



Co-funded by  
the European Union

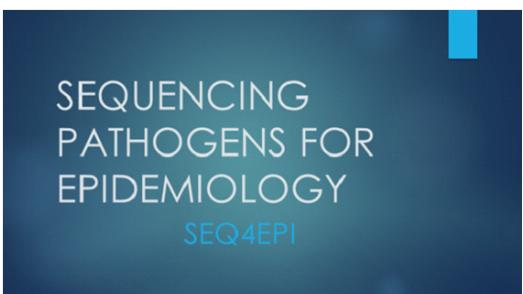


MALADIES  
INFECTIONNISTES

FÉVRIER 2025

# STRATÉGIES DE SURVEILLANCE GÉNOMIQUE: EXPÉRIENCE DU SARS-COV-2 ET APPLICATIONS AUX PATHOGÈNES ÉMERGENTS

Mémento sur le séquençage



Project: 101113174

## Résumé

### Stratégies de surveillance génomique : expérience du SARS-CoV-2 et applications aux pathogènes émergents

La crise du COVID-19 en France a nécessité de mettre en place rapidement un système de surveillance génomique à l'échelle nationale et régionale afin d'évaluer son impact en santé publique : le consortium EMERGEN (consortium de surveillance et de recherche sur les infections de pathogènes EMERgents via la GENomique microbienne). Les activités de Santé publique France concernant ce consortium ont été financées par différentes sources, dont le [projet SEQ4EPI](#) (*Sequencing pathogens for epidemiology*).

Fort de l'expérience avec le SARS-CoV-2, le consortium EMERGEN a permis de bâtir une infrastructure robuste de séquençage, intégrant une base de données génomique nationale (EMERGEN-DB), des outils bioinformatiques, et un réseau de laboratoires de séquençage. Initialement focalisé sur le suivi des variants du SARS-CoV-2, ce modèle prouve en 2024 sa capacité à s'adapter à d'autres agents pathogènes, notamment le virus monkeypox (Mpox) et l'influenza zoonotique.

Ce document explore les stratégies de surveillance génomique des pathogènes émergents, en tirant parti des leçons apprises lors de la pandémie de COVID-19. Il propose un cadre méthodologique pour étendre ces outils à d'autres pathogènes prioritaires, en intégrant une approche « One Health » pour coordonner la santé humaine, animale et environnementale.

Ce mémento synthétise les enjeux critiques : élaboration d'outils décisionnels pour les professionnels de santé publique, structuration des collaborations interdisciplinaires, et développement d'approches standardisées pour répondre rapidement aux urgences sanitaires. En se basant sur des scénarios réels, il propose une méthodologie adaptable à toute émergence.

En conclusion, ce document souligne l'importance d'une coordination étroite entre épidémiologistes, microbiologistes et acteurs internationaux pour anticiper les menaces sanitaires globales. Il offre un guide pratique pour intégrer la génomique dans la surveillance de pathogènes émergents, tout en garantissant un équilibre entre efficacité opérationnelle et le respect des règles européennes concernant la protection de données.

**Citation suggérée :** Da Cruz H, Grellet S, Jambois I, Lamy A, Thomas N. Stratégies de surveillance génomique : expérience du SARS-CoV-2 et applications aux pathogènes émergents. Saint-Maurice : Santé publique France, février 2025. 21 p. Disponible à partir de l'URL : [www.santepubliquefrance.fr](http://www.santepubliquefrance.fr)

ISBN-NET : 979-10-289-0979-6 - RÉALISÉ PAR LA DIRECTION DE LA COMMUNICATION, SANTÉ PUBLIQUE FRANCE - DÉPÔT LÉGAL : FÉVRIER 2025

## Abstract

### Genomic surveillance strategies: SARS-CoV-2 experience and applications to emerging pathogens

The COVID-19 crisis in France made it necessary to rapidly set up a genomic surveillance system on a national and regional scale in order to assess its impact on public health: the EMERGEN consortium (consortium for surveillance and research into EMERging pathogens infections via microbial GENomics). Santé publique France's activities relating to this consortium have been funded by various sources, including the [SEQ4EPI project](#) (Sequencing pathogens for epidemiology).

Drawing on its experience with SARS-CoV-2, the EMERGEN consortium has built a robust sequencing infrastructure, including a national genomic database (EMERGEN-DB), bioinformatics tools and a network of sequencing laboratories. Initially focused on monitoring SARS-CoV-2 variants, this model has proved its ability to adapt to other pathogens, notably the monkeypox virus (Mpox) and zoonotic influenza.

This document explores strategies for genomic surveillance of emerging pathogens, drawing on the lessons learned from the COVID-19 pandemic. It proposes a methodological framework for extending these tools to other priority pathogens, incorporating a 'One Health' approach to coordinate human, animal and environmental health.

This memento summarises the critical issues at stake: developing decision-making tools for public health professionals, structuring interdisciplinary collaboration, and developing standardised approaches for responding rapidly to health emergencies. Based on real-life scenarios, it proposes a methodology that can be adapted to any emergency.

In conclusion, this document highlights the importance of close coordination between epidemiologists, microbiologists and international players to anticipate global health threats. It offers a practical guide to integrating genomics into the surveillance of emerging pathogens, while ensuring a balance between operational efficiency and compliance with European data protection rules.

Project: 101113174

« Funded by the European Union. Views and opinions expressed are however those of the author(s) only and do not necessarily reflect those of the European Union or the granting authority HADEA (European Health and Digital Executive Agency). Neither the European Union nor the granting authority can be held responsible for them. »

Document réalisé par les référents EMERGEN de la direction des régions (DiRe) et de la direction des maladies infectieuses (DMI) de Santé Publique France

## Auteurs

Hélène da Cruz, Sophie Grellet, Inès Jambois, Anaïs Lamy, Nathalie Thomas

## Relecteurs

Bruno Coignard, Javier Castro Alvarez, Alain-Claude Kouamen

## Mots-clés/Abréviations

**ANRS/MIE** : Agence nationale de recherche sur le sida et les maladies infectieuses émergentes

**Anses** : Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail

**Cibu** : Cellule d'intervention biologique d'urgence de l'Institut Pasteur

**Cirad** : Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement

**Cnil** : Commission nationale de l'informatique et des libertés

**CNR** : Centres nationaux de référence pour la lutte des maladies transmissibles. Laboratoires mandatés par Santé publique France pour assurer 4 missions de santé publique au niveau national : expertise et conseil, et contribution à la surveillance et à l'alerte, concernant un groupe spécifique de pathogènes.

**CNR-VIR** : Centre national de référence pour les virus respiratoires

**Consortium EMERGEN** : Consortium français de surveillance génomique et de recherche sur les agents pathogènes des maladies infectieuses émergentes, créé en 2021 en réponse à l'émergence du premier variant préoccupant du SARS-CoV-2.

