

ENQUÊTES FLASH

Les enquêtes Flash ont pour objectif de dresser une cartographie après séquençage de l'ensemble des virus du SARS-CoV-2 (variants préoccupants connus ou non) qui circulent sur le territoire. Elles sont basées sur un échantillonnage aléatoire de prélèvements ayant un résultat de RT-PCR positif issus des laboratoires participants, indépendamment de tout criblage préalable.

+ d'info : www.santepubliquefrance.fr

19 avril 2021

[COVID-19, surveillance génomique]

Quelle est l'évolution moléculaire des virus SARS-CoV-2 circulant sur le territoire ?

Résultats consolidés de l'enquête Flash #5 (16 mars 2021)

Indicateurs clés de la surveillance génomique des virus SARS-CoV-2

► Flash #5 (16 mars 2021)

2 860 prélèvements provenant de 14 régions / territoires de France métropolitaine et d'outre-mer

Les variants préoccupants suivants ont été identifiés parmi les prélèvements :

82,3 % de variants 20I/501Y.V1 (B.1.1.7)

6,4 % de variants 20H/501Y.V2 (B.1.351)

0,3 % de variants 20J/501Y.V3 (P.1)

0,1 % de variants 20I/484K (B.1.1.7 + E484K)

► Enquête Flash #5 du 16 mars 2021 (résultats consolidés)

• **Pour cette enquête Flash #5**, les LBM participants devaient transmettre 20 % des prélèvements positifs du jour de l'enquête pour les laboratoires ayant plus de 20 prélèvements positifs ou la totalité des prélèvements positifs du jour pour les laboratoires ayant moins de 20 prélèvements positifs. En complément, en lien avec une investigation en cours autour de Lannion concernant l'émergence d'un nouveau variant appartenant au clade¹ 20C, le protocole de l'enquête Flash #5 a été adapté pour les laboratoires préleveurs (publics ou privés) de la région Bretagne qui devaient transmettre la totalité de leurs prélèvements positifs.

• **Cette enquête Flash #5 du 16 mars 2021 a au total porté sur** 2 860 prélèvements provenant de 14 régions de France Tableau 1 p. 4.

• **Cette enquête confirme la prédominance du variant** préoccupant 20I/501Y.V1 (82,3 % des séquences interprétables). Les variants préoccupants 20H/501Y.V2 et 20J/501Y.V3 sont également détectés mais en proportion plus faible (6,4 % et 0,3 % des séquences interprétables, respectivement).

• **Ces résultats confirment l'hétérogénéité régionale de la circulation** des trois variants préoccupants connus Tableau 1 p. 4 : le variant 20I/501Y.V1 est particulièrement présent en Occitanie et Provence-Alpes-Côte d'Azur (> 90 % des séquences interprétables) et le variant 20H/501Y.V2 est plus présent en Grand Est (18 %). Pour la Guadeloupe et La Réunion, les résultats restent encore peu exploitables du fait du faible nombre de prélèvements inclus.

Ces résultats par région sont à interpréter avec prudence : à ce jour, tous les départements ne sont pas encore représentés au sein de certaines régions, ce qui peut biaiser les résultats. Des efforts seront entrepris pour renforcer la participation à ces études dans les régions concernées en sollicitant les réseaux des laboratoires en lien avec les cellules régionales de Santé publique France.

• **Le clade 20I/501Y.V1** représentait plus de 70 % des résultats quelle que soit la classe d'âge, avec une présence plus marquée (> 80 %) chez les 0-59 ans Tableau 2 p. 4. La diffusion de ce variant semble devenir plus homogène au sein de la population. Le variant préoccupant 20H/501Y.V2 a été identifié de façon également homogène dans toutes les classes d'âge.

Évolution des différents clades et variants au cours des Enquêtes Flash #3 à #5 du 16 février 2021 au 16 mars 2021

• **La comparaison des résultats des enquêtes Flash**, basées sur un échantillonnage aléatoire des prélèvements, permet de mesurer l'évolution de la part des lignages et variants du SARS-CoV-2 circulant sur le territoire français au cours du temps. La Figure 1 p. 5 montre la forte augmentation de la proportion du variant préoccupant 20I/501Y.V1 entre février et mars 2021, proportion qui semble aujourd'hui se stabiliser. Il en est de même pour la proportion du variant 20H/501Y.V2 (Flash #3 : 6,0 % ; Flash #4 : 5,5 % ; Flash #5 : 6,4 %) et pour le variant 20J/501Y.V3 (Flash #3 : 0,6 % ; Flash #4 : 0,1 % ; Flash #5 : 0,3 %).

• La proportion du variant à suivre 19B/501Y parmi les prélèvements inclus dans les enquêtes Flash était en diminution lors de l'Enquête Flash #5.

Tous les autres lignages sont stables ou en diminution.

