

COMMUNIQUÉ SUR L'AUGMENTATION SOUDAINE DES CAS DE COVID-19 DUE AUX VARIANTS D'OMICRON BF.7

Date/Heure	22 décembre 2020
Titre/Nom de l'incident/événement	Augmentation soudaine des cas de COVID-19 due aux variants d'Omicron BF.7
Notification	Alerte
De	Centres africains de contrôle et de prévention des maladies (CDC Afrique)
Aux	États membres de l'UA

Messages clés

- BF.7 est l'un des sous-variants d'Omicron surveillés par le CDC Afrique et l'Organisation mondiale de la santé
- Les rapports préliminaires en provenance de Chine indiquent que le BF.7 a une transmissibilité accrue, avec une période d'incubation plus courte, et une plus grande capacité à infecter les personnes qui ont déjà été infectées par le COVID-19, ou qui ont été vaccinées, ou les deux
- Les symptômes d'une infection par le BF.7 sont similaires à ceux associés aux autres sous-variants d'Omicron. Aucun rapport sur la gravité de la maladie causée par BF.7 n'a été identifié pour être inclus dans ce communiqué
- Les États membres de l'UA doivent **redoubler d'efforts en matière de surveillance génomique du COVID-19** afin de surveiller la présence de variants ainsi que la propagation et l'évolution continue du virus.

Résumé de la situation

Les infections à COVID-19 en Afrique continuent d'être dominées par le variant Omicron du SRAS-COV-2. Depuis son apparition, Omicron a rapidement évolué en de multiples sous-variants. Un sous-variant, BF.7, également connu sous le nom de BA.5.2.1.7, a récemment été identifié comme étant le principal variant qui s'est propagé à Pékin et qui est à l'origine de la vague actuelle d'infections par le COVID-19 en Chine. Ce variant est actuellement surveillé par les autorités sanitaires d'autres régions. Le variant BF.7 a été détecté dans plusieurs autres pays du monde, notamment en Inde, aux États-Unis, au Royaume-Uni et dans plusieurs pays européens comme la Belgique, l'Allemagne, la France et le Danemark. En Afrique, le variant BF.7 a été détecté dans 67 échantillons prélevés entre le 3 mai et le 14 octobre 2022 en Algérie, au Cap-Vert, au Cameroun, en Gambie, en Guinée, à Maurice, au Maroc, au Sénégal et en Afrique du Sud.

La prévalence croissante et le profil mutationnel du BF.7 suscitent des inquiétudes quant à la possibilité que ce variant soit plus transmissible et qu'il échappe davantage à l'immunité acquise par la vaccination et/ou une infection antérieure par le COVID-19. Des rapports récents en provenance

de Chine indiquent que le variant BF.7 se caractérise par un échappement immunitaire accru, une période d'incubation plus courte et un taux de transmission plus rapide. Malgré les caractéristiques d'évasion immunitaire du BF.7 et les signes inquiétants de sa croissance en Chine, le variant semble rester assez stable ailleurs.

Implications pour les services de santé publique

Les premières données recueillies indiquent que le BF.7 est associé à une augmentation rapide des infections par le COVID-19. Par conséquent, la propagation du BF.7 justifie une approche prudente et une surveillance génomique étendue en Afrique.

Recommandations pour les États membres

Bien que des preuves supplémentaires soient nécessaires pour déterminer l'impact possible du BF.7 en Afrique, ce communiqué est envoyé pour sensibiliser les États membres à la situation. Dans cette optique, le CDC Afrique recommande aux États membres et aux autorités sanitaires ce qui suit :

1. Le CDC Afrique recommande vivement aux États membres de l'UA d'étendre les campagnes de vaccination contre le COVID-19 afin d'augmenter la couverture vaccinale. Les États membres devraient également s'attaquer à la désinformation sur le vaccin par le biais d'une communication efficace sur les risques au niveau communautaire et par des activités de promotion du vaccin.
2. Les États membres de l'UA doivent poursuivre leurs efforts en matière de dépistage du COVID-19 et de surveillance génomique, y compris l'incorporation du dépistage du SRAS-CoV-2 et du séquençage du génome dans la surveillance des syndromes grippaux et des syndromes respiratoires aigus (ILI/SARI), afin de surveiller la présence de variants ainsi que la propagation et l'évolution continue du virus. Les demandes d'assistance en matière de séquençage génomique peuvent être adressées à SofoniasT@africa-union.org.
1. Tous les États membres de l'UA doivent notifier et partager régulièrement avec le CDC Afrique les données sur les cas confirmés de COVID-19, les décès, les guérisons, le statut vaccinal, les tests effectués et les travailleurs de la santé infectés, afin d'étayer les données pour les interventions. Veuillez informer le CDC Afrique par e-mail : AfricaCDCEBS@africa-union.org

Ressources supplémentaires

1. Enhanced neutralization resistance of SARS-CoV-2 Omicron subvariants BQ.1, BQ.1.1, BA.4.6, BF.7, and BA.2.75.2 (*Résistance accrue à la neutralisation des sous-variants BQ.1, BQ.1.1, BA.4.6, BF.7 et BA.2.75.2 du SRAS-CoV-2 Omicron*). Cell Host & Microbe. 2022 Nov 22;S1931-3128(22)00568-6. doi: 10.1016/j.chom.2022.11.012 (PMID: 36476380)
2. <https://www.globaltimes.cn/page/202211/1280588.shtml>
3. Omicron BQ.1 and BQ.1.1 escape neutralisation by omicron subvariant breakthrough infection (*Omicron BQ.1 et BQ.1.1 échappent à la neutralisation par l'infection de percée du sous-variant d'omicron*). Lancet Infect Dis. 2023 Jan;23(1):28-30. doi: 10.1016/S1473-3099(22)00805-2 (PMID: 36543471)
4. Rapid emergence of omicron sublineages expressing spike protein R346T (*Émergence rapide de sous-lignées d'omicron exprimant la protéine spike R346T*). Lancet Reg Health Eur. 2023 Jan;24:100564. doi: 10.1016/j.lanepe.2022.100564 (PMID: 36533118)