**CT** : Cycle d'amplification de la PCR (Réaction en chaîne par polymérase/*Polymerase chain reaction*) à partir duquel la quantité de virus présent dans l'échantillon est détectée

**EMERGEN-DB** : base nationale de données génomique (séquençage du SARS-CoV-2)

**Génome** : ensemble complet du matériel génétique (ADN ou ARN) d'un organisme (animal, plante, bactérie, virus...).

**GISAID** : *Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data*

**HAS** : Haute Autorité de santé

**HCSP** : Haut Conseil de la santé publique

**HERA** : Autorité européenne de préparation et de réaction en cas d'urgence sanitaire (*European Health Emergency Preparedness and Response Authority*)

**Inrae** : Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement

**LNR IA/IP** : Laboratoire national de référence Influenza aviaire / Influenza porcin

**RGPD** : Règlement général sur la protection des données

**SARS-CoV-2** : *Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2* (virus responsable de la COVID-19)

**Séquençage** : Technique de laboratoire permettant d'obtenir la séquence d'un acide nucléique (ADN ou ARN) ou d'une protéine.

**SEQ4EPI (Sequencing pathogens for epidemiology / Séquençage des pathogènes pour l'épidémiologie)** : projet porté par Santé publique France et le CNR Virus des Infections Respiratoires avec pour objectif de soutenir la pérennisation des systèmes de surveillance génomique construits pendant l'épidémie de COVID-19 et de les préparer à de futures crises en renforçant l'activité de surveillance génomique dans ses différentes dimensions (extension à d'autres pathogènes, développement des outils d'analyse génomique, renforcement des capacités d'analyse épidémiologique) sur une durée de trois ans (01/10/2022 – 30/09/2025).  
Voir <https://www.santepubliquefrance.fr/dossiers/coronavirus-covid-19/projet-seq4epi>

**SFM** : Société française de microbiologie

**Surveillance génomique** : Utilisation de techniques de séquençage génomique pour soutenir la surveillance des agents pathogènes. Elle peut soutenir le diagnostic, le suivi de l'évolution, les enquêtes lors d'une épidémie et la détection des émergences.

**USPI** : Urgence de santé publique de portée internationale

# Table des matières

Résumé.....	2
Abstract.....	3
Auteurs.....	3
Relecteurs .....	3
Mots-clés/Abréviations .....	4
<b>1. Introduction .....</b>	<b>6</b>
1.1 La génomique au service de la santé publique .....	6
1.2 Intérêt du séquençage .....	7
<b>2. Mémento sur le séquençage : modèle .....</b>	<b>8</b>
<b>3. Conclusions et perspectives.....</b>	<b>9</b>
<b>4. Bibliographie .....</b>	<b>9</b>
<b>5. Annexes.....</b>	<b>10</b>
Annexe 1 : Conduite à tenir face à une nouvelle émergence .....	10
Annexe 2 : Modèle de mémento sur le séquençage .....	12
Annexe 3 : Mémento sur le séquençage du SARS-CoV-2 .....	15
Annexe 4 : Mémento sur le séquençage : virus monkeypox .....	19

# 1. INTRODUCTION

## 1.1 La génomique au service de la santé publique

L'émergence du SARS-CoV-2 en 2019 a nécessité de construire et de maintenir un système de surveillance génomique à l'échelle nationale pour surveiller ses variants et anticiper leur impact en santé publique. Le consortium EMERGEN (consortium de surveillance et de recherche sur les infections de pathogènes EMERgents via la GENomique microbienne) a été créé en 2021 pour renforcer les capacités de séquençage du SARS-CoV-2 à des fins de surveillance et de recherche. Co-piloté par Santé publique France et l'Agence nationale de recherche sur le sida et les maladies infectieuses émergentes (ANRS-MIE), il s'est appuyé sur un réseau de laboratoires de séquençage publics et privés pendant les deux premières années (2021-2022) et se concentre désormais sur les CNR (centres nationaux de référence) et les laboratoires de séquençage publics, dont les plateformes de séquençage (2023 à aujourd'hui). L'ensemble de ce réseau entre les différents acteurs est matérialisé par une base de données centralisée (EMERGEN-DB) dans laquelle sont collectées les données de séquençage (séquences et métadonnées associées). Depuis 2021, EMERGEN permet de mettre en place un réseau de séquençage, de suivre l'évolution génétique du virus SARS-CoV-2 pour détecter l'émergence et la distribution spatio-temporelle des variants [1].

SEQ4EPI (*SEQuencing for EPIdemiology*) est un projet financé par la Commission européenne (CE) depuis 2022. Il vise à soutenir les activités de séquençage du génome entier (WGS) débutées pendant la pandémie, à les intégrer dans les activités de surveillance de routine et à étendre progressivement ce qui a été construit pour la COVID-19 à d'autres pathogènes susceptibles d'émerger [2]. Ce projet est piloté par Santé publique France en collaboration avec le Centre national de référence des virus des infections respiratoires (CNR-VIR).

Le premier objectif du projet SEQ4EPI est de développer et utiliser des outils bioinformatiques pour mieux suivre la dynamique génomique des maladies infectieuses : détecter des variants ou mutations d'intérêt, identifier des clusters (agrégats spatio-temporels), suivre l'évolution génomique... Ces outils ont été développés pour le SARS-CoV-2 mais pourraient être ultérieurement adaptables à d'autres virus respiratoires, tels que la grippe ou le VRS (virus respiratoire syncytial). Le deuxième objectif est de maintenir une surveillance génomique et épidémiologique intégrée des variants du SARS-CoV-2 au niveau national et régional, à travers l'investigation des variants émergents et l'animation de réseaux de laboratoires.

Si le champ d'action d'EMERGEN et de SEQ4EPI était au départ limité au SARS-CoV-2, les deux projets incluaient des fonctionnalités qui pourraient être utilisées pour la surveillance génomique d'autres maladies infectieuses. Pour prioriser les pathogènes qui pourraient bénéficier du soutien d'EMERGEN, nous pouvons nous appuyer sur des documentations classant les pathogènes les plus susceptibles d'avoir un impact élevé sur la santé de la population. Au niveau international, l'Organisation mondiale de la santé (OMS) a publié une liste de pathogènes prioritaires dans le cadre d'un travail scientifique visant à améliorer la préparation aux futures épidémies et pandémies. Cette approche met l'accent sur la recherche sur les familles virales et bactériennes plutôt que sur les pathogènes isolés, en se concentrant sur ceux considérés comme présentant des risques mondiaux. Pour la région européenne, en plus des pathogènes prioritaires à distribution mondiale, *Orthonairovirus haemorrhagiae* et les prototypes *Orthoflavivirus encephalitis* et *Orthobornavirus bornaense* se trouvent principalement dans la région européenne et sont identifiés comme présentant un risque élevé [3]. En France, le Haut Conseil de la santé publique (HCSP) a publié en 2023 une liste de maladies infectieuses prioritaires au regard de leur potentiel épidémique ou pandémique [4]. Il a identifié, outre le pathogène X (dénomination de tout pathogène encore inconnu), 14 entités hautement prioritaires : les fièvres hémorragiques virales, tous les virus respiratoires, les arbovirus transmis par les moustiques, les infections liées à des bactéries multirésistantes aux antibiotiques, les infections invasives à méningocoques et à pneumocoques, les maladies à prions, la rage et la tuberculose. Par ailleurs, par le biais d'une catégorisation plus large, dans l'UE, l'Autorité européenne de préparation et de réaction en cas d'urgence sanitaire

([HERA](#), European Health Emergency Preparedness and Response Authority) a défini trois catégories de menaces sanitaires qui nécessiteraient une réponse coordonnée au niveau de l'UE car elles mettraient en danger la vie ou la santé de la population et risqueraient de se propager à tous les États membres :

- 1) agents pathogènes à potentiel pandémique ;
- 2) CBRN (Chimique, Biologique, Radiologique and Nucléaire) ;
- 3) résistance aux antimicrobiens [5].

