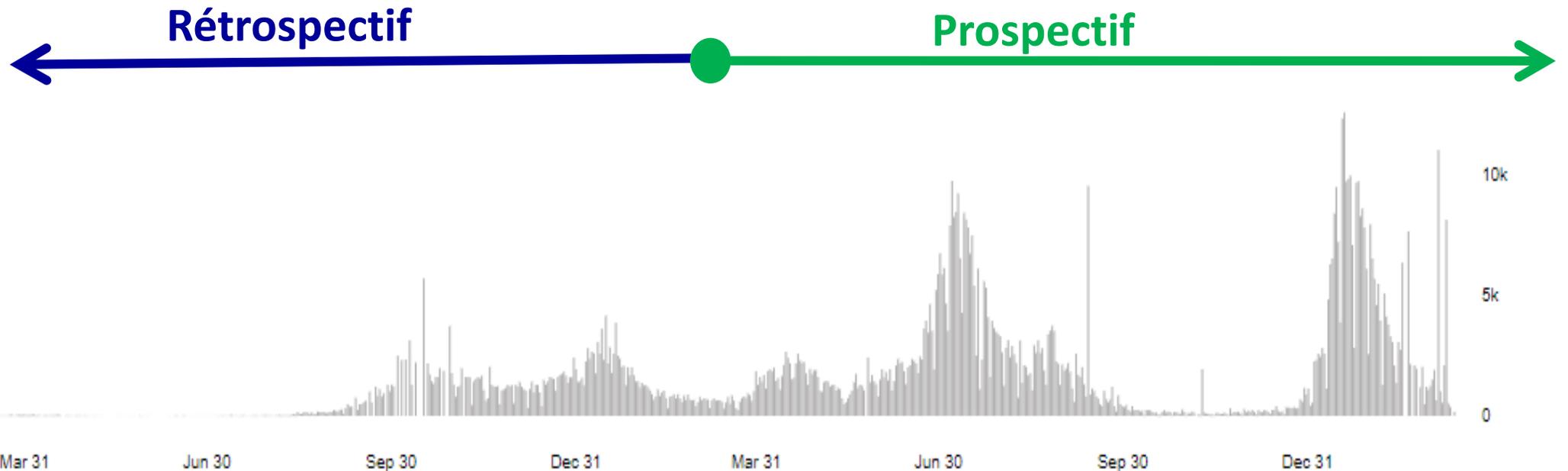
Genotype 3

3a	HPCEGS, HPCK3A	D17763, D28917	(Sakamoto <i>et al.</i> , 1994; Yamada <i>et al.</i> , 1994)
----	----------------	----------------	--

Contribution du NGS dans la surveillance
moléculaire du SARS-Cov2 au cours de la
pandémie COVID-19

Recherche des variants du SARS-CoV2 LVC- IPT

- Introduit en Février 2021



- Séquençage partiel (Sanger)



AMERICAN SOCIETY FOR MICROBIOLOGY

RESEARCH ARTICLE

Check for updates

Sequencing Using a Two-Step Strategy Reveals High Genetic Diversity in the S Gene of SARS-CoV-2 after a High-Transmission Period in Tunis, Tunisia

Wasfi Fares,^a Kais Ghedira,^b Mariem Gdoura,^{a,d} Anissa Chouikha,^a Sondes Haddad-Boubaker,^a Marwa Khedhiri,^a Kaouthar Ayouni,^a Asma Lamari,^a Henda Touzi,^a Walid Hammemi,^a Zina Medeb,^a Amel Sadraoui,^a Nahed Hogga,^a Nissaf ben Alaya,^{c,e} Henda Triki^{a,e}

Protocole initial:

Amplification/Séquençage d'un fragment de 618 nucléotides dans le gène S

Depuis juillet 2021:

Fragment un peu élargi pour une meilleure détection du Delta et de ses sous-variants

- Fait sur 876 prélèvements
- Il a permis la détection des premiers cas de variants Alpha, Delta et Omicron introduits en Tunisie et de donner l'alerte aux autorités sanitaire

- Séquençage génome complet (NGS)

- Fait sur 2256 prélèvements
- 1871 séquences génome complet publiées dans GISAID

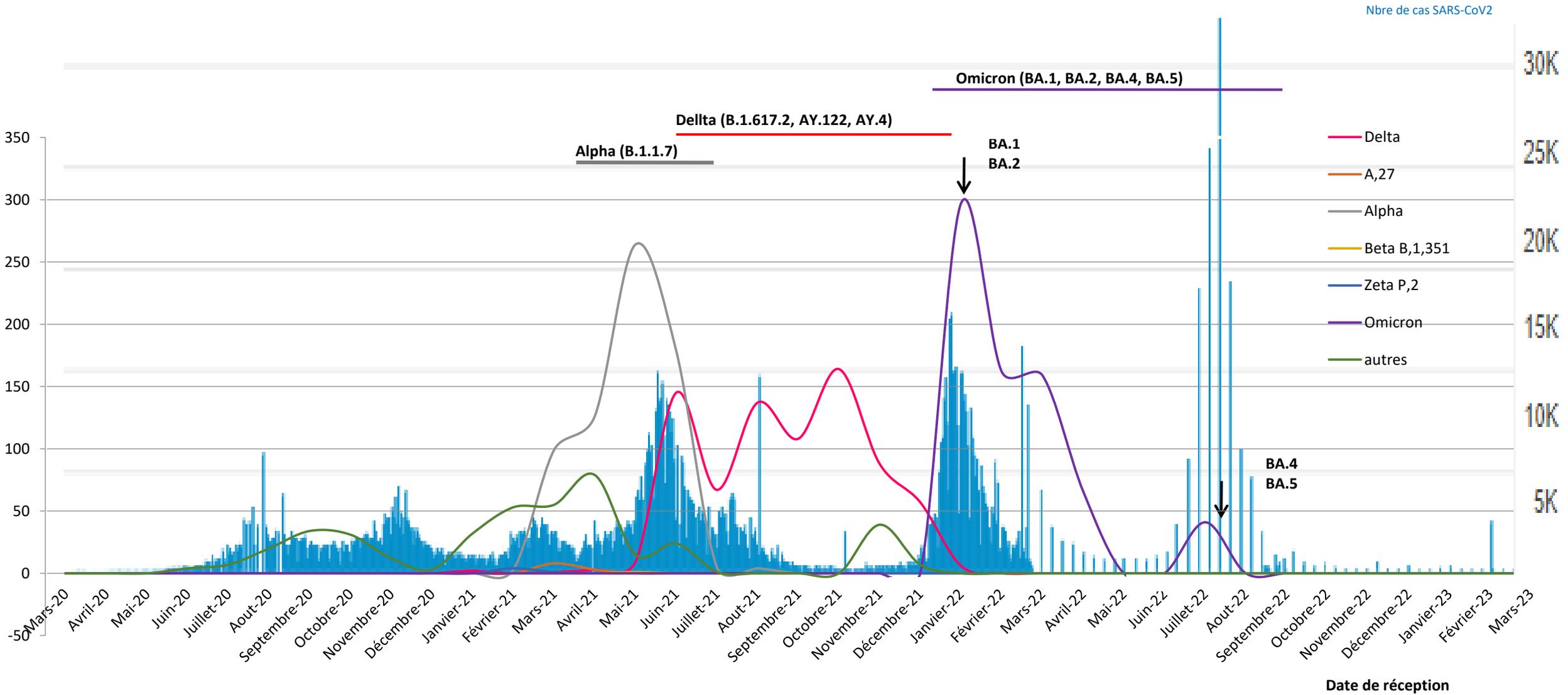
Séquenceurs de 2ème et 3eme générations





Plate-forme de séquençage





Repartition des variants SARS-CoV-2 recensés
 [Mars 2020- Mars 2023]

