

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 #10 (25 mai 2021)

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

► Flash #10 (25 mai 2021)

1 757 prélèvements provenant de 17 régions / territoires de France métropolitaine et d'Outre-Mer

Les variants préoccupants¹ suivants ont été détectés parmi les prélèvements :

- 86,5 %** de variants 20I/501Y.V1 (Alpha, B.1.1.7, identifié pour la première fois au Royaume-Uni)
- 5,4 %** de variants 20H/501Y.V2 (Beta, B.1.351, identifié pour la première fois en Afrique du Sud)
- 1,6 %** de variants 20I/484K (B.1.1.7 + E484K, identifié pour la première fois au Royaume-Uni)
- 1,1 %** de variants 20J/501Y.V3 (Gamma, P.1, identifié pour la première fois au Brésil)
- 0,8 %** de variants 21A/478K (Delta, B.1.617.2, identifié pour la première fois en Inde)

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 #10 du 25 mai 2021 (résultats consolidés)

Pour l'enquête Flash #10 et afin de tenir compte de l'évolution de l'épidémie, les LBM participants devaient transmettre 25 % des prélèvements positifs du jour de l'enquête pour les laboratoires en ayant au moins 20 ou la totalité des prélèvements positifs du jour pour les laboratoires en ayant moins de 20. En complément, le protocole a été modifié pour cinq départements afin d'inclure la totalité des prélèvements positifs du jour de l'enquête, dans le cadre d'une augmentation de la proportion de variants Beta (20H/501Y.V2) et Gamma (20J/501Y.V3) par criblage (Alpes-Maritimes et Orne), en lien avec une augmentation de la proportion de variants indéterminés par criblage (Indre-et-Loire) ou en lien avec une suspicion de variant Alpha (20I/501Y.V1) avec la mutation E484Q (Gironde). Le protocole du Doubs a également été modifié afin d'inclure la totalité des prélèvements positifs.

• **L'enquête Flash #10 du 25 mai 2021** a porté sur 1 757 prélèvements, soit 10,6 % des cas positifs du jour. Ces prélèvements provenaient de 17 régions de France [Tableau 1 p. 4](#).

• **Elle confirme la place prédominante du variant préoccupant Alpha (20I/501Y.V1)**, qui représente 86,5 % des séquences interprétables. Le variant préoccupant Beta (20H/501Y.V2) représente 5,4 % des résultats interprétables et le variant 20I/484K 1,6 %. Les variants Gamma (20J/501Y.V3), 20I/484Q et Delta (21A/478K) restent minoritaires, représentant respectivement 1,1 %, 0,4 % et 0,8 % des séquences interprétables. La proportion des variants porteurs de la mutation E484K/Q reste élevée (11,7 %).

• **Le variant Alpha (20I/501Y.V1) représente plus de 82 % des résultats** quelle que soit la classe d'âge, à l'exception des 80-89 ans, pour lesquels la proportion est en baisse (71,8 %) [Tableau 2 p. 5](#) mais reste particulièrement présent en Bretagne, Bourgogne-Franche-Comté et Normandie (> 94 % des séquences interprétables). Le variant préoccupant Beta (20H/501Y.V2) est identifié dans toutes les classes d'âge, à l'exception des 90 ans et plus, avec une prédominance chez les de 60-89 ans et est plus présent en Île-de-France (10,8 %) et en Occitanie (8,7 %). Le variant préoccupant 20I/484K est identifié dans la quasi-totalité des classes d'âge, à l'exception des 30-39 ans et est présent dans six régions (Hauts-de-France, Île-de-France, Centre-Val de Loire, Bretagne, Normandie et Auvergne-Rhône-Alpes). Les résultats ne sont pas exploitables pour la Martinique, la Corse, La Réunion et Mayotte, en raison du faible nombre de prélèvements inclus dans ces départements.

• **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 [Figure 1 p. 6](#), ce qui peut biaiser les résultats. Par ailleurs, le recours à certains laboratoires spécialisés peut limiter cette analyse : c'est en effet la région de ce laboratoire qui est prise en compte, et non celle du laboratoire préleveur. Des efforts sont entrepris pour renforcer la participation à ces études dans les départements ou régions concernés, en lien avec les cellules régionales de Santé publique France.