¹ Un clade génétique est un regroupement de virus présentant une séquence génétique similaire. Cela permet de classer les virus et de faire l'analyse de leur évolution.

Organisation et objectifs de la surveillance génomique des infections à Sars-Cov-2

La surveillance génomique du SARS-CoV-2

- Consortium EMER-GEN : Ce consortium est né de l'association de Santé publique France, l'ANRS | Maladies infectieuses émergentes (MIE) et de très nombreux partenaires, dont en particulier quatre plateformes de séquençage (CNR Institut Pasteur (Paris), CNR Hospices civils de Lyon, AP-HP Henri-Mondor (Créteil) et IHU Méditerranée Infection) et le réseau de virologie de l'ANRS|MIE.
- Technologie de séquençage utilisée : Les laboratoires séquenceurs utilisent une technologie de *Next Generation Sequencing* (NGS) pour le séquençage du génome complet du SARS-CoV-2. Cette identification des variants par séquençage est complémentaire et plus robuste que celle basée sur les tests de criblage (RT-PCR), limitée à la détection de quelques mutations.
- Prélèvements : les laboratoires publics ou privés participent à ces enquêtes sur la base du volontariat et envoient des prélèvements ayant reçus un résultat de RT-PCR positif indépendamment de tout résultat de criblage, et d'attribution à un cluster.

Objectifs de cette surveillance

- Les données ainsi générées sont destinées à enrichir la surveillance de la COVID-19, à contribuer aux analyses de risque permettant de caractériser et classer les différents variants circulant en France, et à alimenter des travaux de recherche.
- Les données sont confrontées aux travaux de virologie permettant de lier une mutation à une transmissibilité, une virulence ou encore un échappement immunitaire.

La surveillance de la circulation des variants repose sur une stratégie à plusieurs niveaux :

- La réalisation de tests RT-PCR de criblage ; le criblage systématique des tests RT-PCR positifs permet une surveillance plus réactive des variants préoccupants (VOC) connus ou de certaines mutations d'intérêt ;
- La réalisation d'un séquençage complet du génome viral, dans le cadre de la stratégie nationale de surveillance génomique et notamment des enquêtes Flash ;
- Une surveillance épidémiologique renforcée à l'échelle de tout le territoire afin de repérer tout signal épidémiologique (hausse de l'incidence ou échec vaccinal, par exemple) qui pourrait constituer également une alerte.

Pour en savoir plus :

<https://www.santepubliquefrance.fr/dossiers/coronavirus-covid-19/coronavirus-circulation-des-variants-du-sars-cov-2>

Les enquêtes Flash ont vocation à être répétées au minimum tous les 15 jours. La restitution de leurs résultats consolidés se fait via cette série de documents « Le point sur ... » ; leurs résultats préliminaires sont également restitués dans les Points épidémiologiques COVID-19 de l'agence. L'enquête Flash #6 a été conduite le 30 mars 2021 et l'enquête Flash #7 le 13 avril 2021.

Santé publique France remercie l'ensemble des laboratoires de biologie médicale publics et privés qui participent à ces enquêtes, et dont la mobilisation constante permet de disposer de ces résultats.

Rendez-vous dans 15 jours pour le prochain point sur les enquêtes Flash !

Tableau 1. Résultats de séquençage, par région du laboratoire préleveur, enquête Flash #5, 16 mars 2021, France (n= 2 860 prélèvements)

Régions du laboratoire préleveur	Prélèvements totaux (N)	Clade 19A (%)	Clade 19B (%)	Variant 19B/501Y (%)	Clade 20A (%)	Variant 20A/214 Ins (%)	Variant 20A/484K (B.1.525) (%)	Clade 20A.EU2 (%)	Clade 20B (%)	Variant 20B/484K (P.2) (%)	Clade 20C (%)	Variant 20C/655Y (%)	Clade 20D (%)	Clade 20E (EU1) (%)	Clade 20I/501Y.V1 (%)	Variant 20I/484K (%)	Variant 20I/484Q (%)	Clade 20H/501Y.V2 (%)	Clade 20J/501Y.V3 (%)	Total (%)
ARA	284	-	0,4	0,7	1,9	-	-	4,9	0,4	-	-	-	0,4	3,0	84,7	-	-	3,4	0,4	100
BFC	65	-	1,5	-	-	-	-	3,1	7,7	-	-	-	-	3,1	75,4	-	-	7,7	1,5	100
BRE	599	-	1,1	-	2,0	0,4	0,2	2,7	1,6	-	-	-	3,1	1,6	83,8	-	-	3,4	-	100
CVL	64	-	-	-	1,8	-	-	7,0	-	-	-	-	1,8	-	89,5	-	-	-	-	100
GE	135	0,8	-	-	7,5	-	-	4,5	-	-	-	-	-	-	68,4	-	0,8	18,0	-	100
GUA	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
HDF	104	-	-	-	4,0	-	-	12,9	5,0	1,0	-	-	-	-	72,3	2,0	-	1,0	2,0	100
IDF	994	-	0,5	0,1	5,1	-	-	1,4	0,4	-	0,1	-	0,6	1,1	83,0	-	-	7,3	0,4	100
REU	18	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
NOR	98	1,0	-	-	-	-	-	2,1	1,0	-	-	-	-	6,3	80,2	-	-	8,3	1,0	100
NA	64	-	-	-	3,7	-	-	1,9	-	-	-	-	-	-	85,2	-	-	9,3	-	100
OCC	50	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100,0	-	-	-	-	100
PDL	120	-	-	-	6,4	-	-	3,6	-	3,6	-	0,9	-	2,7	77,3	-	-	5,5	-	100
PACA	249	-	-	0,4	0,8	-	-	2,1	0,4	-	-	-	-	0,8	91,7	-	-	3,8	-	100
NR	14	-	-	-	-	-	-	28,6	-	-	-	-	-	14,3	57,1	-	-	-	-	100
Total général	2 860	0,1	0,5	0,2	3,4	0,1	0,0	3,0	0,9	0,2	0,0	0,0	0,9	1,5	82,3	0,1	0,0	6,4	0,3	100

