



## Modification de la stratégie de criblage des variants du SARS-CoV-2 : prise en compte des variants dits « indiens »

Dans le cadre de la surveillance de l'évolution de la circulation des variants du SARS-CoV-2 sur notre territoire, permettant une intervention précoce et renforcée des cas ayant un impact clinique ou épidémiologique potentiel, le Conseil scientifique COVID-19 a émis le 24 mai dernier, une note d'éclairage sur les **variants B.1.617 dits « indiens »** <sup>(1)</sup>.

Compte tenu de l'apparition de ces nouveaux variants préoccupants (VOC *Variants of concern*) et de l'évolution de la circulation de l'ensemble des variants en France, le Ministère des Solidarités et de la Santé a publié un bulletin MINSANTE n°2021-72 le 26 mai 2021 faisant état d'une nouvelle stratégie de criblage des tests positifs pour la recherche de mutations d'intérêt du SARS-CoV-2 <sup>(2)</sup>.

### Les variants « indiens » : trois situations différentes

- ▶ **Le lignage B.1.617.2** (mutations **L452R** et **T478K** ; absence de la mutation E484Q, contrairement à ce qui avait été dit initialement) est le plus prévalent en Europe et en France (86 % des cas) parmi les trois sous-lignages. Il possède un avantage en termes de **transmissibilité**, dont le niveau reste à préciser.
- ▶ **Le lignage B.1.617.1** (mutations **L452R** et **E484K**), détecté en Europe et en France, mais moins fréquemment que le lignage B.1.617.2, est associé à un risque **d'échappement immunitaire**.
- ▶ **Le lignage B.1.617.3** (mutations **L452R** et **E484K**) a très peu diffusé en Europe (7 cas au 24 mai 2021, tous en Grande-Bretagne).

Ces trois variants sont correctement détectés par les tests PCR et les tests antigéniques actuellement autorisés en France <sup>(3)</sup>.

### Précisions sur la notion de variants et leurs conséquences

« Un variant est un lignage génétique qui présente une variation antigénique entraînant un échappement immunitaire significatif, pouvant induire une recirculation massive du virus malgré une immunité collective significative (>70 à 80%) » <sup>(1)</sup>.

Ainsi, il convient de distinguer les virus porteurs de mutations, qui correspondent à une situation fréquente, des « variants » de type VOC ayant bien des mutations, mais également des conséquences épidémiologiques.

Actuellement les conséquences connues sont :

- ▶ pour la mutation **N501Y**, présente dans les variants dits « anglais » UK, « sud-Africain » SA et « brésilien » BR : une augmentation de transmissibilité. L'association des mutations L452R et T478K (variant « indien » sous lignage B.1.617.2) confère également un avantage en termes de transmissibilité, comme indiqué ci-dessus ;
- ▶ pour les modifications observées en position **484**, présentes dans les variants SA, BR et indiens B.1.617.1 et 3 : un échappement immunitaire partiel, nécessitant une surveillance particulière.

Concernant l'efficacité vaccinale, il semble qu'elle soit maintenue contre le variant B.1.617.2 après deux doses de vaccins Astra-Zeneca (60 %) ou de Pfizer (88 %), mais pas après une dose (33 % pour chacun des vaccins) (données observées au Royaume Uni)<sup>(1)</sup>.

On estime qu'environ 25 % de la population française a été infectée par la souche historique du SARS-CoV-2 ou le variant « anglais », mais nous ne savons pas si l'infection ancienne protège contre le lignage « indien » B.1.617.2.

## Variants préoccupants et variants d'intérêt circulant actuellement sur le territoire français

|                               | Variants UK dit « britannique » | Variant SA dit « sud-Africain » | Variant BR-P1 dit « brésilien » | Variants dits « indiens »   |
|-------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|---|
| <b>Lignée</b>                 | B.1.1.7                         | B.1.351                         | B.1.1.248                       | B.1.617 (1, 2 et 3)   |
| <b>Variant</b>                | 20I/501Y.V1                     | 20H/501Y.V2                     | 20J/501Y.V3                     |   |
| <b>Substitutions RBD*</b>     | N501Y                           | N501Y, K417N, E484K             | N501Y, K417T, E484K             | L452R, E484Q (variants « indiens » B.1.617 1 et 3), ou T478K (variant « indien » B.1.617.2) |
| <b>Circulation estimée **</b> | 76 %                            | 6 %                             |                                 | ?   |

\* dans la région RBD : *Receptor binding domain*

\*\* Au 18 mai 2021. Autres lignages circulants : 14 % avec une augmentation progressive des variants dérivés du variant UK, avec une mutation additionnelle en 484.

## Recherche des mutations d'intérêt du SARS-CoV-2 en cas de test positif

Compte tenu de ces éléments, les mutations à rechercher en cas de test PCR ou antigénique positif sont, depuis le 31 mai 2021 (exigence à partir du 14 juin 2021), les mutations E484K, E484Q et L452R, en s'assurant qu'il n'y a pas de diminution de sensibilité du test utilisé. La recherche de la mutation N501Y n'est plus recommandée.

La liste des tests de criblage autorisés est disponible sur le site <https://covid19.sante.gouv.fr/tests>

Un nouveau guide SI-DEP V1.2 a été adapté pour coder la présence des mutations (et non plus les variants) ; son codage devrait être évolutif en fonction des mutations à renseigner.

## Bibliographie

- (1) <https://www.vie-publique.fr/sites/default/files/rapport/pdf/280143.pdf>
- (2) <https://www.armoris.bzh/wp-content/uploads/2021/06/MINSANTE-72-Evolution-strategie-de-criblage.pdf>
- (3) <https://covid19.sante.gouv.fr/tests>