• **Les suréchantillonnages réalisés dans les départements** des Alpes-Maritimes, du Doubs, de l'Indre-et-Loire et de l'Orne ont permis d'estimer que respectivement 100 %, 85,7 %, 90,9 % et 94,3 % des prélèvements interprétables de ces départements appartenaient au variant Alpha (20I/501Y.V1) [Tableau 3 p. 5](#). Malgré le suréchantillonnage prévu, le nombre d'échantillons séquencés est resté faible dans ces quatre départements et, en particulier, ne permet pas d'interpréter les données en Gironde.

Évolution des différents clades et variants au cours des enquêtes Flash #3 à #10 du 16 février 2021 au 25 mai 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. Le [Tableau 4 p. 5](#) montre la forte augmentation de la proportion du variant préoccupant Alpha (20I/501Y.V1) entre février et avril 2021, qui a ralenti toutefois au cours des dernières semaines. La [Figure 2 p. 6](#) montre une légère diminution de la proportion du variant Beta (20H/501Y.V2) avec 5,4 % des résultats interprétables ; une augmentation de la proportion du variant Gamma (20J/501Y.V3), avec 1,1 % des séquences interprétables et une diminution de la proportion du variant 20I/484K, avec 1,6 % des séquences interprétables [Tableau 4 p. 5](#).

• **La proportion de variants arborant la mutation E484K/Q** semble se stabiliser mais reste élevée avec 11,7 % pour Flash #10 [Tableau 4 p. 5](#).

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

La surveillance génomique du SARS-CoV-2

- **Consortium EMERGEN** : 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

La restitution des résultats consolidés des enquêtes Flash 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 #11 a été conduite le 8 juin 2021 et l'enquête Flash #12 le 22 juin. À partir de Flash #12, les enquêtes vont être répétées de manière hebdomadaire.

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 #10, 25 mai 2021, France (n= 1 757 prélèvements)

Région du laboratoire préleveur	Prélèvements totaux (N)	20A		20A /440	20A /477	20A/484K			20B/681H (B.1.1.318)		20D/452 R		20D /48 4K	20E (EU 1)	20I/501Y. V1	20I/484 K	20H/501 Y.V2	20J/501 Y.V3	21A/154K (B.1.617.1)	21A/478 K(B.1.6 17.2)	Total général			
		20A	(B.1.1 43)	20A /214 Ins	.1.6 /19	.1.6 /20	20A/478K	(B.1.623)	(B.1.525)	20B	20C/484K	20D	(C. 11)	(C. 1)		20I/484 Q								
ARA	306	-	-	-	0,3	1,4	-	0,3	-	0,3	-	-	1,4	-	91,6	0,3	-	2,8	0,3	0,7	0,3	100		
BFC	97	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	95,6	-	-	4,4	-	-	-	100		
BRE	103	-	-	-	1,1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	96,7	2,2	-	-	-	-	-	100		
CVL	54	-	-	-	2,4	2,4	-	-	-	-	-	-	-	-	90,2	2,4	2,4	-	-	-	-	100		
COR	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
GE	111	1,0	1,9	1,0	-	-	-	1,0	1,0	-	-	-	-	-	88,6	-	-	2,9	1,9	-	1,0	100		
GUA	20	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	80,0	-	-	5,0	-	-	15,0	100		
HDF	241	-	-	0,9	-	0,5	-	0,5	2,3	-	-	-	-	-	88,5	4,1	-	0,9	2,3	-	-	100		
IDF	416	-	-	-	0,3	0,5	0,3	-	3,2	-	-	0,3	0,3	0,3	79,6	3,2	-	10,8	0,5	-	0,8	100		
REU	17	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
MAR	8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
MAY	6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
NOR	76	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1,4	94,5	1,4	-	2,7	-	-	-	100		
NA	63	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1,7	-	1,7	91,5	-	3,4	1,7	-	-	-	100		
OCC	26	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	78,3	-	4,3	8,7	8,7	-	-	100		
PDL	82	-	-	-	1,3	-	-	-	6,3	-	2,5	-	-	-	86,3	-	2,5	1,3	-	-	-	100		
PACA	126	-	-	-	-	-	-	-	4,8	-	-	0,8	-	-	84,1	-	-	2,4	4,0	-	4,0	100		
Total	1 757	0,1	0,1	0,2	0,3	0,5	0,1	0,1	1,9	0,1	0,2	0,1	0,1	0,3	0,1	0,1	86,5	1,6	0,4	5,4	1,1	0,1	0,8	100

