

## 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](http://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 #8 (27 avril 2021)

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

### ► Flash #8 (27 avril 2021)

**1 631** prélèvements provenant de 15 régions / territoires de France métropolitaine et d'Outre-Mer

Les variants préoccupants<sup>1</sup> suivants ont été détectés parmi les prélèvements :

**86,4 %** de variants 20I/501Y.V1 (B.1.1.7, identifié pour la première fois au Royaume-Uni)

**7,8 %** de variants 20H/501Y.V2 (B.1.351, identifié pour la première fois en Afrique du Sud)

**1,1 %** de variants 20I/484K (B.1.1.7 + E484K, identifié pour la première fois au Royaume-Uni)

**0,6 %** 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. [www.santepubliquefrance.fr/dossiers/coronavirus-covid-19/coronavirus-circulation-des-variants-du-sars-cov-2#block-331392](http://www.santepubliquefrance.fr/dossiers/coronavirus-covid-19/coronavirus-circulation-des-variants-du-sars-cov-2#block-331392)

## ► Enquête Flash #8 du 27 avril 2021 (résultats consolidés)

• L'enquête Flash #8 du 27 avril 2021 a porté sur 1 631 prélèvements provenant de 15 régions de France (Tableau 2).

• L'enquête Flash #8 confirme la prédominance du variant préoccupant 20I/501Y.V1 (86,4% 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 7,8%, 0,6% et 1,1% des séquences interprétables). Le variant préoccupant 20I/501Y.V1 était en légère diminution par rapport à Flash #7 (86,4% vs 88,7%). Les variants préoccupants 20H/501Y.V2, 20J/501Y.V3 et 20I/484K étaient par contre tous en augmentation (respectivement 4,6%, 0,4% et 0,8% dans Flash #7).

• Le variant 20I/501Y.V1 représentait plus de 82% des résultats quelle que soit la classe d'âge (Tableau 3) et était particulièrement présent en Nouvelle-Aquitaine, Pays de la Loire, Normandie et Provence-Alpes-Côte d'Azur (> 93% des séquences interprétables). Le variant préoccupant 20H/501Y.V2 a été identifié dans toutes les classes d'âge, avec une prédominance chez les 40-49 ans (12,2%) et était plus présent dans le Grand Est (25,7%), en Centre-Val de Loire (11,3%) et en Île-de-France (11,1%). **Cependant, les résultats de la région Grand Est sont à interpréter avec prudence du fait du suréchantillonnage en Moselle et des faibles effectifs.** Le variant préoccupant 20I/484K a été identifié dans la quasi-totalité des classes d'âge, à l'exception des 0-9 ans et des 90 ans et plus et était présent dans quatre régions (Hauts-de-France, Île-de-France, Pays de la Loire et Bretagne).

• Les suréchantillonnages réalisés dans les départements des **Alpes-Maritimes, Vendée, Finistère et Moselle** ont permis de déterminer que respectivement 98,1%, 91,7%, 88,3% et 60,0% des souches circulant dans ces départements appartenaient au clade<sup>2</sup> 20I/501Y.V1. Le variant 20H/501Y.V2 représentait respectivement 1,9%, 6,3%, 4,3% et 40,0% des souches interprétables de ces départements (Tableau 1). À noter que malgré le suréchantillonnage prévu, le nombre d'échantillons séquencés est resté faible en Moselle et qu'aucun prélèvement de la Creuse n'a été envoyé.

Tableau 1. Résultats de séquençage pour les départements suréchantillonnés, enquête Flash #8, 27 avril 2021

Départements suréchantillonnés	20A/214 Ins		20A/477N (B.1.620)		20H/501Y.V2		20I/484K		20I/501Y.V1	
	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%
Alpes-Maritimes	0	-	0	-	1	1,9	0	-	51	98,1
Finistère	1	1,1	6	6,4	4	4,3	0	-	83	88,3
Moselle	0	-	0	-	8	40,0	0	-	12	60,0
Vendée	0	-	0	-	3	6,3	1	2,1	44	91,7

<sup>2</sup> 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

## Évolution des différents clades et variants au cours des enquêtes Flash #3 à #8 du 16 février 2021 au 27 avril 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, qui ralentit toutefois au cours des dernières semaines. Dans Flash #8, la proportion du variant 20H/501Y.V2 est de 7,8% (Flash #3 : 6,0% ; Flash #4 : 5,5% ; Flash #5 : 6,4% ; Flash #6 : 7,8% et Flash #7 : 4,6%) et celle du variant 20J/501Y.V3 est de 0,6% (Flash #3 : 0,6% ; Flash #4 : 0,1% ; Flash #5 : 0,3% ; Flash #6 : 0,4% et Flash #7 : 0,4%). Pour le variant 20I/484K, lors de cette nouvelle enquête, la proportion est de 1,1% et est en augmentation (Flash #3 : 0,0% ; Flash #4 : 0,0% ; Flash #5 : 0,1% ; Flash #6 : 0,5% et Flash #7 : 0,8%).

- **De manière générale**, la proportion de variants arborant la mutation E484K augmente au cours des différentes enquêtes Flash avec 12,3% pour Flash #8 sur la base des résultats disponibles (Flash #3 : 6,6%, Flash #4 : 5,8%, Flash #5 : 7,1%, Flash #6 : 10,5% et Flash #7 : 8,7%).