Article

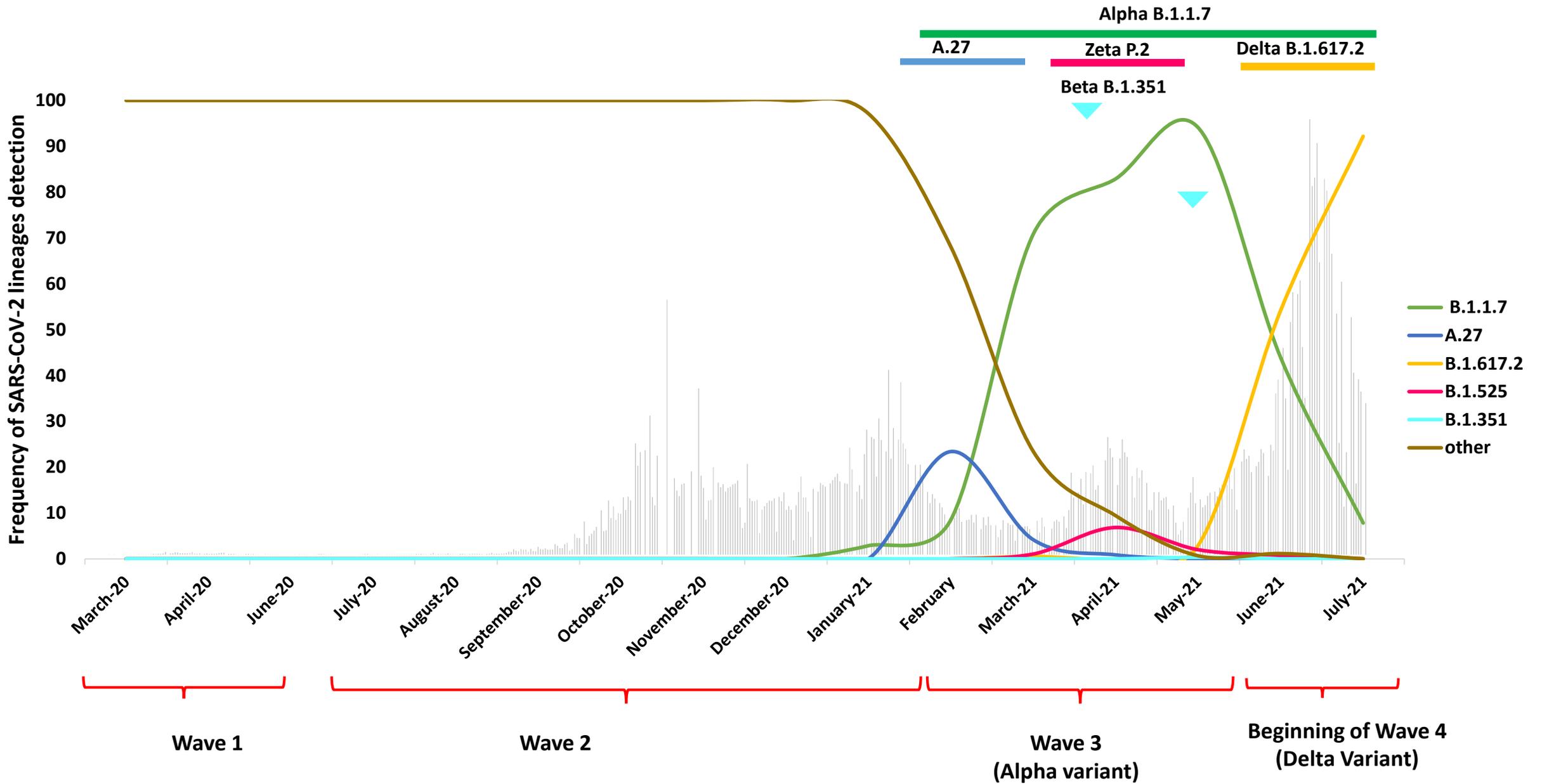
Molecular Epidemiology of SARS-CoV-2 in Tunisia (North Africa) through Several Successive Waves of COVID-19

Anissa Chouikha ^{1,2,3,*} , Wasfi Fares ^{1,2,3} , Asma Laamari ¹, Sondes Haddad-Boubaker ^{1,2,3}, Zeineb Belaiba ^{1,2,3}, Kais Ghedira ⁴, Wafa Kammoun Rebai ⁵, Kaouther Ayouni ^{1,2,3} , Marwa Khedhiri ^{1,2,3} , Samar Ben Halima ², Henda Krichen ², Henda Touzi ^{1,2,3}, Imen Ben Dhifallah ^{1,2,3}, Fatma Z. Guerfali ⁶, Chiraz Atri ⁶, Saifeddine Azouz ⁷, Oussema Khamessi ⁸ , Monia Ardhaoui ^{3,9}, Mouna Safer ¹⁰, Nissaf Ben Alaya ¹⁰, Ikram Guizani ^{3,9} , Rym Kefi ⁵, Mariem Gdoura ^{1,2,3}  and Henda Triki ^{1,2,3}

L'article décrit l'épidémiologie moléculaire du SARS-CoV2 en Tunisie:
De Mars 2020 au 31 Juillet 2021 (jusqu'à la vague DELTA)
Sur 1359 prélèvements positifs représentatifs de tous les gouvernorats

Table 1. Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) lineage distribution in Tunisia from March 2020 to July 2021 according to month of sample collection. Variants of concern (VOCs) and variants of interest (VOIs) are shown in red and in blue, respectively.

WHO	GISAID Clade	Nextstrain Clade	Methodolgy	Pango Lineage	Wave 1				Wave 2				Wave 3			Beginning of Wave 4			Total		
					Mar-20	Apr-20	Jun-20	Jul-20	Aug-20	Sep-20	Oct-20	Nov-20	Dec-20	Jan-21	Feb-21	Mar-21	Apr-21	May-21		Jun-21	Jul-21
			WGS	B.1.153	1	1															2
			WGS	B.1.1 *	1	4			5	6	1	5		2	1					1	26
		20A	WGS	B.1.36.10	1																1
			WGS	B.1 *	12	9	2	1	7	4	4	13	1	12	5	7	8			7	92
			WGS	B.1.520		1															1
		19A	WGS	B.4		3															3
		20A	WGS	B.1.36			1														1
		20A	WGS	B.1.398			1														1
		20A	WGS	B.1.214			2														2
		20B	WGS	B.1.1.50				6				1									7
		20C	WGS	B.1.597					1		1										2
		20D	WGS	B.1.1.1					1			1									2
		20A	WGS	B.1.22					2	1	2										5
		20C	WGS	B.1.428.2					2	2	6	3	2		1						16
		20B	WGS	B.1.1.25					2												2
		20B	WGS	B.1.1.198						1	2	1									6
		20B	WGS	B.1.1.189						1	3										4
			WGS	B.1.1.354						1											1
		20E	WGS	B.1.177					2	7	6	2	6	4	7	4					38
		20A	WGS	B.1.160						3	15	15	3	11	13	26	1	1			88
			WGS	B.1.111							1				1						2
		20A	WGS	B.1.389							1										1
			WGS	B.1.575								1							2	1	4
		20A	WGS	B.1.473								1									1
		20C	WGS	B.1.595								1									1
			WGS	B.1.623								1									1
		20A	WGS	B.1.236									1			1					2
			WGS	B.1.535									1								1
		20A	WGS	B.1.533										1	1						2
Alpha	GRY	20I	WGS	B.1.1.7										1	1	25	79	11	6	1	2
			PS/qRT-PCR											1	3	113	79	277	112	5	713
		20A	WGS	B.1.416										1						1	2
			WGS	B *										1							1
		20A	WGS	B.1.243											1						1
Zeta		20B	WGS	P.2											4	1					5
		19B	WGS	A.27											8	6	3				23
			PS												3	2	1				
		19B	WGS	A.23.1												1	1				2
			WGS	B.1.415.1												1					1
Eta	G/484K.V3	21D	WGS	B.1.525											2	6	1	1			20
			PS													3	5	2			
		20A	WGS	B.1.160.14												2					2



Delta et sous-variants en Tunisie

Détecté pour la première fois en Mai 2021 par séquençage partiel

 Check for updates

OPEN ACCESS

EDITED BY
Sanjay Kumar,
Armed Forces Medical College,
Pune, India

REVIEWED BY
Sanjeet Kumar,
Max Planck Institute for the Science of
Human History (MPI-SHH), Germany
Kanika Bansal,
Institute of Microbial Technology
(CSIR), India
Nicola Decaro,
University of Bari Aldo Moro, Italy

*CORRESPONDENCE
Sondes Haddad-Boubaker
✉ Sondeshaddadboubaker@gmail.com

[†]These authors have contributed equally to this work

SPECIALTY SECTION
This article was submitted to
Infectious Diseases - Surveillance,
Prevention and Treatment,
a section of the journal
Frontiers in Public Health