Source : Santé publique France, données EMERGEN

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 ; MAR : Martinique ; MAY : Mayotte ; 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 #10, 25 mai 2021, France (n= 1 757 prélèvements)

Classes d'âge (ans)	Prélèvements totaux (N)	20A /44		20A /47		20A/478K	20A/484K (B.1.623)	20A/484K (B.1.525)	20B	20B/681H (B.1.1.318)	20C/484K	20D	20D/452R	20D /48 4K (C.1 1)	20E(EU1)	20I/501Y.V1	20I/484K	20I/484 Q	20H/501Y.V2	20J/501 Y.V3	21A/154K (B.1.617.1)	21A/478 K(B.1.6 17.2)	Total généra l
		20A (B.1.1)	20A /21 4In s	20A /21 4In s	20A /21 4In s																		
0-9	76	-	-	-	1,4	-	-	2,9	-	-	-	-	-	-	-	88,4	1,4	1,4	1,4	1,4	-	1,4	100
10-19	261	-	-	-	0,8	-	-	0,8	-	-	-	0,4	-	-	-	92,5	1,2	-	2,5	0,8	-	0,8	100
20-29	286	0,4	-	0,4	0,4	-	-	2,3	-	-	-	-	-	0,4	-	87,9	2,3	0,4	4,2	1,1	-	-	100
30-39	316	-	-	-	0,7	-	-	1,7	-	0,7	-	-	-	-	-	89,1	-	0,7	5,8	0,3	0,3	-	100
40-49	284	-	-	0,4	-	0,4	0,4	1,9	-	0,4	0,4	-	1,5	-	-	84,4	0,8	0,4	6,8	1,5	-	0,4	100
50-59	241	-	-	0,4	0,4	-	-	2,6	0,4	0,4	-	-	-	-	-	83,3	3,1	0,4	4,8	1,3	-	2,2	100
60-69	114	-	1,8	-	0,9	-	-	-	-	-	-	-	0,9	-	0,9	82,0	0,9	-	9,9	-	0,9	1,8	100
70-79	64	-	-	-	-	-	-	1,9	-	-	-	-	-	-	-	84,6	3,8	-	7,7	-	-	1,9	100
80-89	42	-	-	-	-	-	-	7,7	-	-	-	2,6	-	-	-	71,8	2,6	-	10,3	2,6	-	2,6	100
≥ 90	22	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	85,0	10,0	-	-	5,0	-	-	100
NR	51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	80,6	2,8	-	13,9	2,8	-	-	100
Total	1 757	0,1	0,1	0,2	0,3	0,5	0,1	1,9	0,1	0,2	0,1	0,1	0,3	0,1	0,1	86,5	1,6	0,4	5,4	1,1	0,1	0,8	100

Source : Santé publique France, données EMERGEN au 22 juin 2021

Tableau 3. Résultats interprétables de séquençage pour les départements suréchantillonnés, Enquête Flash #10, 25 mai 2021, France (n= 1 757 prélèvements)

Départements suréchantillonnés	20A/477N(B.1.620)		20D/452R		20I/501Y.V1		20I/484K		20I/484Q		20H/501Y.V2		Total	
	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%
Alpes-Maritimes	0	-	0	-	35	100,0	0	-	0	-	0	-	35	100
Doubs	0	-	0	-	18	85,7	0	-	0	-	3	14,3	21	100
Gironde	-	-	-	-	-	-	0	-	-	-	-	-	18	100
Indre-et-Loire	1	3,0	0	-	30	90,9	1	3,0	1	3,0	0	-	33	100
Orne	0	-	0	-	33	94,3	1	2,9	0	-	1	2,9	35	100