En cohérence avec l'approche « Une seule santé » (*One Health*), il est également important de rappeler que 60 % des maladies infectieuses sont communes aux êtres humains et aux animaux et que 75 % des maladies infectieuses émergentes sont d'origine animale [5]. Par conséquent, nous devons travailler avec les partenaires de la santé animale pour combler le fossé entre la surveillance humaine et animale et mieux surveiller le risque de futures zoonoses.

**Ce document vise à fournir aux professionnels de santé publique les enseignements tirés de la stratégie de séquençage du SARS-CoV-2 et les questions clés à discuter lors de la mise en place d'une surveillance génomique d'un pathogène.** Ceci est formalisé par un outil sous forme de *mémento* à compléter qui peut être utilisé dans la pratique et une représentation schématique de la stratégie de séquençage mise en œuvre lors de la pandémie de COVID-19. Le cas échéant, il pourrait être utile de discuter de la stratégie de surveillance génomique d'un pathogène donné avec son CNR correspondant.

## 1.2 Intérêt du séquençage

Le séquençage des pathogènes n'est pas un objectif en soi mais un outil qui permet de répondre à un certain nombre de questions pendant l'investigation ou le suivi d'une émergence ou d'une épidémie.

Fort de son expérience sur le SARS-CoV-2, l'équipe EMERGEN dans le cadre du projet SEQ4EPI, a travaillé sur l'utilité du séquençage et son apport pour l'épidémiologie dans un contexte d'émergence d'un nouveau pathogène d'intérêt en santé publique. Ce travail s'est effectué sous le format de groupes de travail et d'un exercice de mise en situation (grippe aviaire zoonotique) proposé lors du séminaire de juin 2024 à Lyon.

Les réflexions issues de ce travail ont mené tout d'abord à un rappel : en amont du développement d'une surveillance génomique pour un pathogène, il convient de se questionner sur les aspects étudiés et les objectifs à atteindre. Cette idée peut être traduite en quatre questions directrices :

- quel sera l'apport des résultats de séquençage dans la surveillance du pathogène ?
- quel sera l'impact des résultats en matière de santé publique ?
- quelles sont les méthodes et capacités disponibles ?
- quels sont les objectifs du séquençage et quelles sont les indications spécifiques de son utilisation (par exemple, surveillance, enquête sur une épidémie, recherche ciblée ou questions de recherche spécifiques) ?

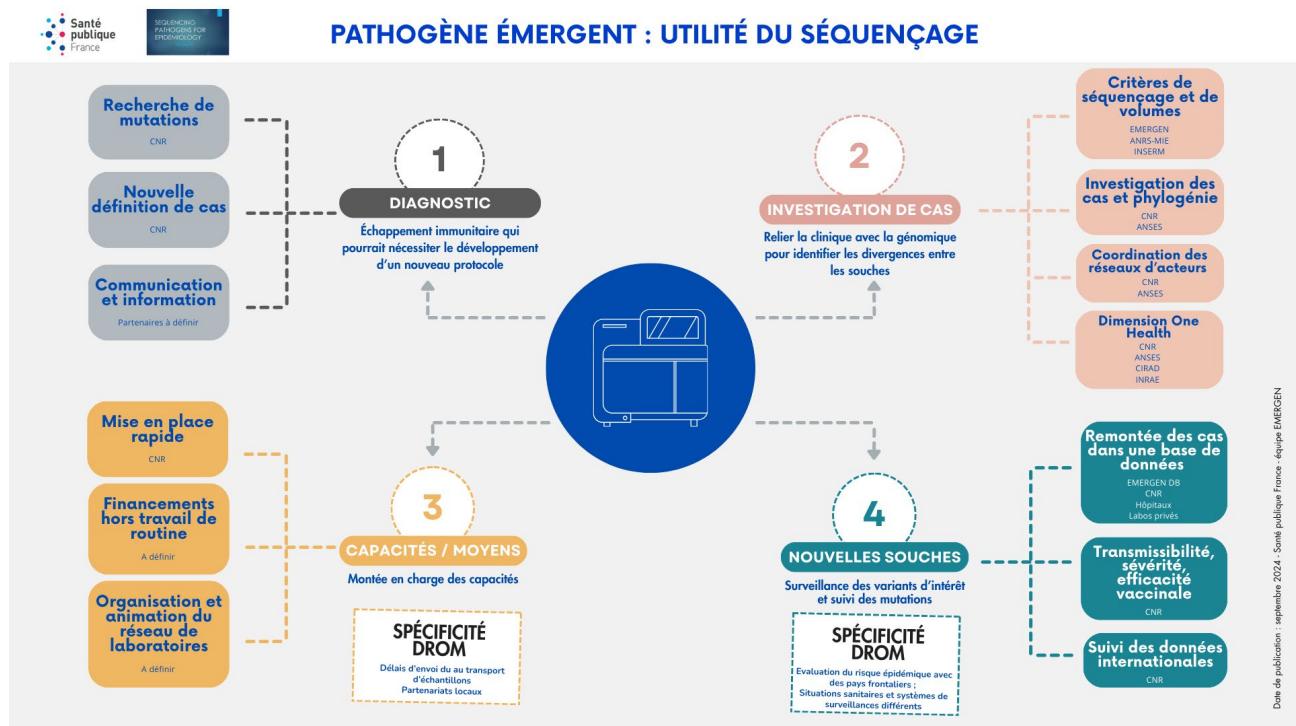
Pour développer un cadre de surveillance génomique spécifique à un agent pathogène, quatre aspects clés doivent être abordés (un ou plusieurs peuvent s'appliquer) :

- l'impact sur la méthode diagnostique et la définition de cas ;
- l'apport du séquençage dans le *contact-tracing* ;
- la surveillance des souches circulantes et analyse des risques associés à la détection d'une nouvelle souche ;
- un aspect plus général concernant du cadre de séquençage et des moyens disponibles.

Une carte mentale a été réalisée pour illustrer l'importance du séquençage lors de l'émergence d'un pathogène, mettant en évidence les enjeux clés ainsi que les partenaires à mobiliser (Figure 1).

Sur cette figure, les points clés spécifiques aux territoires d'outre-mer sont également relevés. Le tableau dans l'Annexe 1 détaille l'ensemble de ces aspects et enjeux ainsi que l'apport du consortium EMERGEN et les points d'attention associés.

**Figure 1. Carte mentale des principaux aspects du séquençage face à l'émergence d'un pathogène**



## 2. MÉMENTO SUR LE SÉQUENÇAGE : MODÈLE

Afin de structurer l'ensemble des problématiques et aspects abordés jusqu'à présent et de faciliter le raisonnement derrière l'intégration d'un pathogène émergent dans la stratégie nationale de surveillance génomique, un mémento sur le séquençage a été élaboré. Ce document de quatre pages sert d'outil aux professionnels de la santé publique pour :

- décrire les principales caractéristiques d'un pathogène émergent ;
- évaluer la nécessité d'une surveillance génomique du pathogène au stade le plus précoce ;
- évaluer son utilité ;
- résumer les informations clés dans un format concis.