ARA : Auvergne-Rhône-Alpes ; BFC : Bourgogne-Franche-Comté ; BRE : Bretagne ; CVL : Centre-Val de Loire ; COR : Corse ; GE : Grand Est ; GUA : Guadeloupe ; HDF : Hauts-de-France ; IDF : Île-de-France ; REU : La Réunion ; NOR : Normandie ; NA : Nouvelle-Aquitaine ; OCC : Occitanie ; PDL : Pays de la Loire ; PACA : Provence-Alpes-Côte d'Azur ; NR : Non Renseigné

Tableau 2. Résultats de séquençage, par classe d'âge, enquête Flash #5, 16 mars 2021, France (n= 2 860 prélèvements)

Classes d'âge (ans)	Prélèvements totaux (N)	Clade 19A (%)	Clade 19B (%)	Variant 19B/501Y (%)	Clade 20A (%)	Variant 20A/214 Ins (%)	Variant 20A/484K (B.1.525) (%)	Clade 20A.EU2 (%)	Clade 20B (%)	Variant 20B/484K (P.2) (%)	Clade 20C (%)	Variant 20C/655Y (%)	Clade 20D (%)	Clade 20E (EU1) (%)	Clade 20I/501Y.V1 (%)	Variant 20I/484K (%)	Variant 20I/484Q (%)	Clade 20H/501Y.V2 (%)	Clade 20J/501Y.V3 (%)	Total (%)
0-9	109	-	-	-	2,0	-	-	3,1	-	-	-	-	1,0	-	89,8	-	-	4,1	-	100
10-19	371	-	0,3	0,6	3,3	-	-	1,5	-	0,3	-	-	0,9	2,1	85,3	-	-	5,4	0,3	100
20-29	442	-	0,5	-	1,3	0,3	-	2,5	0,5	0,3	0,3	-	0,8	1,0	85,8	-	-	6,3	0,5	100
30-39	414	0,3	0,3	-	3,5	-	-	2,9	0,3	0,3	-	-	0,8	0,5	84,8	-	-	5,3	1,1	100
40-49	439	-	0,5	-	5,0	0,3	-	2,3	0,8	-	-	-	1,3	1,0	82,2	-	-	6,5	0,3	100
50-59	403	0,3	0,3	0,5	2,4	-	0,3	1,3	0,3	0,3	-	0,3	1,3	1,3	84,4	-	-	6,7	0,3	100
60-69	266	-	1,6	-	4,1	-	-	3,7	3,7	-	-	-	0,8	1,6	75,5	0,4	0,4	8,2	-	100
70-79	196	-	0,6	-	4,4	-	-	5,6	2,2	0,6	-	-	-	2,8	73,3	-	-	10,6	-	100
80-89	129	-	-	-	4,3	-	-	3,5	2,6	-	-	-	-	5,2	77,4	0,9	-	6,1	-	100
> 90	52	-	-	-	6,8	-	-	13,6	2,3	-	-	-	-	4,5	70,5	-	-	2,3	-	100
Non renseigné	39	-	-	-	6,3	-	-	15,6	-	-	-	-	-	3,1	71,9	-	-	3,1	-	100
Total général	2 860	0,1	0,5	0,2	3,4	0,1	0,0	3,0	0,9	0,2	0,0	0,0	0,9	1,5	82,3	0,1	0,0	6,4	0,3	100

Figure 1. Évolution des résultats de séquençage par clade, Enquêtes Flash #3 à #5, France