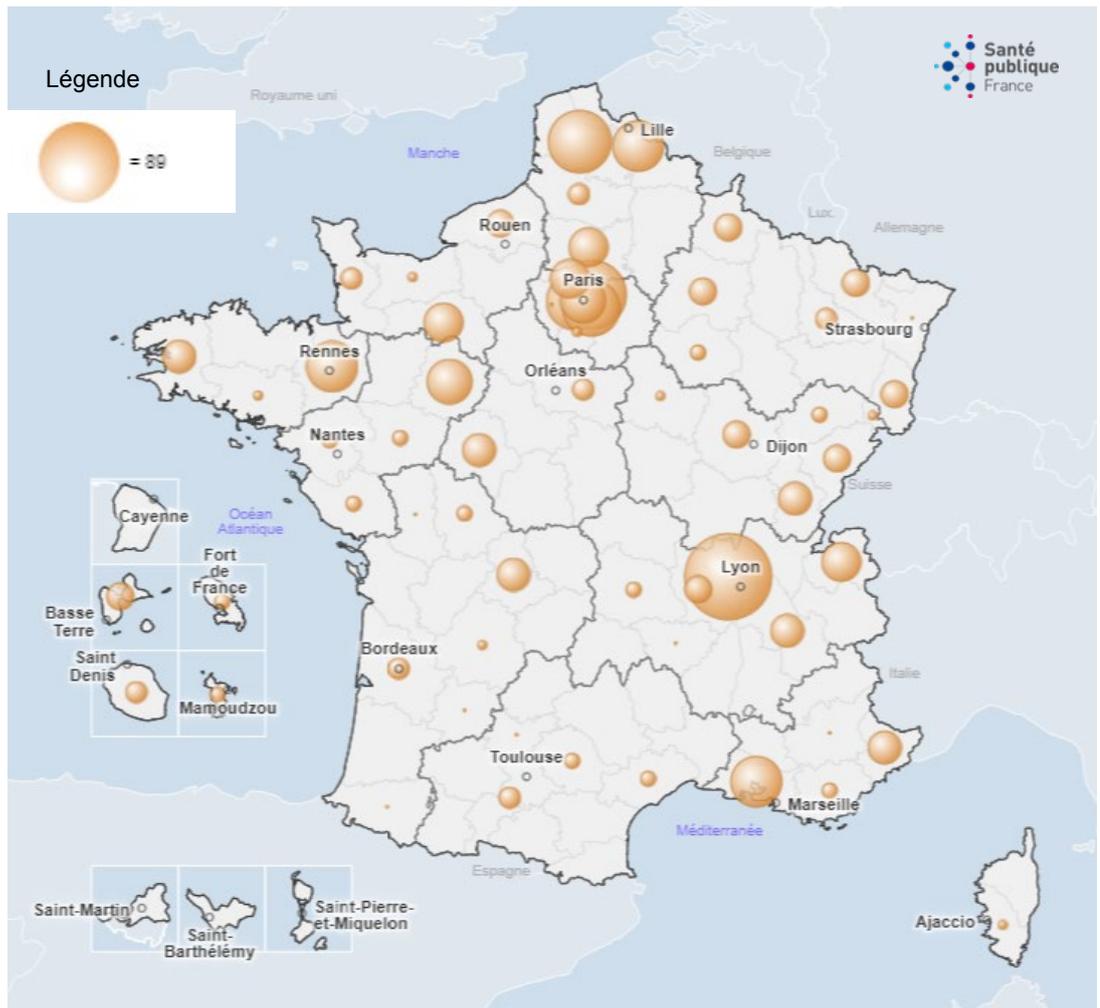
Source : Santé publique France, données EMERGEN au 22 juin 2021

Tableau 4. Évolution de la proportion des variants préoccupants (VOC), des autres variants et de la mutation E484K/Q, rapportée au nombre de séquences interprétables, Enquêtes Flash #3 à #10, France

Variants	Flash #3 (16/02/2021)	Flash #4 (02/03/2021)	Flash #5 (16/03/2021)	Flash #6 (30/03/2021)	Flash #7 (13/04/2021)	Flash #8 (27/04/2021)	Flash #9 (11/05/2021)	Flash #10 (25/05/2021)
Alpha	44,2	68,6	82,3	80,8	88,7	87,5	86,0	86,5
Beta	6,0	5,5	6,4	7,8	4,6	6,8	8,2	5,4
Gamma	0,6	0,1	0,3	0,4	0,4	0,6	0,4	1,1
20I/484K	0,0	0,0	0,1	0,5	0,8	1,2	2,3	1,6
20I/484Q	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,4
Delta	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,2	0,8
Autres	49,2	25,8	10,8	10,5	5,5	3,7	2,8	4,2
Mutation E484K/Q	6,6	5,8	7,1	10,5	8,7	11,0	13,0	11,7