Le mémento comprend un texte à compléter pour s'adapter à un pathogène, les indications de séquençage et sa valeur ajoutée. Le modèle est fourni à l'Annexe 2, avec un exemple utilisant le SARS-CoV-2 inclus à l'Annexe 3.

### 3. CONCLUSIONS ET PERSPECTIVES

Ce document résume les leçons apprises durant la crise COVID-19. Fort de cette expérience, il met également en évidence les questions à se poser lors du développement d'une surveillance génomique basée sur le modèle du SARS-CoV-2. Au-delà de la stratégie à adapter, le *mémento* sur le séquençage est un outil qui peut être utilisé chaque fois que des besoins de surveillance génomique pouvant être traités par l'infrastructure EMERGEN se présentent, indépendamment du pathogène concerné.

L'expérience et l'infrastructure d'EMERGEN construites pendant la crise COVID-19 sont prêtes à être appliquées à la surveillance génomique d'autres agents pathogènes, en cas de nouvelles crises. Cette infrastructure comprend, entre autres, une base de données génomique nationale (EMERGEN-DB), un réseau de laboratoires de séquençage, des partenaires de recherche et une interaction plus étroite entre épidémiologistes et microbiologistes. Dans le contexte actuel, EMERGEN dispose, par exemple, d'atouts cruciaux pour la surveillance génomique du Mpox et de la grippe zoonotique. Ces agents pathogènes, prioritaires pour plusieurs raisons, ont ainsi pu bénéficier du dispositif.

En effet, en 2024, une alerte internationale a été lancée concernant une épidémie de Mpox, causée par le virus monkeypox (clade Ib) en Afrique de l'Ouest, ce qui a conduit à la déclaration d'une urgence de santé publique de portée internationale (USPI) par l'OMS le 14 août. Cette situation a accentué la nécessité de développer et d'améliorer les outils de surveillance génomique de ce pathogène. Dans ce contexte, un *mémento* sur le séquençage du virus du monkeypox a été réalisé en deux semaines, permettant de clarifier le cadre national de cette surveillance génomique et d'orienter les discussions dès les premiers échanges entre les différents partenaires (Annexe 4).

S'agissant de l'influenza zoonotique, son caractère zoonotique nécessite une collaboration forte entre les secteurs de la santé animale et de la santé humaine. Intégrer ce sujet dans le projet d'extension des activités EMERGEN permet d'appliquer l'approche *One Health*, qui fait partie intégrante de EMERGEN 2.0. Cette approche vise notamment à l'amélioration du partage rapide des données de séquençage des virus détectés chez l'homme et l'animal entre CNR-VIR et LNR IA/IP, et la mise en place d'outils communs pour l'analyse et la comparaison des séquences.

### 4. BIBLIOGRAPHIE

1. Consortium EMERGEN [Internet]. [cité 6 sept 2024]. Disponible sur : <https://www.santepubliquefrance.fr/dossiers/coronavirus-covid-19/consortium-emergen>
2. Projet SEQ4EPI [Internet]. [cité 6 sept 2024]. Disponible sur : <https://www.santepubliquefrance.fr/dossiers/coronavirus-covid-19/projet-seq4epi>
3. WHO. Pathogens prioritization: a scientific framework for epidemic and pandemic research preparedness [Internet]. July 2024 [cité 19 nov 2024]. Available on: [Pathogens prioritization: a scientific framework for epidemic and pandemic research preparedness](#)
4. HCSP. Priorisation d'une liste de maladies infectieuses [Internet]. Paris : Haut Conseil de la santé publique ; 2023 oct [cité 6 sept 2024]. Disponible sur : <https://www.hcsp.fr/explore.cgi/avisrapportsdomaine?clefr=1363>
5. Union de la santé : l'HERA présente la liste des trois principales menaces pour la santé auxquelles il faut se préparer - Commission européenne [Internet]. [cité 6 sept 2024]. Disponible sur : [https://france.representation.ec.europa.eu/informations/union-de-la-sante-lhera-presente-la-liste-des-trois-principales-menaces-pour-la-sante-auxquelles-il-2022-07-12\\_fr](https://france.representation.ec.europa.eu/informations/union-de-la-sante-lhera-presente-la-liste-des-trois-principales-menaces-pour-la-sante-auxquelles-il-2022-07-12_fr)

## 5. ANNEXES

### Annexe 1 : Conduite à tenir face à une nouvelle émergence

**Tableau. Principaux aspects du séquençage, enjeux, apport du consortium EMERGEN et les points d'attention associés à chacun de ces points**

Aspects	Objectifs/ impact	Quels sont les enjeux	Valeur ajoutée d'EMERGEN	Partenaires	Points de vigilance
Diagnostics	Anticiper les faux négatifs et les problèmes techniques dus à la divergence génétique.	Retard de prise en charge	Recherche de mutations à cibler pour l'adaptation ou le développement de nouveaux outils de diagnostic	CNR	Définition en amont des réseaux d'acteurs à impliquer à court et moyen terme
	Préparer l'élaboration d'un nouveau protocole	Nouvelle définition de cas	Accès aux séquences réalisées par d'autres laboratoires que le CNR	Santé publique France CNR	Impact sur le délai de rendu des premiers résultats. Sensibilité et spécificité à prendre en compte
		Communication des professionnels	Expertise en interne, éléments de langages disponibles Canal d'échange existant	CNR Laboratoires séquenceurs	Définir un cadre concernant le partage des données de séquençage à l'échelle nationale et internationale
Contact-Tracing et description des chaînes de transmission	Définition de la stratégie de séquençage (critère et volume)		Mobilisation des compétences statistiques et épidémiologiques.	CNR ANRS-MIE Inserm (y compris la base de données)	Organiser des communications inter-agences
		Observer des divergences phylogénétiques entre les cas	Animation de réseaux de laboratoires		
	Repérer les cas divergents		Investigation et caractérisation des variants circulants et/ou émergents. Relier les résultats du séquençage aux données cliniques/épidémiologiques	CNR Santé publique France Anses	Nécessite un financement pour la maintenance inter crise. Attention au RGPD (en particulier dans les situations qui nécessitent de travailler avec des données sensibles)
Stratégie de séquençage	Montée en charge des capacités de séquençage	Coordination avec le monde animal/environnemental (One Health)	Coordination EMERGEN 2.0 impliquant Santé publique France, CNR et Anses	CNR Santé publique France Anses Cirad Inrae	Organiser des communications inter-agences
		Répondre rapidement au besoin de séquençage	L'expérience d'EMERGEN dans le renforcement des capacités grâce à des partenariats entre CNR, laboratoires hospitaliers,	CNRs Laboratoires hospitaliers Laboratoires privés Partenaires de recherche	Organiser les communications inter-agences. Anticiper la définition des acteurs à impliquer à moyen et long terme, en tenant compte des capacités et des besoins du CNR
	Assurer le financement des activités de séquençage	Anticiper le coût de la mise à l'échelle. Concevoir une stratégie de financement équilibrée	Créer un fonds d'urgence mobilisable rapidement. Financement de la recherche	Financement spécifique	