RECEIVED 10 July 2022
ACCEPTED 09 December 2022
PUBLISHED 04 January 2023

CITATION

The Delta variant wave in Tunisia: Genetic diversity, spatio-temporal distribution and evidence of the spread of a divergent AY.122 sub-lineage

Sondes Haddad-Boubaker^{1,2,3*}, Marwa Arbi^{1,4†},
Oussema Souiai^{4†}, Anissa Chouikha^{1,2,3}, Wasfi Fares^{1,2,3},
Kate Edington⁵, Sam Sims⁵, Cesare Camma⁶, Alessio Lorusso⁶,
Moussa Moïse Diagne⁷, Amadou Diallo⁷,
Ilhem Boutiba Ben Boubaker^{8,9}, Sana Ferjani^{8,9},
Maha Mastouri^{10,11}, Salma Mhalla^{10,11}, Hela Karray¹²,
Saba Gargouri¹², Olfa Bahri¹³, Abdelhalim Trabelsi¹⁴,
Ouafa Kallala¹⁴, Naila Hannachi¹⁵, Yassine Chaabouni^{16,17},
Hanan Smaoui^{17,18,19}, Khaoula Meftah^{17,18,19},
Sophia Besbes Bouhalila²⁰, Soumaya Foughali²¹,
Mariem Zribi²², Asma Lamari^{1,2}, Henda Touzi^{1,2,3}, Mouna Safer²³,
Nissaf Ben Alaya^{17,23}, Alia Ben Kahla⁴, Mariem Gdoura^{1,2,3,24} and
Henda Triki^{1,2,3,17}

Delta et sous-variants en Tunisie

662 Delta identifiés au LVC-IPT (Mai-Décembre 2021)

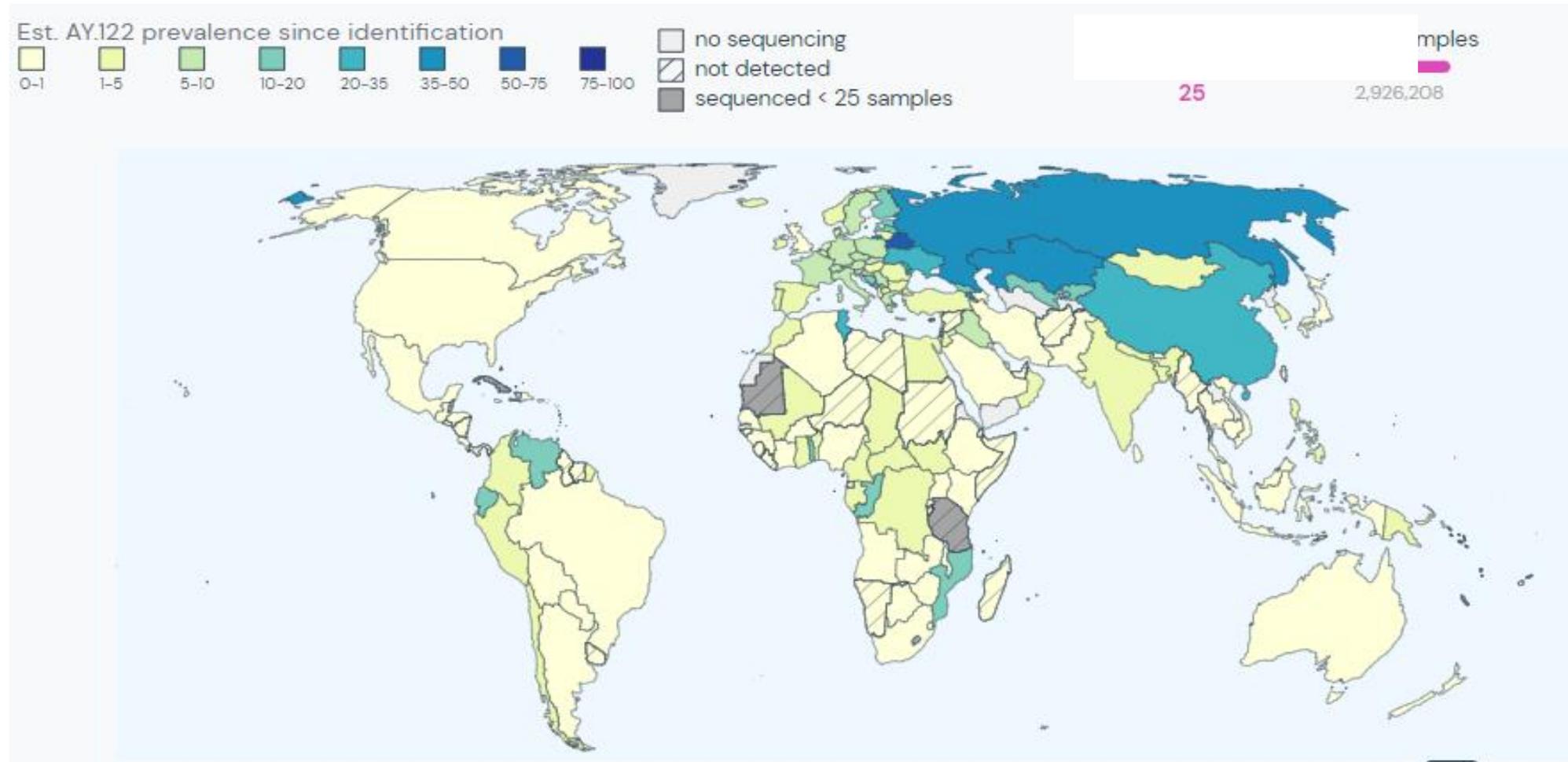
484 Génome complet
468 avec couverture du
génomme >85%

