

## Résumé

### Introduction et Objectif :

La caractérisation moléculaire du virus de la rougeole (MeV) est un outil essentiel de surveillance et de contrôle du programme d'élimination de la maladie. L'OMS reconnaît 24 génotypes du MeV mais seulement deux génotypes prédominent actuellement dans le monde : D8 et B3. Le présent travail décrit les différents génotypes du MeV ayant circulé en Algérie durant la période de pandémie COVID-19 de 2020 à 2023.

### Matériels et méthodes :

De janvier 2020 à décembre 2023, 334 cas suspects de rougeole ont été envoyés au laboratoire pour confirmation. Les prélèvements de gorge, au nombre de 33, ont été collectés lors des épidémies pour investigation. La recherche de l'ARN du MeV a été réalisée par qRT-PCR. Le génotypage a été effectué par séquençage d'une région de 450 nucléotides du gène de la nucléoprotéine (N) suivi par analyse phylogénétique selon le protocole CDC.

### Résultats et Discussion :

Durant la période d'étude, sur les 334 prélèvements testés en IgM anti-MeV, 114 ont été confirmés positifs. La majorité des cas positifs provenait du sud du pays (Adrar, Tindouf, Tamanrasset et Djanet). La qRT-PCR a révélé la présence de l'ARN du MeV dans 21 prélèvements de gorge. L'analyse des séquences obtenues montre que toutes les souches identifiées appartenaient au même génotype B3. Cependant, une diversité au sein de ce génotype a été observée avec trois clusters bien distingués: deux introductions nouvelles et une persistance de la circulation de la souche responsable de l'épidémie nationale de 2017-2018.

### Conclusion :

Les résultats de cette étude montrent que malgré les mesures de confinement appliquées durant la pandémie COVID-19, le MeV a été à l'origine de plusieurs épidémies essentiellement dans le sud du pays. Par ailleurs, la caractérisation moléculaire du MeV demeure un élément important dans les enquêtes d'investigation des épidémies pour le suivi des voies de transmission, la détection des liens entre les différents variants et la surveillance des souches en circulation.

### Mot Clé :

Rougeole, Génotype, séquençage, Épidémies, Phylogénie

## Introduction

Le virus de la rougeole (MeV) est un virus à ARN simple brin extrêmement contagieux à transmission essentiellement par voie respiratoire. Malgré l'utilisation généralisée d'un vaccin sûr et efficace, la rougeole reste endémique en Algérie.

La caractérisation moléculaire du (MeV) est un outil essentiel de surveillance génomique et de contrôle de l'efficacité des programmes de vaccination et d'élimination de la maladie.

L'OMS reconnaît 24 génotypes du MeV mais seulement deux génotypes prédominent actuellement dans le monde : D8 et B3.

La protéine N des virus sauvages présente une hétérogénéité antigénique dans la région C-terminale et diffère jusqu'à 7 à 12 % au sein des 456 nucléotides C-terminaux.

## Objectif

Le présent travail décrit les différents génotypes du MeV ayant circulé en Algérie durant la période de pandémie COVID-19 de 2020 à 2023.

### References

1-World Health Organization (WHO). Manual for the laboratory diagnosis of measles and rubella virus infection, 3rd edition. Geneva: WHO; 2018.

2-World Health Organization (WHO). Update of the nomenclature for describing the genetic characteristics of wild-type measles viruses: new genotypes and reference strains. Wkly Epidemiol Rec. 2003;78(27):229-32. [PMID: 12866261](#)

3-Genetic diversity of wild-type measles viruses and the global measles nucleotide surveillance database (MeaNS). Wkly Epidemiol Rec. 2015;90(30):373-80. [PMID: 26211016](#)

4- World Health Organization (WHO). Update: circulation of active genotypes of measles virus and recommendations for use of sequence analysis to monitor viral transmission. Wkly Epidemiol Rec.2022;97(39):485-92.

## Matériels et Méthodes

De janvier 2020 à décembre 2023, 334 cas suspects de rougeole ont été envoyés au laboratoire pour confirmation par dosage des anticorps IgM par la technique immuno-enzymatique ELISA. Les prélèvements de gorge, au nombre de 33, ont été collectés de patient provenant de différente willaya lors des épidémies pour moléculaire et la variabilité génétique des souches du MeV .