Aspects	Objectifs/ impact	Quels sont les enjeux	Valeur ajoutée d'EMERGEN	Partenaires	Points de vigilance
Caractérisation d'une nouvelle souche	Investigation des premiers cas/cas sévères	Identification des interactions entre les différents variants, les voies de contamination, la transmissibilité, la sévérité, l'efficacité vaccinale	Mise à disposition d'un questionnaire standardisé. Les résultats de séquençage disponibles dans une base de données unique facilitent la mise en relation des données génomiques avec les données épidémiologiques	Santé publique France	Recommandations Cnil
	Surveillance des variants et des mutations d'intérêt		Capacités de séquençage. Surveillance internationale. Expertise dans les CNR	Santé publique France CNRs Laboratoires de séquençages	Partage de données sur des bases de données internationales
	Surveillance de la dynamique de l'épidémie		Utilisation de systèmes de surveillance complémentaires	Santé publique France (coordination)	
Outre-mer	Délai de séquençage si un transport vers la France métropolitaine est nécessaire	Évaluation du risque épidémique avec des pays frontaliers ; (situations sanitaires et systèmes de surveillance différents)	Identification des acheminements et des partenariats en local possibles	Santé publique France CNR	Nécessité d'une collaboration internationale renforcée
	Dynamique pouvant différer de la France métropolitaine		Utilisation de systèmes spécifiques de surveillance	Santé publique France	

## Annexe 2 : Modèle de mémento sur le séquençage

### Carte d'identité du pathogène (*compléter le tableau*)

Nom :	
Type de pathogène	...
Dimensions	...
Taxonomie	
- Famille	...
- Genre	...
- Espèce	...
- Sous-espèce/souche/isolat	...
Réservoir	...
Mode de transmission	...
Nomenclature	...
Spécificité du génome	...
Homologie génomique	...

### Intérêt du séquençage (*cocher les cases*)

Surveillance
<input type="checkbox"/> Identification des mutations pouvant affecter la capacité de transmission.
<input type="checkbox"/> Suivi de la propagation de souches afin de déterminer les modalités de transmission.
<input type="checkbox"/> Détection de l'émergence de variants pouvant avoir un impact sur la santé publique (transmissibilité et/ou gravité) pour guider des actions précoce destinées à contenir la propagation et son impact sur le système hospitalier.
<input type="checkbox"/> Identification des génotypes (mutations et groupes de mutations) pouvant affecter la capacité d'échappement à l'immunité vaccinale et post-infection ; la capacité de résistance aux traitements.
<input type="checkbox"/> Identification des clusters de cas apparemment isolés en révélant des similarités génétiques entre eux. Cela permet de détecter des chaînes de transmission qui pourraient être manquées par d'autres méthodes de surveillance.
<input type="checkbox"/> Orientation des mesures de santé publique : mise en place de mesures de quarantaine ciblées, la vaccination stratégique et le suivi des contacts.
<input type="checkbox"/> Caractérisation d'une souche associée à un cas sévère admis en réanimation.
Projets de recherche (portés par le CNR-VIR ou des équipes de recherche)
<input type="checkbox"/> Évaluation de la compétition avec d'autres agents pathogènes similaires.
<input type="checkbox"/> Identification des génotypes pouvant échapper à la technique de dépistage (repérer les faux négatifs et adapter les kits de dépistage).
<input type="checkbox"/> Réalisation d'un arbre phylogénétique permettant d'observer les possibles divergences entre les cas animaux et les cas humains (interface santé humaine/animale).
<input type="checkbox"/> Identification des mutations ayant favorisé le passage à l'homme et/ou celles pouvant affecter la capacité de transmission interhumaine.

## Processus de séquençage (*à compléter - ressources disponibles à la fin du document*)

Prélèvement	⇒	Échantillon prélevé à des fins de diagnostic dans des laboratoires communautaires ou hospitaliers ?
Techniques de séquençage disponibles	⇒	Sanger (génome partiel, généralement limité aux gènes ou aux régions d'intérêt, mais rapide) WGS utilisant les technologies Illumina ou Nanopore Autre : _____
Le séquençage des agents pathogènes est effectué par	⇒	CNR ? Les laboratoires hospitaliers équipés de séquenceurs et les plateformes de séquençage ? Autre acteur : Laboratoires privés, CIBU ?

## Tableau logistique (*à compléter*)

Stratégie de séquençage	Préleveurs	Laboratoires séquenceurs	Partage des données
...	...	...	...
...	...	...	...

Particularités de l'envoi des prélèvements pour séquençage (*information sur le site internet du CNR*) :

- CNR de référence :
- Spécificités du séquençage :
- Transport :
- Conservation :

## Actions de prévention

Existe-t-il déjà des mesures de contrôle et/ou des actions de prévention ?

Santé publique France informe la population sur les mesures de prévention adaptées pour diminuer le risque de contamination. Dans ce cadre, Santé publique France :

- produit des messages et met à disposition des outils de prévention destinés aux professionnels de santé et au grand public, ainsi qu'aux personnes vulnérables dont certains sont traduits en plusieurs langues ;
- promeut la vaccination (*via* des campagnes médiatiques par exemple) et les mesures de prévention, notamment en période épidémique.

Les autorités sanitaires françaises fournissent des orientations en termes de mesures de contrôle, de contre-mesures médicales et d'actions préventives. Certaines documentations peuvent également être trouvées dans les avis de la Haute Autorité de santé (HAS) ou du Haut Conseil de la santé publique (HCSP).

Existe-t-il des vaccins ?

Le site d'information [vaccination-info-service.fr](http://vaccination-info-service.fr) répond de façon fiable et scientifiquement validée aux questions que peuvent se poser la population et les professionnels de santé.

## Vaccins actuellement autorisés en France pendant la campagne

Maladies ciblées par le vaccin	Noms commerciaux des vaccins	Souche ciblée par le vaccin

## Liens utiles en complément du mémento

### Consortium EMERGEN et projet :

- Santé publique France, EMERGEN : Consortium EMERGEN : Point d'étape sur son déploiement, publié le 30 juin 2021,  
<https://www.santepubliquefrance.fr/presse/2021/consortium-emergen-point-d-etape-sur-son-deploiement>
- Inserm, Actualité, Science, Séquençage et surveillance génomique des virus : lumière sur EMERGEN et Afroscreen, publié le 7 juillet 2022,  
<https://www.inserm.fr/actualite/sequencage-et-surveillance-genomique-des-virus-lumiere-sur-emergen-et-afroscreen/>
- Santé publique France, "Project Enhancing Whole Genome Sequencing (WGS) and/or Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction (RT-PCR) national infrastructures and capacities to respond to the COVID-19 pandemic", publié le 18 octobre 2023,  
<https://www.santepubliquefrance.fr/dossiers/coronavirus-covid-19/project-enhancing-whole-genome-sequencing-wgs-and-or-reverse-transcription-polymerase-chain-reaction-rt-pcr-national-infrastructures-and-capaci>
- Santé publique France, Projet SEQ4EPI, mis à jour le 20 août 2024,  
<https://www.santepubliquefrance.fr/dossiers/coronavirus-covid-19/projet-seq4epi>