178 séquençage partiel dans le gène S

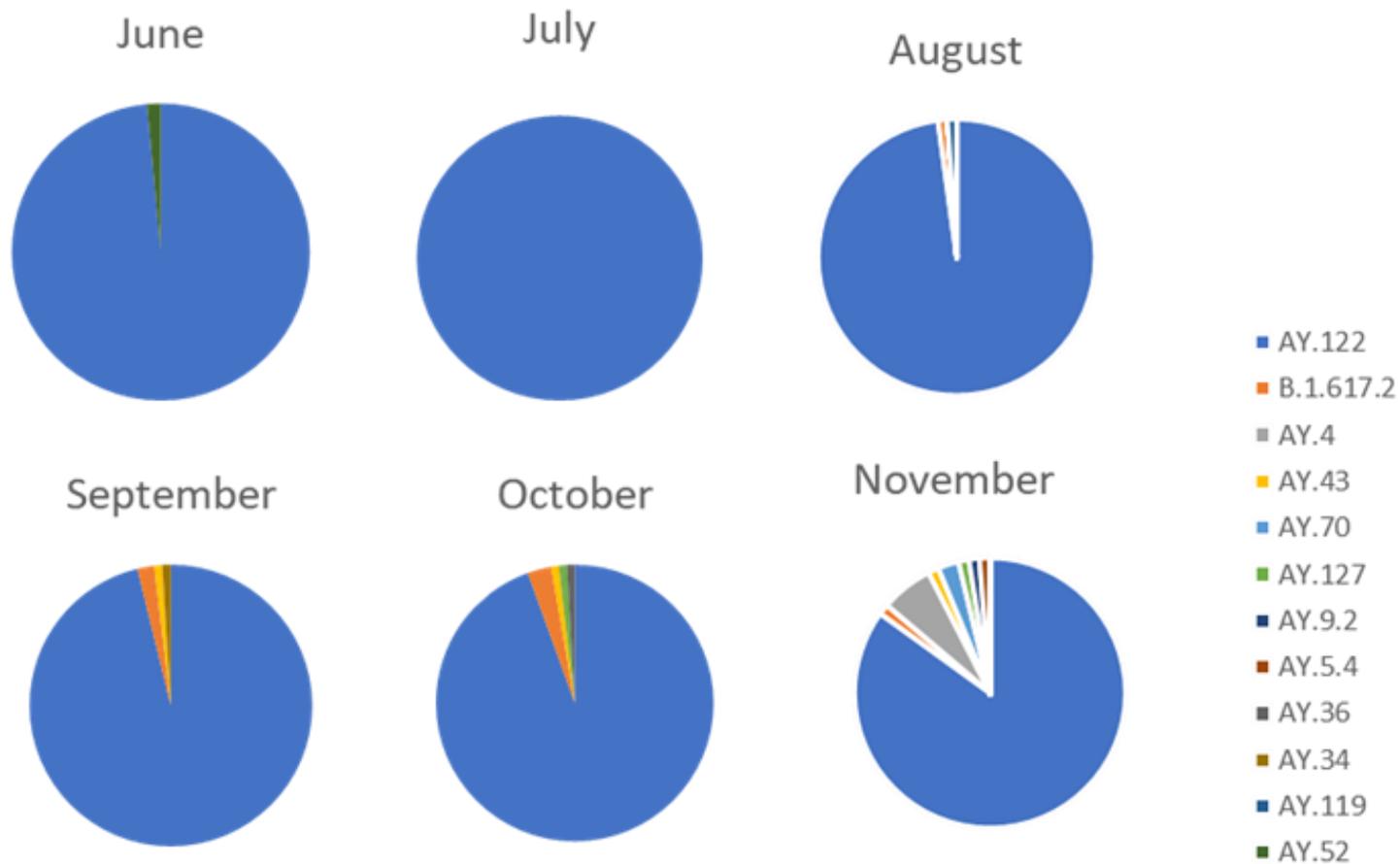
AY122



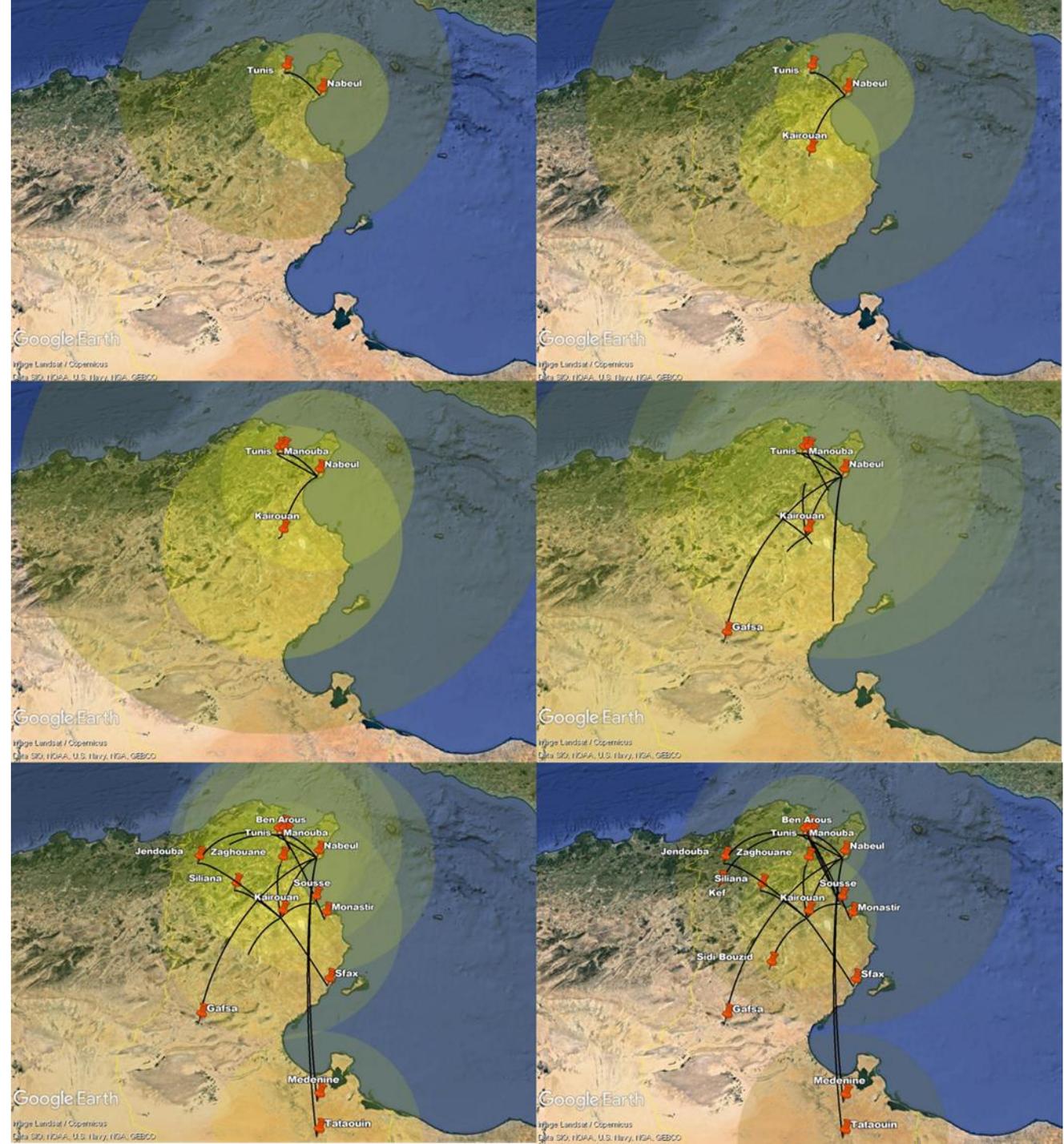
Distribution géographique du sous-variant AY.122 dans le monde



Distribution temporo-spatiale des sous-variants Delta en Tunisie



Approche Bayésienne pour l'étude de l'histoire génétique et la diffusion du variant DELTA en Tunisie



Omicron et sous-variants en Tunisie

- Détecté pour la 1^{ère} fois le 2 décembre 2021
 - par séquençage partiel
 - chez un voyageur arrivé d'Afrique sub-Saharienne
- Propagation très rapide à travers le pays
- Actuellement le principal variant détecté

Omicron et sous-variants en Tunisie

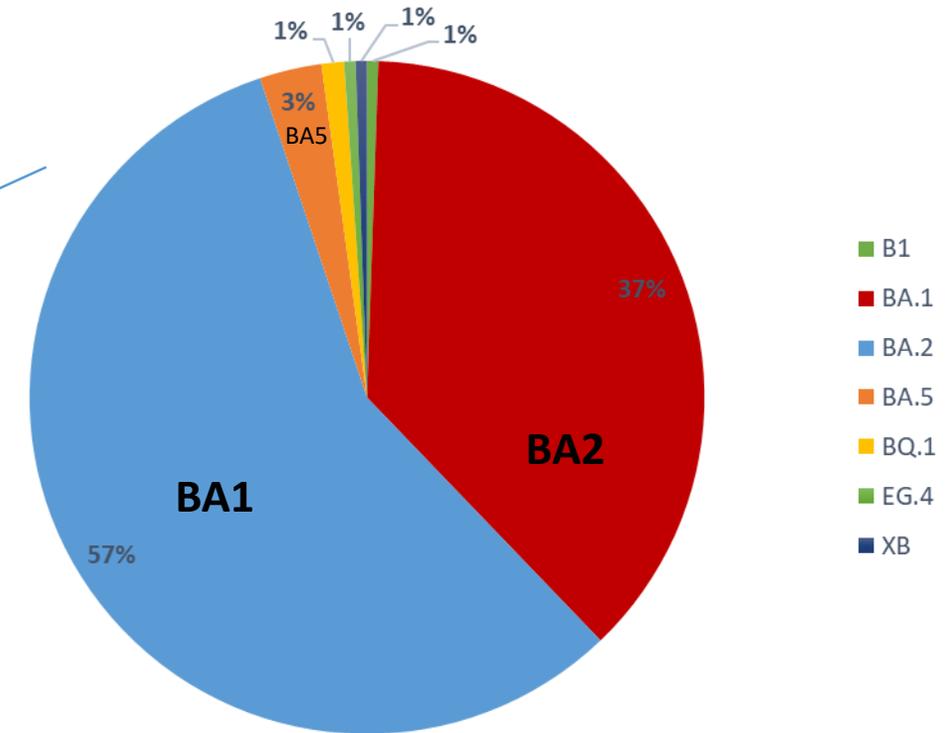
873 Omicron identifiés au LVC-IPT

(Dec 2021- May 2024)