## 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](http://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 #9 a été conduite le 11 mai 2021 et l'enquête Flash #10 le 25 mai 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 LA SEMAINE PROCHAINE POUR LE PROCHAIN POINT SUR LES ENQUÊTES**

**Tableau 1. Résultats de séquençage, par région du laboratoire préleveur, enquête Flash #8, 27 avril 2021, France (n= 1 631 prélèvements)**

Région du laboratoire préleveur	Prélèvements totaux (N)	19A (%)	19B (%)	20A (%)	20A/214 Ins (%)	20A/440K (B.1.619) (%)	20A/452R (B.1.617.2) (%)	20A/477N (B.1.620) (%)	20A/484K (B.1.525) (%)	20A.EU2 (%)	20A.EU2/484K (%)	20B (%)	20B/681H (B.1.1.318) (%)	20I/501Y.V1 (%)	20I/484K (%)	20H/501Y.V2 (%)	20J/501Y.V3 (%)	Total (%)
ARA	222	-	-	-	0,5	0,5	1,0	-	1,0	-	-	-	0,5	91,4	-	5,1	-	100
BFC	67	-	-	-	-	-	-	-	-	1,6	-	3,2	-	85,7	-	9,5	-	100
BRE	182	-	-	-	0,6	-	-	3,5	1,2	-	-	-	-	90,2	0,6	4,0	-	100
CVL	69	-	-	-	-	-	-	1,6	1,6	-	-	-	-	85,5	-	11,3	-	100
COR	26	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	92,3	-	7,7	-	100
GE	38	-	-	2,9	-	2,9	-	2,9	-	-	-	-	-	65,7	-	25,7	-	100
GUA	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100,0	-	-	-	100
HDF	50	-	4,3	2,1	2,1	-	-	-	-	6,4	2,1	-	-	74,5	6,4	2,1	-	100
IDF	449	0,2	-	0,2	-	0,7	-	-	3,8	-	-	0,2	-	80,1	2,7	11,1	0,9	100
REU	16	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100,0	-	100
NOR	69	-	-	-	-	-	-	-	1,5	-	-	-	-	94,1	-	4,4	-	100
NA	74	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	95,8	-	2,8	1,4	100
OCC	33	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	90,3	-	3,2	6,5	100
PDL	148	-	-	-	-	0,7	-	-	-	-	-	-	-	94,3	0,7	4,3	-	100
PACA	185	-	-	-	-	-	-	-	0,6	2,2	-	-	-	93,4	-	2,2	1,7	100
<b>Total</b>	<b>1 631</b>	<b>0,1</b>	<b>0,1</b>	<b>0,2</b>	<b>0,2</b>	<b>0,4</b>	<b>0,1</b>	<b>0,5</b>	<b>1,5</b>	<b>0,5</b>	<b>0,1</b>	<b>0,2</b>	<b>0,1</b>	<b>86,4</b>	<b>1,1</b>	<b>7,8</b>	<b>0,6</b>	<b>100</b>

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 #8, 27 avril 2021, France (n= 1 631 prélèvements)**

Classes d'âge (ans)	Prélèvements totaux (N)	19A (%)	19B (%)	20A (%)	20A/214 Ins (%)	20A/440K (B.1.619) (%)	20A/452R (B.1.617.2) (%)	20A/477N (B.1.620) (%)	20A/484K (B.1.525) (%)	20A.EU2 (%)	20A.EU2/484K (%)	20B (%)	20B/681H (B.1.1.318) (%)	20I/501Y.V1 (%)	20I/484K (%)	20H/501Y.V2 (%)	20J/501Y.V3 (%)	Total (%)
0-9	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	93,0	-	7,0	-	100
10-19	160	-	-	-	0,6	-	-	1,3	2,6	-	-	-	-	89,7	1,3	3,8	0,6	100
20-29	272	-	-	-	0,4	0,4	0,4	-	1,6	-	0,4	-	-	87,2	0,8	8,6	0,4	100
30-39	229	-	-	-	-	0,5	-	0,5	1,4	0,5	0,5	-	0,5	87,8	0,9	7,7	-	100
40-49	219	-	-	-	-	0,5	-	1,0	2,4	-	-	-	-	82,9	0,5	12,2	0,5	100
50-59	255	0,4	-	0,8	-	0,4	0,4	0,8	1,2	0,8	-	-	-	85,4	2,0	7,3	0,4	100
60-69	169	-	0,6	-	-	0,6	-	0,6	1,8	0,6	-	0,6	-	85,4	1,2	7,9	0,6	100
70-79	111	-	-	-	0,9	-	-	-	0,9	2,8	-	-	-	86,8	0,9	7,5	-	100
80-89	98	-	-	1,1	-	1,1	-	-	-	-	1,1	-	-	85,7	2,2	4,4	4,4	100
≥ 90	59	-	2,0	-	-	-	-	-	2,0	2,0	-	-	-	82,4	-	9,8	2,0	100
<b>Total</b>	<b>1 631</b>	<b>0,1</b>	<b>0,1</b>	<b>0,2</b>	<b>0,2</b>	<b>0,4</b>	<b>0,1</b>	<b>0,5</b>	<b>1,5</b>	<b>0,5</b>	<b>0,2</b>	<b>0,1</b>	<b>0,1</b>	<b>86,4</b>	<b>1,1</b>	<b>7,8</b>	<b>0,6</b>	<b>100</b>

**Figure 1. Évolution des résultats de séquençage par clade, enquêtes Flash #3 à #8, données au 25 mai 2021, France**

