

ENQUÊTES FLASH

Les enquêtes Flash ont pour objectif de dresser une cartographie après séquençage de l'ensemble des virus (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

[Covid-19, surveillance génomique]

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

Résultats consolidés de l'enquête Flash #7 (13 avril 2021)

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

► Flash #7 (13 avril 2021)

1 711 prélèvements provenant de 15 régions / territoires de France métropolitaine et d'Outre-Mer

Les variants préoccupants¹ suivants ont été détectés parmi les prélèvements :

88,7 % de variants 20I/501Y.V1 (B.1.1.7, identifié pour la première fois au Royaume-Uni)

4,6 % de variants 20H/501Y.V2 (B.1.351, identifié pour la première fois en Afrique du Sud)

0,8 % de variants 20I/484K (B.1.1.7 + E484K, identifié pour la première fois au Royaume-Uni)

0,4 % de variants 20J/501Y.V3 (P.1, identifié pour la première fois au Brésil)

1. **Variant préoccupant (« variant of concern » ou VOC)** : variant pour lequel il a été démontré en comparant avec un ou plusieurs virus de référence : une augmentation de la transmissibilité ou un impact défavorable sur l'épidémiologie du COVID-19 ; une augmentation de la gravité ou un changement de présentation clinique ; une diminution de l'efficacité des mesures de contrôle mises en place (mesures de prévention, tests diagnostiques, vaccins, molécules thérapeutiques) ou un classement en VOC par l'OMS.

► Enquête Flash #7 du 13 avril 2021 (résultats consolidés)

Pour l'enquête Flash #7 et afin de tenir compte de l'évolution de l'épidémie, les LBM participants devaient transmettre 15 % des prélèvements positifs du jour de l'enquête pour les laboratoires en ayant plus de 20 ou la totalité des prélèvements positifs du jour pour les laboratoires en ayant moins de 20. En complément, le protocole pour le département de la Dordogne a été modifié afin d'inclure la totalité des prélèvements positifs du jour de l'enquête dans le cadre d'une investigation en cours à la recherche du variant 19B/501Y.

- **L'enquête Flash #7 du 13 avril 2021** a porté sur 1 711 prélèvements provenant de 15 régions [Tableau 1](#).

- **Elle confirme la prédominance du variant préoccupant 20I/501Y.V1** (88,7 % des séquences interprétables). Les variants préoccupants 20H/501Y.V2, 20J/501Y.V3 et 20I/484K ont été également détectés mais en proportions plus faibles (respectivement 4,6 %, 0,4 % et 0,8 % des séquences interprétables). La proportion de variants 20J/501Y.V3 était stable par rapport à celle de l'enquête Flash #6. Une augmentation est observée pour les variants préoccupants 20I/501Y.V1 et 20I/484K (respectivement 80,8 % et 0,5 % dans Flash #6 vs 88,7 % et 0,8 % dans Flash #7). Le variant 20H/501Y.V2 était en diminution (7,8 % dans Flash #6 vs 4,6 % dans Flash #7). Le variant 20I/501Y.V1 représentait plus de 80 % des résultats quelle que soit la classe d'âge. Le variant préoccupant 20H/501Y.V2 a été identifié de façon homogène dans toutes les classes d'âge, à l'exception des 90 ans et plus [Tableau 2](#).

- **Le variant 20I/501Y.V1** reste particulièrement présent en Provence-Alpes-Côte d'Azur, Nouvelle-Aquitaine et Bourgogne-Franche-Comté (> 93 % des séquences interprétables) et le variant 20H/501Y.V2 est plus présent dans le Grand Est (9,7 %) et en Île-de-France (8,4 %). Pour la Corse, La Réunion et la Guadeloupe, les résultats ne sont pas exploitables en raison 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 sont 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 suréchantillonnage réalisé en Dordogne** a permis de déterminer que 91,3 % des souches circulant dans ce département appartenaient au clade² 20I/501Y.V1 et 5,4 % des prélèvements correspondaient au variant 20B. Contrairement à l'enquête Flash #6, aucun variant 19B/501Y ou 20B/681H (B.1.1.318, anciennement 20B/484K) n'a été détecté. D'autres variants ont également été détectés tels que le variant en cours d'évaluation 20A/214 Ins (2,2 %) ou encore le variant préoccupant 20H/501Y.V2 (1,1 %).

Évolution des différents clades et variants au cours des enquêtes Flash #3 à #6 du 16 février 2021 au 30 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](#) montre la forte augmentation de la proportion du variant préoccupant 20I/501Y.V1 entre février et avril 2021, une augmentation qui semble ralentir au cours des dernières semaines. Dans Flash #7, la proportion du variant 20H/501Y.V2 est en baisse et est de 4,6 % (Flash #3 : 6,0 % ; Flash #4 : 5,5 % ; Flash #5 : 6,4 % et Flash #6 : 7,8 %) et celle du variant 20J/501Y.V3 est stable avec 0,4 % (Flash #3 : 0,6 % ; Flash #4 : 0,1 % ; Flash #5 : 0,3 % et Flash #6 : 0,4 %). Pour le variant 20I/484K, lors de cette nouvelle enquête, la proportion est de 0,8 % et est en légère augmentation (Flash #3 : 0,0 % ; Flash #4 : 0,0 % ; Flash #5 : 0,1 % et Flash #6 : 0,5 %).

- **De manière générale**, la proportion de variants arborant la mutation E484K augmente au cours des différentes enquêtes Flash avec 8,7 % pour Flash #7 (Flash #3 : 6,6 %, Flash #4 : 5,8 %, Flash #5 : 7,1 % et Flash #6 : 10,5 %).