616 génome complet

257 séquençage partiel dans le gène S

Distribution des sous variants





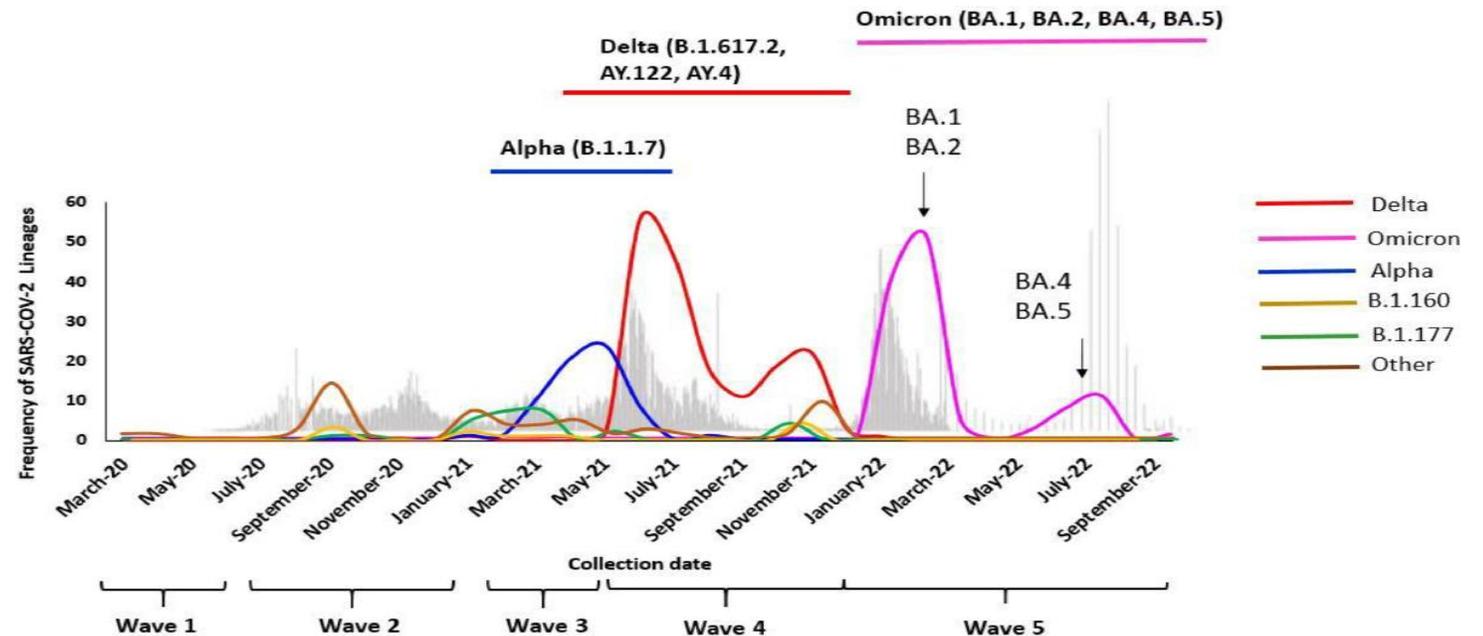
Dynamic of SARS-CoV-2 variants circulation in Tunisian pediatric population, during successive waves, from March 2020 to September 2022

Haifa Khemiri ^{a,b,*}, Iolanda Mangone ^c, Mariem Gdoura ^{a,b}, Khawla Mefteh ^d,
 Anissa Chouikha ^{a,b}, Wasfi Fares ^{a,b}, Alessio Lorusso ^c, Massimo Ancora ^c, Adriano Di Pasquale ^c,
 Cesare Cammà ^c, Samar Ben Halima ^{a,b}, Henda Krichen ^{a,b}, Hanen Smaoui ^d,
 Ilhem Boutiba Ben Boubaker ^{e,f}, Olfa Bahri ^g, Henda Touzi ^{a,b}, Amel Sadraoui ^{a,b},
 Zina Meddeb ^{a,b}, Nahed Hogga ^{a,b}, Mouna Safer ^h, Nissaf Ben Alaya ^{f,h}, Henda Triki ^{a,b,f},
 Sondes Haddad-Boubaker ^{a,b,*}

L'étude porte sur 447 sequences completes
 (dont 369 générées au LVC)

Individus âgés entre 13j et 18 , cas sévères à
 asymptomatiques

Prélevés entre Mars 2020- September 2022



Apport du NGS dans la surveillance moléculaire des Poliovirus: cas des souches nOPV2

Etat actuel de la surveillance des poliovirus dans le monde:

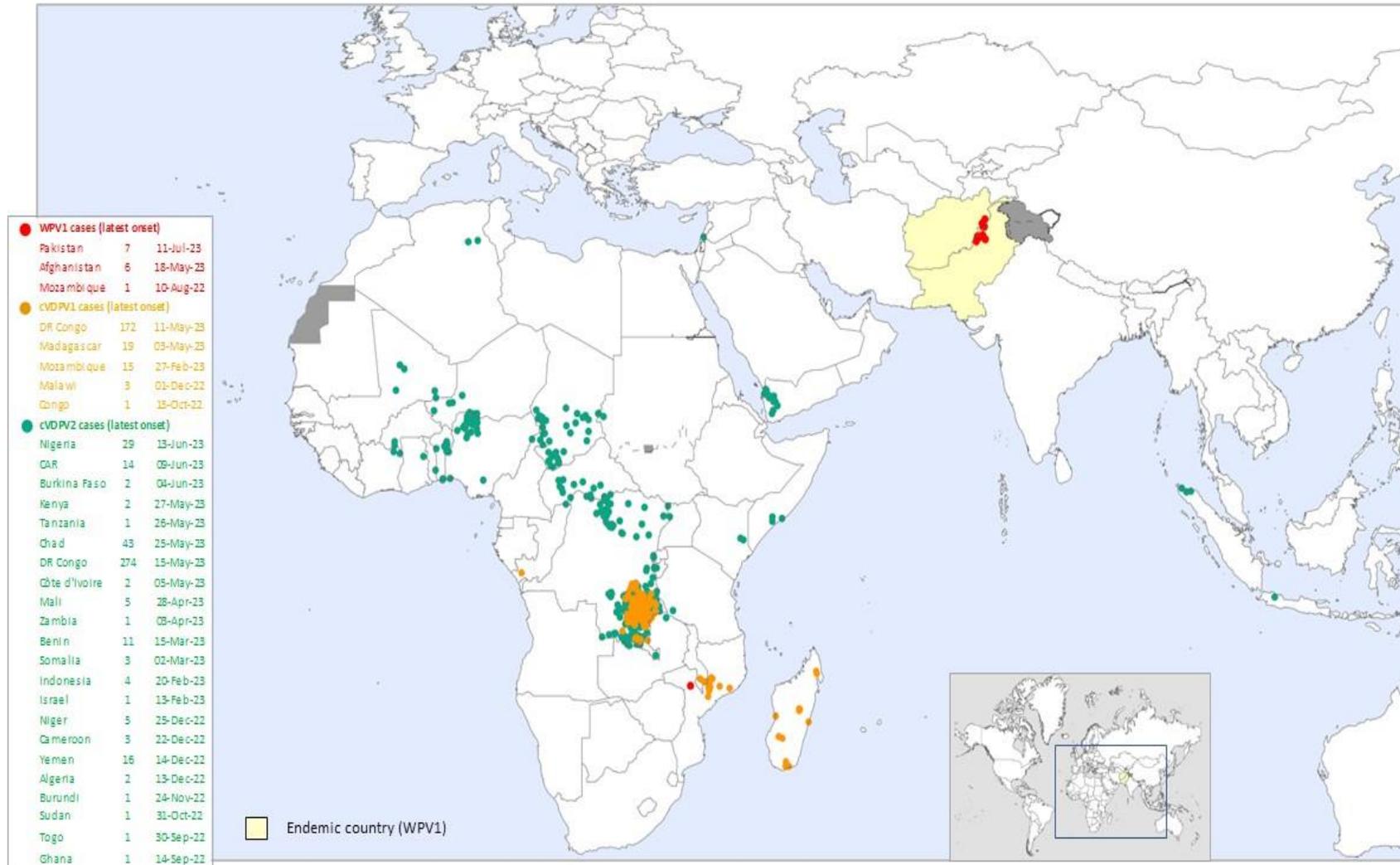
- Le programme est actuellement dans ses phases finales:



- Plus que deux pays endémiques pour Polio1 sauvage: **Pakistan et Afghanistan** mais avec quelques **exportations** vers des pays indemnes

Problèmes actuels essentiellement liés au souches dérivées de souches vaccinales notamment de type 2 (cVDPV2)