### Laboratoires :

- Liste des centres nationaux de référence pour la lutte contre les maladies transmissibles,  
<https://www.santepubliquefrance.fr/a-propos/nos-principes-fondateurs/centres-nationaux-de-refernce-pour-la-lutte-contre-les-maladies-transmissibles>
- EMERGEN : liste des laboratoires du réseau ANRS - ANRS MIE,  
<https://anrs.fr/fr/actualites/actualites/emergen-liste-des-laboratoires-du-reseaux-anrs/>
- Institut Pasteur, CIBU, <https://www.pasteur.fr/fr/sante-publique/cibu?language=fr>
- RELAB – Réseau de laboratoires privés | #TeamHCL - Hospices civils de Lyon,  
<https://teamhcl.chu-lyon.fr/relab>

### Bibliographie :

- HCSP. Priorisation d'une liste de maladies infectieuses. Paris : Haut Conseil de la santé publique, octobre 2023, <https://www.hcsp.fr/explore.cgi/avisrapportsdomaine?clefr=1363>
- Union de la santé : l'HERA présente la liste des trois principales menaces pour la santé auxquelles il faut se préparer - Commission européenne. Disponible sur :  
[https://france.representation.ec.europa.eu/informations/union-de-la-sante-lhera-presente-la-liste-des-trois-principales-menaces-pour-la-sante-auxquelles-il-2022-07-12\\_fr](https://france.representation.ec.europa.eu/informations/union-de-la-sante-lhera-presente-la-liste-des-trois-principales-menaces-pour-la-sante-auxquelles-il-2022-07-12_fr)
- Société française de microbiologie (SFM), <https://www.sfm-microbiologie.org/>

Ajoutez des liens utiles spécifiques si disponibles

### Références

Ajouter des références si disponibles

## Annexe 3 : Mémento sur le séquençage du SARS-CoV-2

### Carte d'identité du pathogène

Nom : Coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2)	
Type de pathogène	Virus enveloppé ARN simple brin à polarité positive
Dimensions	60 à 140 nm de long, 100 nm de diamètre
Taxonomie	
- Famille	Coronaviridae (CoV)
- Genre	Bétacoronavirus
- Espèce	SARS-CoV-2
Réservoir	Humain
Mode de transmission	Transmission directe via aérosols ou contact de personne à personne ; indirect via contact avec des gouttelettes ou des surfaces contaminées
Nomenclature	Variant (classification), lignage (Pangolin), clade (Nextclade)
Spécificité du génome	Génome codant pour 16 protéines non structurelles et 4 protéines structurelles : spike (S, contenant le domaine de liaison au récepteur RBD qui se fixe au récepteur cellulaire ACE2 sur la cellule hôte), enveloppe (E), membrane (M) et nucléocapside (N)
Homologie génomique	79 % avec le SARS-CoV et 52 % avec le MERS-CoV

### Intérêt du séquençage

Surveillance
<ul style="list-style-type: none"><li>■ Identification des mutations pouvant affecter la capacité de transmission.</li><li>■ Suivi de la propagation de souches afin de déterminer les modalités de transmission.</li><li>■ Détection de l'émergence de variants pouvant avoir un impact sur la santé publique (transmissibilité et/ou gravité) pour guider des actions précoce destinées à contenir la propagation et son impact sur le système hospitalier.</li><li>■ Identification des génotypes (mutations et groupes de mutations) pouvant affecter la capacité d'échappement à l'immunité vaccinale et post-infection ; la capacité de résistance aux traitements.</li><li>■ Identification des clusters de cas apparemment isolés en révélant des similarités génétiques entre eux. Cela permet de détecter des chaînes de transmission qui pourraient être manquées par d'autres méthodes de surveillance.</li><li>■ Orientation des mesures de santé publique : mise en place de mesures de quarantaine ciblées, la vaccination stratégique et le suivi des contacts.</li><li>■ Caractérisation d'une souche associée à un cas sévère admis en réanimation.</li></ul>
Projets de recherche (portés par le CNR-VIR ou des équipes de recherche)
<ul style="list-style-type: none"><li>■ Évaluation de la compétition avec d'autres agents pathogènes similaires.</li><li>■ Identification des génotypes pouvant échapper à la technique de dépistage (repérer les faux négatifs et adapter les kits de dépistage).</li><li>■ Réalisation d'un arbre phylogénétique permettant d'observer les possibles divergences entre les cas animaux et les cas humains (interface santé humaine/animale).</li><li>■ Identification des mutations ayant favorisé le passage à l'homme et/ou celles pouvant affecter la capacité de transmission interhumaine.</li></ul>

## Processus de séquençage

Prélèvement	⇒	RT-qPCR réalisées dans les laboratoires de ville et dans les hôpitaux
Techniques de séquençage disponibles	⇒	Sanger (génome partiel, généralement le gène S, mais rapide) WGS utilisant les technologies Illumina or Nanopore
Le séquençage du SARS-CoV-2 est effectué par	⇒	CNR Virus des Infections Respiratoires (laboratoire coordonnateur aux Hospices Civils de Lyon (HCL), associé aux laboratoires de l'Institut Pasteur Paris, Institut Pasteur de Guyane et CHU de La Réunion) Laboratoires hospitaliers du réseau de l'ANRS-MIE Voie urgente et rapide : CIBU

## Tableau logistique

Stratégie de séquençage	Préleveurs	Laboratoires séquenceurs	Partage des données ata sharing
Enquêtes Flash	Laboratoires de 1 <sup>re</sup> ligne et hospitaliers	CNR-VIR (4 laboratoires) Laboratoires hospitaliers de l'ANRS-MIE	EMERGEN-DB ; GISAID
Surveillance via le réseau sentinel	Médecins généralistes du réseau Sentinel	CNR-VIR	EMERGEN-DB ; GISAID
RELAB (12)	Laboratoires de 1 <sup>re</sup> ligne du réseau RELAB (CERBALLIANCE and BIOGROUP)	CNR-VIR (HCL et Institut Pasteur Paris)	EMERGEN-DB ; GISAID
Séquençage ciblé (cas graves, immunodéprimés, échecs de traitement, voir les recommandations SFM) (13)	Surtout les laboratoires hospitaliers	CNR-VIR (4 laboratoires) Laboratoires hospitaliers de l'ANRS-MIE	EMERGEN-DB ; GISAID
Interventionnel	Tous les laboratoires	En fonction de la situation	EMERGEN-DB ; GISAID
Voie urgente et rapide	Tous les laboratoires	Rapide : CNR-VIR Urgente : CIBU	EMERGEN-DB ; GISAID

Particularités de l'envoi des prélèvements pour séquençage :

- CNR de référence : CNR-VIR
- Séquençage uniquement si la charge virale est suffisante (CT<28)
- Transport : conserver et envoyer à 4 °C dans les plus brefs délais
- Conservation : tout prélèvement conservé congelé doit être envoyé en carboglace dans la mesure du possible

## Actions de prévention

Existe-t-il des actions de prévention ?