2. 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** : 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), 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 indépendant 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 : www.santepubliquefrance.fr/dossiers/coronavirus-covid-19/coronavirus-circulation-des-variants-dusars-cov-2

Les enquêtes Flash ont vocation à être répétées 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 #7 a été conduite le 13 avril 2021 et l'enquête Flash #8 le 27 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 #7, 13 avril 2021, France (n= 1 711 prélèvements)

Région du laboratoire préleveur	Prélèvements totaux (N)	19B (%)	20A (%)	20A (B.1.416) (%)	20A/214 Ins (%)	20A/440K (B.1.619) (%)	20A/477N (B.1.620) (%)	20A/484K (B.1.525) (%)	20A.EU2 (%)	20B (%)	20B/681H (B.1.1.318) (%)	20D (B.1.1.1) (%)	20D/452R (%)	20D/484K (%)	20E (EU1) (%)	20I/501Y.V1 (%)	20I/484K (%)	20H/501Y.V2 (%)	20J/501Y.V3 (%)	Total (%)
ARA	312	-	0,3	-	0,3	1,4	-	1,4	1,4	0,3	-	-	0,3	0,7	-	92,2	-	1,7	-	100
BFC	55	-	-	-	-	-	-	-	-	4,3	-	-	-	-	2,2	93,5	-	-	-	100
BRE	74	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1,5	-	-	1,5	89,4	3,0	4,5	-	100
CVL	69	-	-	-	3,3	3,3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	91,7	-	1,7	-	100
COR	16	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	92,9	-	7,1	-	100
GE	105	-	1,0	-	-	-	-	1,9	1,9	-	-	-	-	-	-	85,4	-	9,7	-	100
GUA	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
HDF	45	-	-	-	-	-	-	-	4,9	-	2,4	-	-	-	-	90,2	-	2,4	-	100
IDF	476	0,4	0,9	-	-	-	-	2,2	0,2	-	-	-	-	-	0,2	83,8	2,4	8,4	1,5	100
REU	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
NOR	44	-	-	-	-	-	-	2,4	-	-	-	-	-	-	7,3	87,8	-	2,4	-	100
NA	168	-	-	-	1,3	-	-	-	0,6	3,2	-	-	-	-	-	94,3	-	0,6	-	100
OCC	61	-	1,9	-	-	1,9	-	-	3,7	1,9	-	-	-	-	-	85,2	-	5,6	-	100
PDL	155	-	-	0,7	2,0	3,3	0,7	2,6	-	-	-	-	-	-	-	88,1	-	2,6	-	100
PACA	124	-	-	-	-	-	-	3,4	-	-	-	-	-	-	0,8	95,8	-	-	-	100
Total	1 711	0,1	0,4	0,1	0,5	0,7	0,1	1,5	0,7	0,6	0,1	0,1	0,1	0,1	0,4	88,7	0,8	4,6	0,4	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.

Tableau 2. Résultats de séquençage, par classe d'âge, enquête Flash #7, 13 avril 2021, France (n= 1 711 prélèvements)

Classes d'âge (ans)	Prélèvements totaux (N)	19B (%)	20A (%)	20A (B.1.416) (%)	20A/214 Ins (%)	20A/484K (B.1.177) (%)	20A/484K (B.1.525) (%)	20A/484K (B.1.619) (%)	20A.EU2 (%)	20B (%)	20B/484K (B.1.1.318) (%)	20D (B.1.1.1) (%)	20D/452R (%)	20D/484K (%)	20E (EU1) (%)	20I/501Y.V1 (%)	20I/484K (%)	20H/501Y.V2 (%)	20J/501Y.V3 (%)	Total (%)
0-9	60	-	3,5	-	-	-	-	-	3,5	-	-	-	-	-	-	84,2	-	7,0	1,8	100
10-19	153	-	-	-	0,7	0,7	-	2,1	-	-	-	-	0,7	-	-	92,4	1,4	1,4	0,7	100
20-29	266	0,4	0,4	0,4	0,4	-	-	-	0,4	0,8	0,4	-	-	0,4	-	91,3	1,2	3,6	0,4	100
30-39	247	-	0,4	-	0,4	1,3	-	3,0	-	0,4	-	-	-	0,4	-	87,7	1,3	4,2	0,8	100
40-49	269	-	0,8	-	0,4	0,8	0,4	2,0	0,8	-	-	0,4	-	-	-	86,7	2,0	5,9	-	100
50-59	277	-	0,4	-	0,4	-	-	3,0	-	1,5	-	-	-	-	1,1	87,8	-	5,3	0,4	100
60-69	149	-	-	-	1,4	2,1	-	0,7	2,8	-	-	-	-	-	1,4	85,2	-	5,6	0,7	100
70-79	123	-	-	-	0,9	0,9	-	0,9	0,9	-	-	-	-	-	1,8	90,2	-	4,5	-	100
80-89	109	1,0	-	-	-	2,0	-	-	1,0	1,0	-	-	-	-	-	88,0	-	7,0	-	100
≥ 90	53	-	-	-	-	-	-	-	2,1	2,1	-	-	-	-	-	95,8	-	-	-	100
NR	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100,0	-	-	-	100
Total	1 711	0,1	0,4	0,1	0,5	0,7	0,1	1,5	0,7	0,6	0,1	0,1	0,1	0,1	0,4	88,7	0,8	4,6	0,4	100

NR : Non renseigné

Figure 1. Évolution des résultats de séquençage par clade, Enquêtes Flash #3 à #7, France