Global WPV1 & cVDPV Cases¹, Previous 12 Months²



¹Excludes viruses detected from environmental surveillance; ²Onset of paralysis: 09 Aug. 2022 to 08 Aug. 2023

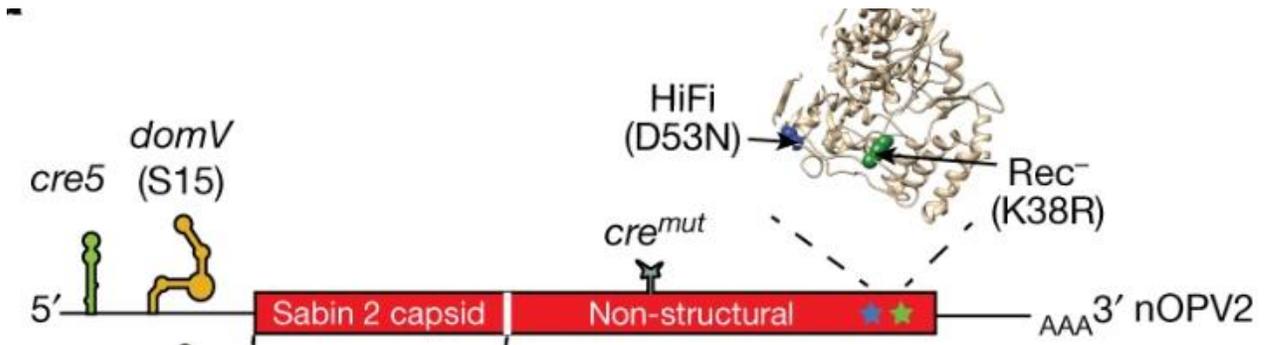
A causes des problèmes liés au souches cVDPV2

→ Composante Polio2 retirée du vaccin poliomyélitique oral depuis 2016

→ Utilisation depuis peu d'un nouveau vaccin de type 2 (nOPV2) en cas d'épidémie à un cVDPV2



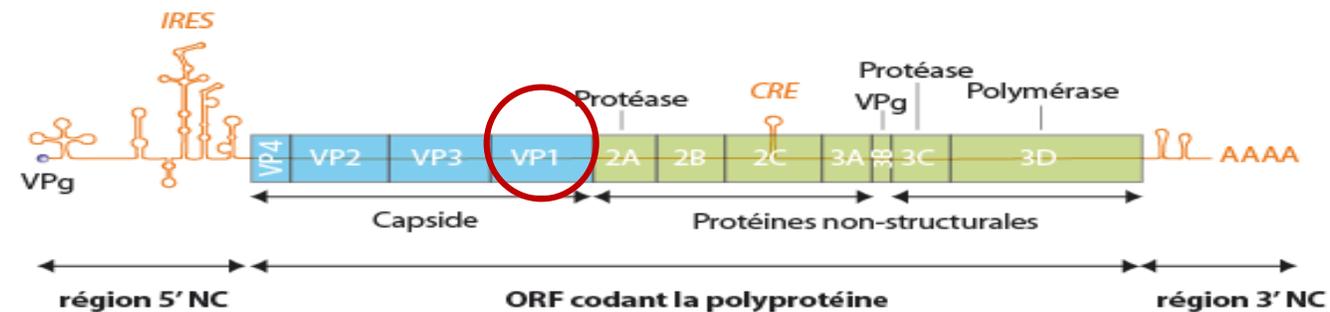
Souche vivante
atténuée **plus stable**
que le OPV2



- Stabilization du domaine V
- Relocalisation du *cis*-acting replication element (*cre*) au niveau de la 5'UTR (contrefaire l'effet de la recombinaison)
- inactivation du cre classique
- Amélioration de la fidélité de la 3D

Caractérisation génétique des poliovirus

- Obligatoire pour tous les isolat de poliovirus obtenus par les laboratoires du réseau OMS
- Classiquement basées sur le séquençage partiel de la région VP1 du génome (Sanger)

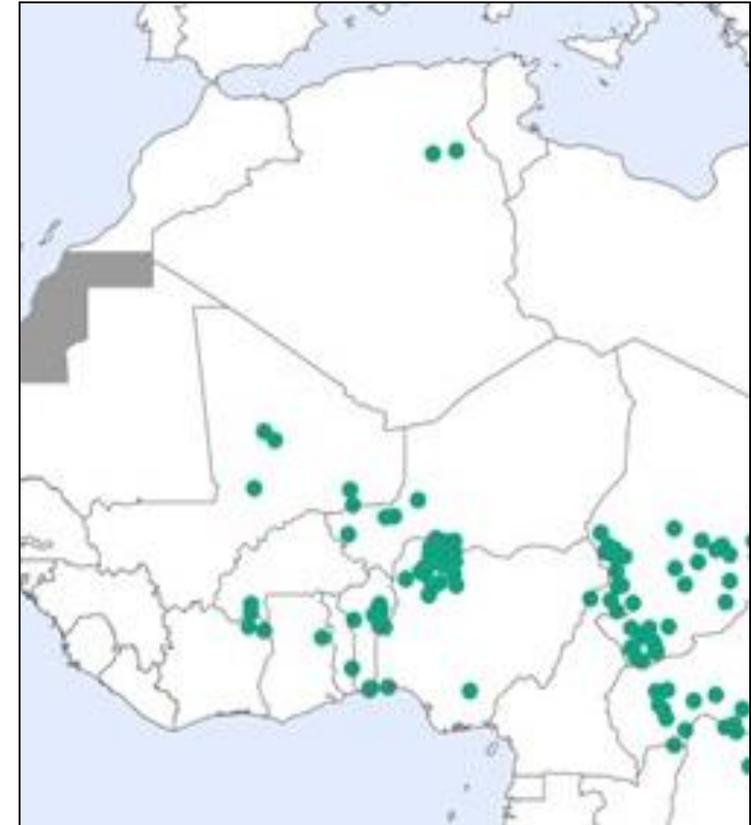


- Utilisation obligatoire du NGS pour séquençage génome complet en cas d'isolement d'un nOPV2
- Passage prévu à la technique NGS même pour le le séquençage partiel

Janvier 2023: Alerte au cVDPV2 sur les frontières tunisiennes

Notification en Algérie de **cas de poliomyélite** due au poliovirus dérivé du vaccin de type 2 circulant (cVDPV2) :

- Cas en Avril 2022 à Tamanghasset (à environ 2000 km de la Tunisie)
- Cas en novembre 2022 à Ouargla (400 km de la Tunisie)
- Cas en Janvier 2023 à El-Oued (Frontière de la Tunisie)



Suite à cette alerte

- Plusieurs prélèvements de selles ont été collectés par le ministère de la santé dans les communautés vivant sur les frontières tunisiennes
- Détection d'un enfant d'une famille nomade algérienne excréant du nOPV2
- 4 isolats obtenus sur une période de 4 mois puis négativation et retour en Algérie
- Les 4 isolats ont été
 - séquencés génome entier au LVC-IPT
 - Envoyés en parallèle au NIBSC-Angleterre pour séquençage NGS conformément aux recommandations OMS