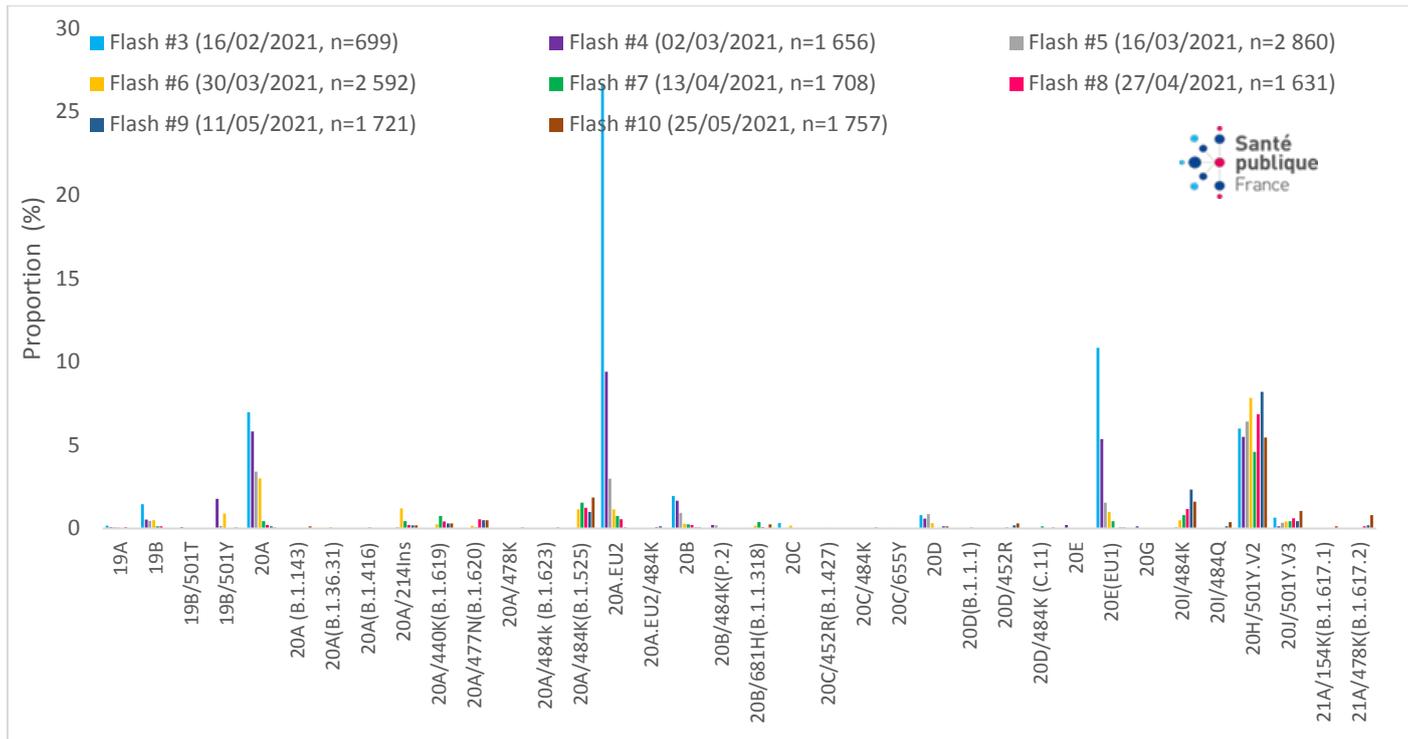
Source : Santé publique France, données EMERGEN au 22 juin 2021

Figure 1. Nombre de prélèvements séquencés par département du laboratoire préleveur (n=1 757), enquête Flash #10, 25 mai 2021, France



Source : Santé publique France, données EMERGEN au 22 juin 2021

Figure 2. Évolution des résultats de séquençage par clade, enquêtes Flash #3 à #10, 25 mai 2021, France



Source : Santé publique France, données EMERGEN au 22 juin 2021