L'ARN viral a été extrait à partir des échantillons de gorge en utilisant le kit Qiagen viral RNA mini kit selon le protocole défini par le fabricant.

La recherche de l'ARN du MeV a été réalisée par PCR quantitative en temps réel (qRT-PCR) en utilisant la SuperScript Platinum One-Step (Invitrogen) et les échantillons positifs avec un CT inférieur à 28 ont été sélectionnés pour génotypage. Une RT-PCR classique a été réalisée par la suite à l'aide d'amorces spécifiques pour l'amplification d'un fragment de 634 nucléotides ciblant les 450 nucléotides codant pour les 150 acides aminés carboxyl-terminaux du gène de la nucléoprotéine (N) recommandée par l'OMS en vue de la détermination du génotype du (MeV).

Les produits purifiés ont été séquencés à l'aide du kit BigDye Terminator V3.1 (Applied Biosystems) et le séquenceur SeqStudio Genetic Analyzer (Thermo Scientific)

Les raw data issus du séquenceur sous forme de chromatogrammes ont été traités, corrigés et convertis en fichiers FASTA.

Les séquences obtenues ont été alignées avec les séquences de référence définies par l'OMS pour construire l'arbre phylogénétique en utilisant la méthode Maximum parsimony et un bootstrap de 1000 pour la robustesse de l'arbre à l'aide du logiciel MEGA (version 7.0).

Les séquences ont été nommées selon les recommandations de l'OMS et déposées dans la base de données WHO Global Measles Nucleotide Sequence Database (MeaNS2, <https://who-gmrln.org/means2>).

La recherche de similarité a été effectuée sur MeaNS2 et/ou NCBI par l'intermédiaire de BLAST @.

## Résultats et Discussion

Durant la période d'étude, sur les 334 prélèvements testés en IgM anti-MeV, 114 ont été confirmés positifs répartis comme suit: 34 en 2020, 41 en 2021, 5 en 2022, et 34 en 2023.

La majorité des cas positifs provenait du sud du pays (Adrar, Tindouf, Tamanrasset et Djanet).

La qRT-PCR a révélé la présence de l'ARN du MeV dans 21 prélèvements de gorge.

L'analyse des séquences obtenues montre que toutes les souches identifiées appartenaient au même génotype B3, cependant, une diversité au sein de ce génotype a été observée avec trois clusters bien distingués (Figure 1): deux introductions nouvelles et une persistance de la circulation de la souche responsable de l'épidémie nationale de 2017-2018.

Toutes les souches isolées à Adrar, Tindouf, Djanet et Tamanrasset (sauf ceux de la semaine 05/2023) présentaient une similarité de 100% avec une souche détectée au Nigeria en 2019 (MVs/Yola North.NGA/30.19/2).

Un exact match de similitude a été retrouvé entre les trois souches de la semaine 05 (2023) de Tamanrasset et une souche qui a circulé au Guinée en 2022 (MVs/Conakry.GIN/20.22).

À notre surprise, la souche de Tiarét isolée durant la 05 semaine de 2020 ressemblait aux séquences de 2017-2018 (Données non encore publiées).

## Conclusions

La rougeole et ses complications constituent un défi de santé publique important.

Les résultats de cette étude montrent que malgré les mesures de confinement appliquées durant la pandémie COVID-19, le MeV a été à l'origine de plusieurs épidémies essentiellement dans le sud du pays.

La persistance de la circulation de la souche responsable de l'épidémie nationale de 2017-2018 peut indiquer une certaine défaillance au niveau du programme élargi de vaccination des enfants.

Par ailleurs, la caractérisation moléculaire du MeV demeure un élément important dans les enquêtes d'investigation des épidémies pour le suivi des voies de transmission, la détection des liens entre les différents variants et la surveillance des souches en circulation.



**Figure 1. Comparaison phylogénétique des souches algériennes du MeV isolés durant la période de l'étude avec les souches de références. Les valeurs du Bootstrap (1,000 replicates) > 70% sont indiqués.**