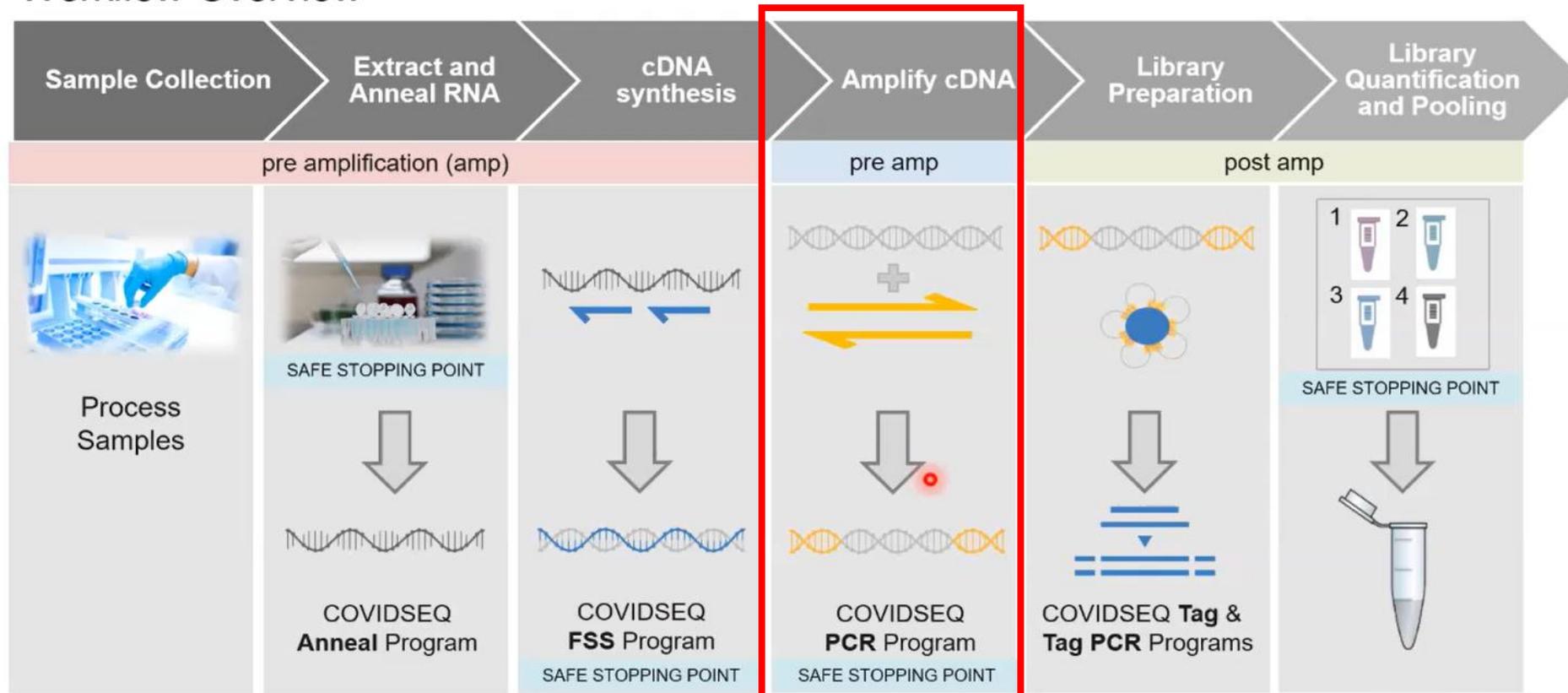
Séquençage du génome entier du nOPV2

Conception de 2 pools d'amorces spécifiques nOPV2: amplifiant 600pb (Quick J et al., 2017)



Illumina COVIDSeq Test Assay Workflow

Workflow Overview



Analyse des sequences NGS par Genious

Pipeline utilisé: mapping to reference

S402-2023_S94_R_001 assembled to MZ245455.1 Ignore words=true Report

✓ 8,978,060 of [10,953,200 reads](#) were assembled to [MZ245455.1](#) to produce [S402-2023_S94_R_001 assembled to MZ245455.1 Ignore words=true](#)

✗ 1,975,140 reads were not assembled

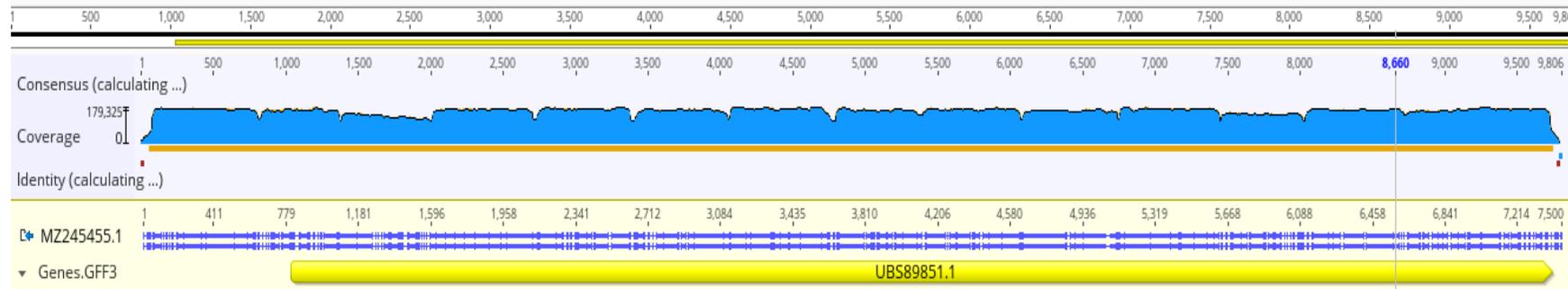
Assembled [2 documents](#) using Geneious assembler. [Show Options](#)

Assembly Duration: 21 minutes and 21 seconds (51 minutes and 5 seconds CPU time)

Performed 5 of up to 5 iterations.

First iteration matched 8,953,965 reads.

Best iteration matched 8,978,078 reads.



Analyse des sequences NGS par Genome Detective



Analyzing Next-Generation-Sequence meta-genomic datasets is increasingly complex due to large data files, the need for large and regularly updated reference databases, and complex bioinformatics processing. Using Genome Detective, you can quickly and easily extract accurate, meaningful information from your sequence data.

Pipeline utilisé: De novo assembly

VIRAL STRAINS

ASSIGNMENTS

Strains with at least 50% NT similarity (assuming a 45% similarity for non-covered parts)

Assignment	# Reads	Depth of Coverage	Genome Coverage	NT Identity	Genome Coverage image
Enterovirus C (subtype: PV-2, Sabin)	9699385	165981.9	99.6%	79.0%	

Caracterisation des souches de nOPV2

Substitution

nOPV2	Nucleotide position	S207-2023	S271-2023	S305-2023	S402-2032
All isolates with any change in cre5 in the 5'NCR	120-182	C182G	C182G	C182G	C182G
Changes in cre5 that reduce the PD50	C121U; U123C; G179A; and/or A181G	N/A	N/A	N/A	N/A
Domain II	185-223	N/A	N/A	N/A	N/A
Domain IV	U459C	U459C	U459C	U459C	U459C
Domain V	529-596	N/A	N/A	N/A	N/A
VP4	814-817	N/A	N/A	N/A	N/A
VP2	T1375	N/A	N/A	N/A	N/A
VP1-143	2969-2971	N/A	ATT>ACT; I143T	ATT>ACT; I143T	ATT>ACT; I143T
VP1-171	A3053G	N/A	N/A	N/A	N/A
VP1-295	3425-3427	N/A	N/A	N/A	N/A
cre KO	4508-4560	N/A	N/A	N/A	N/A
3D	6158-6160	N/A	N/A	N/A	N/A
3D	6203-6205	N/A	N/A	N/A	N/A



