



Comment le séquençage génétique aide la surveillance de l'épidémie de coronavirus

L'analyse des mutations du SARS-CoV-2 permet de retracer sa propagation en Suisse et dans le monde. Nous recommandons de faire systématiquement un séquençage génétique du virus lorsqu'une personne est testée positive afin d'améliorer la surveillance de l'épidémie et de soutenir le traçage des contacts.

Des mutations génétiques apparaissent naturellement chez les virus – pour le SARS-Cov-2, au rythme d'environ une toute les deux semaines. Pour l'instant, elles ne semblent pas avoir d'effet sur l'infectiosité du Covid-19 ou sur sa virulence. En revanche, elles permettent de retracer l'évolution du coronavirus et ainsi sa propagation en Suisse et dans le monde.

L'analyse des mutations – la phylogénétique – peut ainsi contribuer à surveiller l'épidémie, à identifier des nouveaux foyers d'infections et des importations de l'étranger, et à mieux comprendre les modes de transmission du virus.

L'approche passe par le séquençage génétique d'échantillons de virus prélevés en Suisse et dans le monde et par leur comparaison systématique. Un nombre important de virus génétiquement identiques suggère la présence d'un foyer de l'épidémie. Dans un tel cas, mettre en place une quarantaine étendue pourrait contribuer à stopper la propagation. Dans le cas d'échantillons génétiquement différents, on peut supposer que les virus ont été introduits en parallèle par différentes personnes venant d'autres régions du pays ou de l'étranger. Ce type d'information permet de comprendre la nature de l'épidémie et ainsi de cibler les mesures pour lutter contre l'infection.

Des telles analyses ont été faites en Suisse, où la plupart des quelque 400 échantillons prélevés remontent à début mars. Ils sont génétiquement très proches de virus circulant en Europe, liés à la flambée de cas en Italie en début février 2020. L'analyse d'échantillons prélevés en fin mars a de plus permis d'identifier d'un foyer local dans la région zurichoise.

Nous recommandons de coordonner le séquençage d'échantillons de virus prélevés chez les personnes testées positives en Suisse. Un objectif est de réduire à deux semaines le délai entre la prise de l'échantillon et l'analyse phylogénétique, au lieu d'un mois comme actuellement. Le faible nombre de cas à mi-juin 2020 permettrait de faire un séquençage systématique pour chaque test positif, ce qui augmenterait grandement la précision du tableau de l'épidémie livré par la phylogénétique. Celle-ci pourra soutenir d'autant mieux les autorités dans la surveillance de la propagation du coronavirus en Suisse ainsi que dans l'évaluation des effets amenés par la levée des mesures de contrôle de l'épidémie, notamment de la réouverture des frontières.

Les mutations du SARS-CoV-2 se cumulent depuis le début 2020, ce qui augmente la précision des analyses phylogénétiques. Une intensification du séquençage aiderait non seulement à mieux évaluer la situation en Suisse, mais également à contribuer aux bases de données internationales, essentielles pour retracer la propagation du virus autour du monde.