

COMPRENDRE LE VARIANT DU SRAS-COV-2 (B.1.1.7) IDENTIFIÉ AU ROYAUME-UNI

Plusieurs variants préoccupants du SRAS-CoV-2 ont été identifiés, dont **B.1.1.7** (identifié la première fois au Royaume-Uni), **B.1.351** (identifié la première fois en Afrique du Sud) et **P.1** (identifié la première fois au Brésil).

L'IDENTIFICATION ET LA CARACTÉRISATION DE TOUS LES NOUVEAUX VARIANT SONT INDISPENSABLES À LA PRÉVENTION ET À LA LUTTE CONTRE LES INFECTIONS.



EN SAVOIR PLUS PAR L'EXAMEN DU CAS DU VARIANT B.1.1.7

Génome viral



GAUUACAUAG

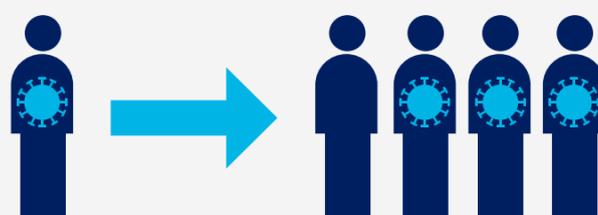


GACUACAUAG



GACUACGUAG

- Des **mutations** surviennent occasionnellement lorsqu'un virus infecte un hôte et se réplique à maintes reprises.
- Les mutations changent le code génétique (génom) du virus.
- Un **variant** ou **lignée** d'un virus contient un groupe de mutations dans son génome, de sorte qu'il diffère de celui du virus décrit initialement.
- **Plus de 1 000** variants du SRAS-CoV-2 ont été décrits.



Selon les estimations, le nouveau variant est de 50 à 70 pour 100 plus transmissible que les variants préexistants.



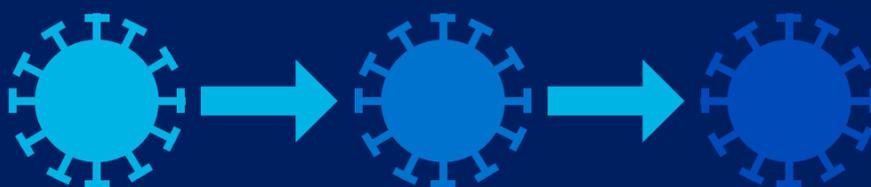
Décembre 2020, Royaume-Uni :
Un nombre étonnant de cas causés par le même variant sont identifiés.



L'identification et les résultats du séquençage génomique de l'initiative VirusSeq permettent des décisions et des stratégies rapides en matière de politique sanitaire afin de réduire au minimum la propagation et de s'assurer d'un suivi permanent partout au pays.



Mi-janvier 2021 :
Le variant est détecté dans quatre provinces.



LE VARIANT B.1.1.7 CONTIENT DE NOMBREUSES MUTATIONS PAR OPPOSITION AU VIRUS DÉCRIT INITIALEMENT ET D'AUTRES LIGNÉES CIRCULENT ACTUELLEMENT.