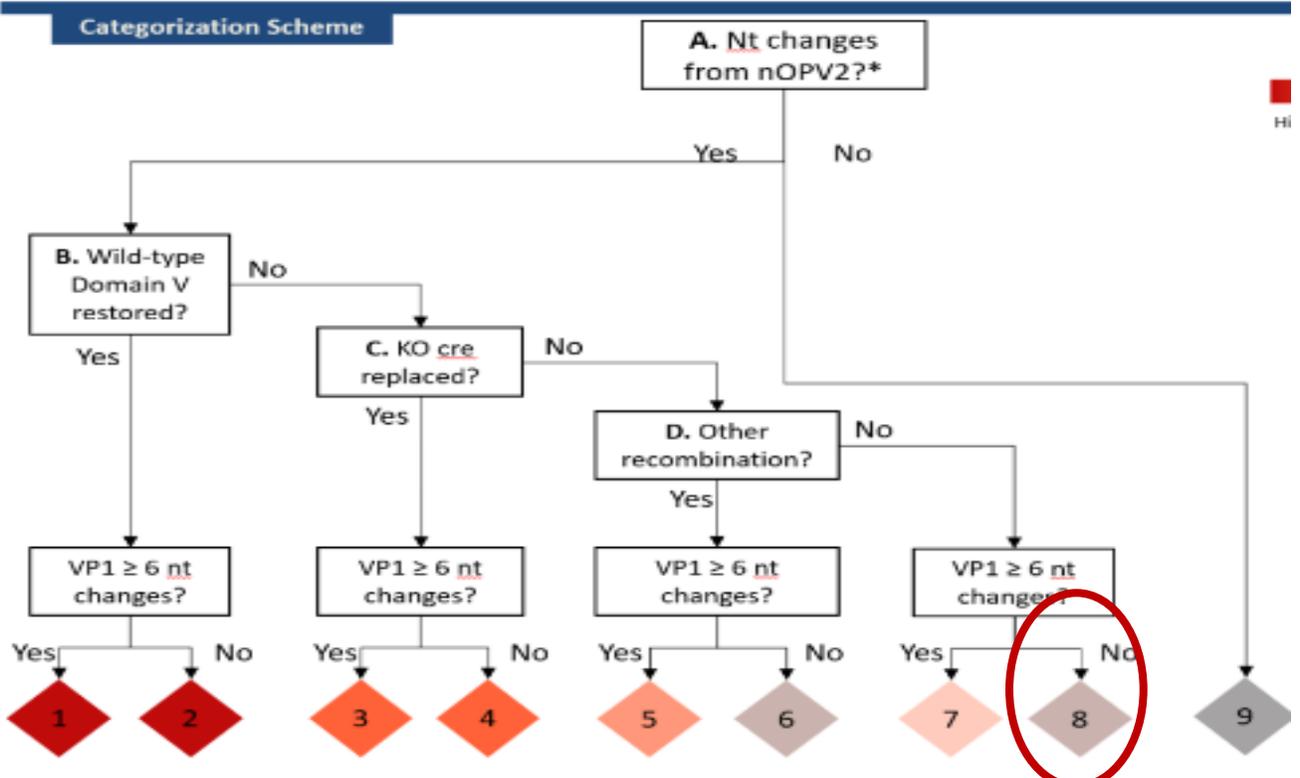
Caracterisation des souches de nOPV2

Recombinaison

nOPV2	Nucleotide pos	S207-2023	S271-2023	S305-2023	S402-2032
DomainV	529-596	N/A	N/A	N/A	N/A
restoring cre	4508-4560	N/A	N/A	N/A	N/A
3D	6158-6160	N/A	N/A	N/A	N/A
3D	6203-6205	N/A	N/A	N/A	N/A

Pas de recombinaison génétique

Categorization



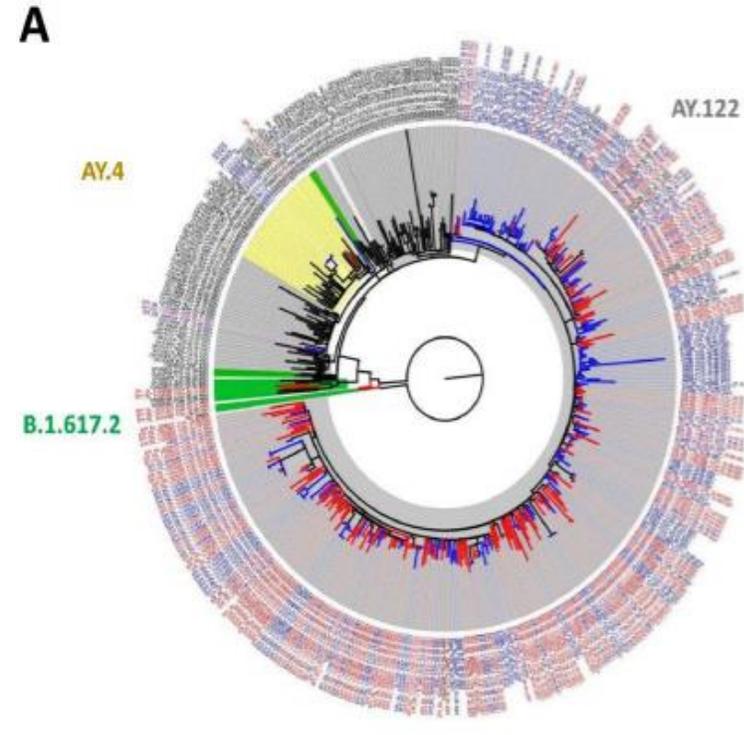
Conclusions

- Le NGS est devenu un outil incontournable pour la surveillance moléculaire des virus
- Il permet :
 - L'identification de nouveaux virus par l'approche métagénomique qui peuvent être d'une importance en santé humaine et en épidémiologie
 - La caractérisation poussée des virus déjà connus
 - hiérarchiser les activités de surveillance et de recherche au niveau national et mondial
 - orienter la riposte aux épidémies/pandémies
- Il est toutefois important que cette surveillance moléculaire soit faite **en temps réel pour** permettre d'informer les instances sanitaires de tout nouveau virus/variant et prévenir sa propagation

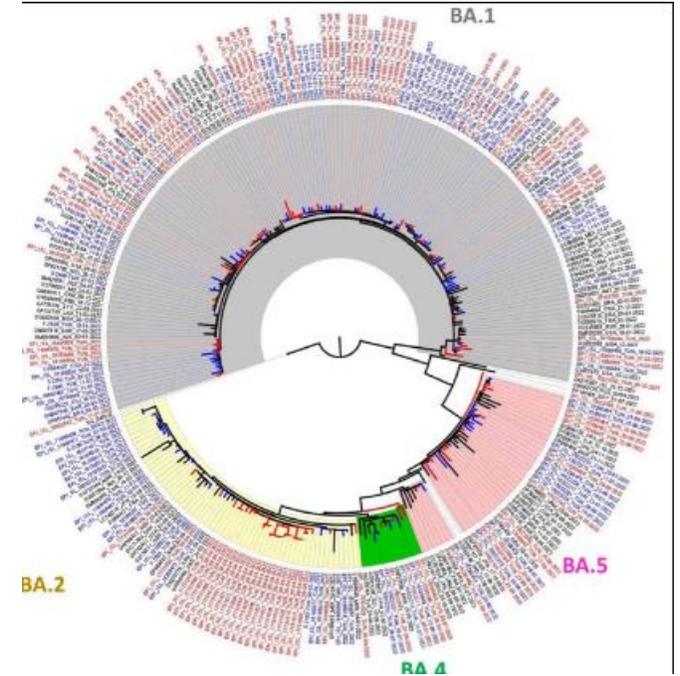
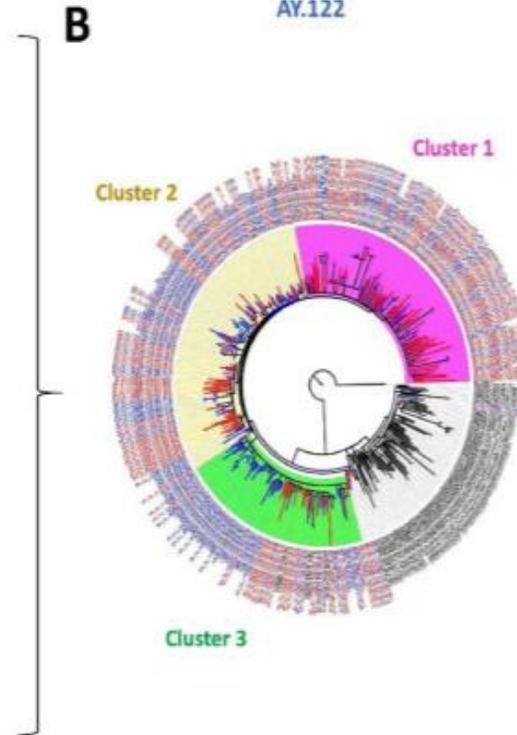
Remerciements

- Toute l'équipe du Laboratoire de Virologie Clinique de l'institut Pasteur de Tunis (cadres scientifiques, techniciens de laboratoires, contractuels, étudiants en thèse ou mastère et autres)
- Tous les organismes ayant aidé à l'accomplissement de ces travaux:
 - Ministère de la Santé (ONMNE, ULB, SHOCroom, DSSB)
 - MERST
 - Réseau des Instituts Pasteur
 - OMS
 - Les laboratoires collaborateurs en Tunisie et à l'étranger (Laboratoires référents SARS-CoV2, PHE-England, RKI-Germany, Institut Pasteur de Paris, IZSAM-Italy)

Dynamique de circulation des variants de SARS-CoV2 parmi la population pédiatrique en Tunisie



Delta



Omicron



Groupement des séquences Tunisiennes

Etablissement de circulation autochtone



séquences Tunisiennes associés à des séquences de différentes origines géographiques

Pas d'établissement de circulation autochtone

Effet de la généralisation de la vaccination à différentes tranches d'âge sur la propagation du virus: Limitation de l'établissement de circulation autochtone