Santé publique France informe la population sur les mesures de prévention adaptées pour diminuer le risque de contamination. Dans ce cadre, Santé publique France :

- produit des messages et met à disposition des outils de prévention destinés aux professionnels de santé et au grand public, ainsi qu'aux personnes vulnérables dont certains sont traduits en plusieurs langues ;
- promeut la vaccination (*via* des campagnes médiatiques par exemple) et les mesures de prévention, notamment en période épidémique.

Existe-t-il des vaccins ?

Le site d'information [vaccination-info-service.fr](https://www.vaccination-info-service.fr) répond de façon fiable et scientifiquement validée aux questions que peuvent se poser la population et les professionnels de santé. Deux rubriques

consacrées à la vaccination contre la COVID-19, l'un pour le grand public et l'autre en direction des professionnels de santé pour mieux les accompagner dans leur pratique.

- [Informations à destination du grand public](#)
- [Informations à destination des professionnels de santé](#)

### Vaccins COVID-19 actuellement commercialisés en France lors de la campagne 2024-2025

Maladies ciblées par le vaccin	Noms commerciaux des vaccins	Souche ciblée par le vaccin
COVID-19	COMIRNATY JN.1 3 µg Enfant (6 mois-4 ans) Autre nom : brétovaméran	Omicron JN.1
COVID-19	COMIRNATY JN.1 10 µg Enfant (5-11 ans) Autre nom : brétovaméran	Omicron JN.1
COVID-19	COMIRNATY JN.1 30 µg Adulte (+ 12 ans) Autre nom : brétovaméran	Omicron JN.1

### Liens utiles

- WHO classification of SARS-CoV-2 variants,  
<https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>
- Classification PANGO Lineages,  
[https://github.com/cov-lineages/pango-designation/blob/master/lineage\\_notes.txt](https://github.com/cov-lineages/pango-designation/blob/master/lineage_notes.txt)
- COVID-19 treatments,  
<https://www.vidal.fr/maladies/voies-respiratoires/coronavirus-covid-19/traitements.html>
- Information sur les variants SARS-CoV-2,  
<https://www.santepubliquefrance.fr/dossiers/coronavirus-covid-19/coronavirus-circulation-des-variants-du-sars-cov-2>
- Santé publique France, EMERGEN : Consortium EMERGEN : Point d'étape sur son déploiement, publié le 30 juin 2021,  
<https://www.santepubliquefrance.fr/presse/2021/consortium-emergen-point-d-etape-sur-son-deploiement>
- Inserm, Actualité, Science, Séquençage et surveillance génomique des virus : lumière sur EMERGEN et Afroscreen, publié le 7 juillet 2022,  
<https://www.inserm.fr/actualite/sequencage-et-surveillance-genomique-des-virus-lumiere-sur-emergen-et-afroscreen/>
- Institut Pasteur, Centre médical, Fiches maladies, COVID-19 (Virus SARS-CoV-2), septembre 2023, <https://www.pasteur.fr/fr/centre-medical/fiches-maladies/covid-19-virus-sars-cov-2>
- Ministère de l'Enseignement supérieur et de la Recherche (MESR), Service Presse, La recherche au cœur du plan de surveillance génomique du territoire français de variants du SARS-CoV-2, communiqué de presse publié le 10 janvier 2022,  
<https://www.enseignementsup-recherche.gouv.fr/fr/la-recherche-au-coeur-du-plan-de-surveillance-genomique-du-territoire-francais-de-variants-du-sars-83065>

- Santé publique France, Consortium EMERGEN : évolution de la surveillance génomique des variants du SARS-CoV-2, mise à jour au 1er janvier 2023,  
<https://www.santepubliquefrance.fr/les-actualites/2023/consortium-emergen-evolution-de-la-surveillance-genomique-des-variants-du-sars-cov-2>
- Santé publique France, Surveillance du CCOVID-19 depuis le 1er juillet 2023, mise à jour au 4 juillet 2023,  
<https://www.santepubliquefrance.fr/les-actualites/2023/surveillance-du-covid-19-depuis-le-1er-juillet-2023>
- Santé publique France, “Project Enhancing Whole Genome Sequencing (WGS) and/or Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction (RT-PCR) national infrastructures and capacities to respond to the COVID-19 pandemic”, publié le 18 octobre 2023,  
<https://www.santepubliquefrance.fr/dossiers/coronavirus-covid-19/project-enhancing-whole-genome-sequencing-wgs-and-or-reverse-transcription-polymerase-chain-reaction-rt-pcr-national-infrastructures-and-capaci>
- Le site internet du projet SEQ4EPI  
<https://www.santepubliquefrance.fr/dossiers/coronavirus-covid-19/projet-seq4epi> .
- Santé publique France, Analyse de risque sur les variants émergents du SARS-CoV-2 2024, mise à jour au 12 février 2024,  
<https://www.santepubliquefrance.fr/media/files/01-maladies-et-traumatismes/maladies-et-infections-respiratoires/infection-a-coronavirus/analyse-de-risque-liee-aux-variants-emergents-de-sars-cov-2-12-02-24>

## Annexe 4 : Mémento sur le séquençage : virus monkeypox

### Carte d'identité du pathogène [1]

Nom : Virus monkeypox (MPXV)	
Type de pathogène	Virus enveloppé ADN double brin, virus MOT
Dimensions	Virus ADN de grande taille, petite brique d'environ 350 nm sur 250 nm
Taxonomie	
- Famille	Poxviridae
- Sous-famille	Chordopoxvirinae
- Genre	Orthopoxvirus
- Clades	Clade II (Afrique de l'Ouest) et clade I (Centre Afrique/ Congo)
Réservoir	Inconnu
Mode de transmission	Zoonose Transmission interhumaine : contact direct avec la peau, activité sexuelle, contact indirect (par des objets contaminés par le patient)
Nomenclature [2]	Clade ( <a href="#">Nextstrain</a> ), lignages
Spécificité génome	Génome viral linéaire, ADN double brin de près de 200 kb, terminé aux deux extrémités par des structures en boucle précédées de séquences répétées inversées
Homologie génomique	96 % homologie entre la région centrale hautement conservée du génome du MPXV et les séquences des souches prototypes du virus de la variole

### Intérêt du séquençage

Surveillance
<input checked="" type="checkbox"/> Identification des mutations pouvant affecter la capacité de transmission.
<input type="checkbox"/> Suivi de la propagation de souches afin de déterminer les modalités de transmission.
<input checked="" type="checkbox"/> Détection de l'émergence de variants pouvant avoir un impact sur la santé publique (transmissibilité et/ou gravité) pour guider des actions précoce destinées à contenir la propagation et son impact sur le système hospitalier.
<input checked="" type="checkbox"/> Identification des génotypes (mutations et groupes de mutations) pouvant affecter la capacité d'échappement à l'immunité vaccinale et post-infection ; la capacité de résistance aux traitements.
<input checked="" type="checkbox"/> Identification des clusters de cas apparemment isolés en révélant des similarités génétiques entre eux. Cela permet de détecter des chaînes de transmission qui pourraient être manquées par d'autres méthodes de surveillance.
<input checked="" type="checkbox"/> Orientation des mesures de santé publique : mise en place de mesures de quarantaine ciblées, la vaccination stratégique et le suivi des contacts.
<input checked="" type="checkbox"/> Caractérisation d'une souche associée à un cas sévère admis en réanimation.
Projets de recherche (portés par le CNR-VIR ou des équipes de recherche)
<input type="checkbox"/> Évaluation de la compétition avec d'autres agents pathogènes similaires.
<input checked="" type="checkbox"/> Identification des génotypes pouvant échapper à la technique de dépistage (repérer les faux négatifs et adapter les kits de dépistage).
<input type="checkbox"/> Réalisation d'un arbre phylogénétique permettant d'observer les possibles divergences entre les cas animaux et les cas humains (interface santé humaine/animale).
<input type="checkbox"/> Identification des mutations ayant favorisé le passage à l'homme et/ou celles pouvant affecter la capacité de transmission interhumaine.

