

ANRS 0136s South Spike

Variants SARS-CoV-2 en Afrique centrale et de l'ouest : fréquence des virus circulants et implications pour la prise en charge et le contrôle de la pandémie : étude prospective et rétrospective

Promoteur Inserm-ANRS

Statut des inclusions En cours

Fin d'étude Non disponible

Nombre de participants 12 600 participants (600 participants positifs au SARS-COV-2 dont les échantillons sont disponibles dans les sites d'investigations en rétrospectif et 12 000 participants recrutés en prospectif)

Objectifs *Principal :*

L'objectif général est d'identifier et caractériser les différents variants moléculaires du SARS-CoV-2, connus et non-connus, circulant en Afrique centrale et de l'ouest par une approche rétrospective et prospective.

Secondaires :

- Déterminer la dynamique d'émergence et d'évolution des variants dans les pays de la recherche.
- Caractériser les signatures moléculaires des variants identifiés et déterminer leur impact sur l'efficacité des outils de diagnostic et de détection moléculaire du virus.
- Déterminer le potentiel d'échappement des nouveaux variants à la neutralisation par les anticorps monoclonaux et aux vaccins actuellement disponibles.
- Estimer la réponse immuno-virologique de la maladie COVID-19 associée aux différents variants SARS-CoV-2 identifiés par la caractérisation des mRNA exprimés chez les personnes infectées (transcriptomique respiratoire).

Sommaire

A – Méthodologie de l'étude et type de données et/ou échantillons collectés

B – Modalités d'accès à la collection

A – Méthodologie de l'étude et type de données et/ou échantillons collectés

Justification scientifique	
Investigateur Principal / Investigateur Coordonnateur	<ul style="list-style-type: none"> • Avelin Aghokeng, IRD 224 - CNRS 5290 - UM1-UM2 MIVEGEC, Montpellier, France • Dr Almoustapha Issiaka MAÏGA, UEMR-HIV, UCRC/SEREF0, Bamako, Mali
<i>Type d'étude</i>	Recherche exploratoire moléculaire, observationnelle non comparative, multicentrique et internationale, rétrospective et prospective, portant sur l'identification des variants moléculaire du SARS-CoV-2 circulants dans 6 pays d'Afrique centrale et de l'ouest à partir

Méthodologie	<i>Population de la recherche</i>	<p>de prélèvements réalisés chez 12 600 participants.</p> <p>Pour l'étude rétrospective : étude sur collection d'échantillon biologique disponible dans les sites d'investigations ; (100 par pays) sélection des échantillons (temporelle)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Distribution équitable entre les différentes vagues de la pandémie entre 2020 et début 2021 • Sujets majeurs (cf pays) • Résultats de charge virale disponibles (RT PCR et CT) • Volume d'échantillon disponibles suffisant pour l'étude <p>Pour l'étude prospective : Critères d'inclusion :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Sujet majeur (cf. pays) • Se présentant pour un diagnostic SARS-CoV-2, qu'il soit symptomatique ou non • Ne s'opposant pas à participer à la recherche
	<i>Critère de jugement principal :</i>	<p>Identifier et caractériser les différents variants moléculaires du SARS-CoV-2, émergeant et/ou circulant dans plusieurs pays d'Afrique Subsaharienne (Burkina Faso, Côte d'Ivoire, Gabon, Mali, Tchad et République du Congo) et déterminer leur rôle dans l'évolution de la pandémie</p>
Schéma de l'étude	<div style="text-align: center;"> <p>Prospectif</p> <p>Visite pour un diagnostic du SARS-CoV-2 selon les critères nationaux</p> <pre> graph TD A[Identification des participants éligibles] -- "Vérification des critères d'éligibilités" --> B[Inclusion] B -- "Information et non-opposition du participant Attribution d'un n° d'anonymisation" --> C["Recueil de données Prélèvement nasopharyngés Test antigénique SARS-CoV-2"] C -- "Rendu du résultat au participant" --> D{Positif / Négatif} D -- Négatif --> E[Sortie d'étude] D -- Positif --> F["Prélèvement nasopharyngés Envoie des échantillons au labo Confirmation COVID-19 par RT PCR"] F -- "Rendu du résultat au participant" --> G{Positif / Négatif} G -- Négatif --> H[Sortie d'étude Destruction de l'échantillon] G -- Positif --> I["Séquençage Spike Séquençage génome entier Séro-neutralisation Transcriptomique respiratoire"] </pre> <p><i>Analyses réalisées dans les laboratoires Nord</i></p> </div>	
Biothèque	<i>Prélèvements naso-pharyngé</i>	
Données	Clinique et biologique	

B – Modalités d'accès à la collection

- 1- soumission du projet : **via le formulaire de demande d'échantillons du site web**
 - 2- évaluation du projet : **comité scientifique**
 - 3- Mise à disposition de la collection : **décision finale direction ANRS MIE ou conseil scientifique**
- Adresse e-mail de contact pour la soumission de votre projet : **biobanque@anrs.fr**