## Processus de séquençage

Prélèvement	⇒	Échantillon prélevé à des fins de diagnostic dans les laboratoires hospitaliers
Techniques de séquençage disponibles	⇒	WGS utilisant les technologies Illumina ou Nanopore
Le séquençage des agents pathogènes est effectué par	⇒	CNR-Orthopoxvirus 4 plateformes de séquençage Autre acteur : CIBU (en cas d'émergence)

## Tableau logistique

Stratégie de séquençage	Préleveurs	Laboratoires séquenceurs	Partage des données
Systématique	Aucun	CNR-Orthopoxvirus	Base de données interne au CNR-Orthopoxvirus EMERGEN-DB (en cours)
Systématique	Aucun	4 plateformes de séquençage	EMERGEN-DB (en cours)

Particularités de l'envoi des prélèvements pour séquençage :

- CNR de référence : [NRL-Orthopoxvirus](#)
- Spécificités du séquençage : uniquement par les laboratoires accrédités MOT
- Transport et conservation : spécifique à la nature de l'échantillon ; détails sur [la fiche de conseils produite par le CNR](#)

## Actions de prévention

Information sur les vaccins et les traitements. Deux stratégies sont recommandées :

- Stratégie de prévention pour les personnes non vaccinées ou incomplètement vaccinées qui présentent un risque élevé d'exposition au virus ;
- Stratégie réactive pour les personnes en contact direct avec les cas identifiés dans un délai de 4 à 14 jours

Cette stratégie est détaillée sur le [site Web de la HAS](#).

## Vaccins et traitement actuellement commercialisés en France [3]

Vaccins		
Maladies ciblées par le vaccin	Noms commerciaux des vaccins	Souche ciblée par le vaccin
Maladie Mpox	Vaccin antivariolique de 3e génération IVANEX (Nordic A/S laboratoire) (JYNNEOS ou IMVAMUNE dans d'autre pays)	MPXV (Vaccin modifié Ankara – Bavarian Nordic ou MVA-BN) Efficacité attendue contre le clade Ib*
Traitements		
Maladies ciblées par un traitement	Noms commerciaux du traitement	Informations
Maladie Mpox	Tecovirimat	Bien toléré par les participants à l'étude et n'a pas provoqué d'événements indésirables graves, mais il n'a pas réduit la durée de leurs lésions du clade I de Mpox [4]
Maladie Mpox. Pas AMM.	Brincidofovir	Traitements de 2e intention. Pas de données d'efficacité chez l'homme.
Infection Orthopoxvirus. Pas AMM.	Cidofovir	Traitements de 3e intention. Aucune preuve établie à ce jour de l'efficacité du Cidofovir chez l'homme dans les infections à Orthopoxvirus.

\*Des questions subsistent quant à l'efficacité réelle du clade I, aux corrélats de protection, à la durée de l'immunité, à l'efficacité et à la sécurité chez les enfants et les femmes enceintes. Des projets de recherche sont donc nécessaires pour mieux comprendre et gérer la maladie [5].

## Liens utiles

### Nomenclature :

- Épidémiologie génomique des virus mpox à travers les clades (arbre phylogénétique) : [Nextstrain / mpox / all-clades](#)
- [GitHub - nextstrain/mpox: Nextstrain build for mpox virus](#)

### Épidémiologie :

- Page mpox sur le site Web de Santé publique France : [Mpoxy | Santé publique France \(santepubliquefrance.fr\)](#)

### Virologie :

- Site Web du CNR-Orthopoxvirus : [Centres nationaux de référence \(CNR\) - Institut de Recherche Biomédicale des Armées \(defense.gouv.fr\)](#)

### Bibliographie :

- Information clés et contexte : [Mpoxy - ANRS MIE](#)
- Littérature : [MPox • Global Outbreaks Research](#)
- Page Web répertoriant des documents d'intérêt sur l'épidémie de Mpoxy : [Monkeypox - émergences - Groupes de travail - SPILF - Infectiologie](#)

## Références

1. Mission COREB nationale, Santé publique France, Ferraris O, Martin-Blondel, Parneix, Launay, et al. Infection par le Mpoxy virus (MPXV) État des connaissances [Internet]. COREB. 2024. p. 21-3. Available on : <https://www.coreb.infectiologie.com/fr/diaporama.html>
2. Ulaeto D, Agafonov A, Burchfield J, Carter L, Happi C, Jakob R, Krpelanova E, Kuppalli K, Lefkowitz EJ, Mauldin MR, de Oliveira T, Onoja B, Otieno J, Rambaut A, Subissi L, Yinka-Ogunleye A, Lewis RF. New nomenclature for mpox (monkeypox) and monkeypox virus clades. Lancet Infect Dis. 2023 Mar ;23(3):273-275. doi : 10.1016/S1473-3099(23)00055-5. Epub 2023 Feb 6. PMID : 36758567; PMCID : PMC9901940.
3. Avis relatif aux mesures de prévention actualisées vis-à-vis de l'infection due au virus monkeypox pour les personnes se rendant dans la zone d'épidémie (voyageurs et professionnels de santé dans le cadre de missions humanitaires) [Internet]. [https://sante.gouv.fr/IMG/pdf/avis\\_mpx\\_voyageurs\\_v5\\_4\\_sept2024\\_v\\_pour\\_envoi.pdf](https://sante.gouv.fr/IMG/pdf/avis_mpx_voyageurs_v5_4_sept2024_v_pour_envoi.pdf). Haut Conseil de la santé publique ; 2024 sept [cité 29 oct 2024]. Available on: [https://sante.gouv.fr/IMG/pdf/avis\\_mpx\\_voyageurs\\_v5\\_4\\_sept2024\\_v\\_pour\\_envoi.pdf](https://sante.gouv.fr/IMG/pdf/avis_mpx_voyageurs_v5_4_sept2024_v_pour_envoi.pdf)
4. The antiviral tecovirimat is safe but did not improve clade I mpox [Internet]. National Institutes Of Health (NIH). 2024. Available on: <https://www.nih.gov/news-events/news-releases/antiviral-tecovirimat-safe-did-not-improve-clade-i-mpx-resolution-democratic-republic-congo>
5. Mpoxy - ANRS MIE [Internet]. ANRS Maladies Infectieuses Émergentes. Available on: <https://anrs.fr/fr/recherche/maladies-pathogenes/mpox/>