



STRATEGIE NATIONALE DE LUTTE CONTRE L'EMERGENCE DES VARIANTES D'INTERET DU SARS- CoV2

- Quel est l'objectif de la réalisation d'une PCR de criblage ?

L'objectif de la réalisation **obligatoire** d'une seconde PCR de criblage est d'identifier **l'intégralité des patients** porteurs **d'une variante d'intérêt**, soit, à l'heure actuelle, les variantes 20I/501Y.V1, 20H/501Y.V2 et 20J/501Y.V3 ayant respectivement émergé en Angleterre, en Afrique du Sud et au Brésil.

Pour détecter un maximum de porteurs d'une variante d'intérêt, une PCR de criblage doit donc être obligatoirement réalisée pour **l'ensemble des patients testés positifs, qu'ils aient été dépistés par un test RT-PCR ou par un test antigénique.**

Il est indispensable de veiller à respecter un délai inférieur à 36h entre le résultat initial et celui du criblage au regard des enjeux liés au contact tracing

- Pourquoi est-il important d'identifier tous les patients porteurs d'une variante ?

La raison pour laquelle tous les patients porteurs d'une variante d'intérêt doivent être identifiés est de **permettre le renforcement du contact-tracing et de l'accompagnement à l'isolement (cf. question infra).**

Il est rappelé que **l'utilisation d'une RT-PCR de criblage sur l'ensemble des échantillons positifs a un objectif différent** de celui du séquençage :

- La PCR de criblage vise exclusivement à **dépister les patients** porteurs d'une variante définie comme **variante d'intérêt au niveau international**, soit à l'heure actuelle, les variantes 20I/501Y.V1, 20H/501Y.V2 et 20J/501Y.V3. Il s'agit d'une **stratégie de freinage de la propagation de ces variantes**, dont la **conséquence opérationnelle est l'engagement d'un contact-tracing renforcé** par la CNAM et les ARS. La RT-PCR de criblage et l'alerte est assurée par les biologistes médicaux des LBM privés et publics et **concerne tous les résultats positifs de RT-PCR et de test antigénique.** Le respect du délai de 36h est impératif pour garantir l'efficacité de ce tracing renforcé



- Le séquençage a lui pour objectif de réaliser une **surveillance génomique des virus circulants sur le territoire national**. Cette surveillance consiste à la fois à évaluer la diffusion et la répartition spatiale des variantes d'intérêt, mais aussi à identifier l'éventuelle émergence d'autres variantes. Il est assuré par un réseau de laboratoires pilotés par le CNR et l'ANRS-MIE et **concerne un échantillon représentatif de prélèvements en population générale et au sein de populations d'intérêts particuliers (retour de voyage, immunodéprimés...)**.

- **Quel kit utiliser pour assurer l'identification des 3 variantes ?**

Pour assurer l'identification de l'**intégralité des patients porteurs d'une variante d'intérêt**, il est demandé de n'utiliser que les kits de criblage **ayant deux cibles dont au moins la mutation N501Y**, commune aux 3 variantes d'intérêt actuellement circulantes, **et permettant de distinguer la variante 20I/501Y.V1 d'une part et les variantes 20H/501Y.V2 et 20J/501Y.V3 d'autre part**.

Pour faciliter l'identification de ces kits, une **liste de ceux-ci est publiée sur le site du Ministère de la santé** [<https://covid-19.sante.gouv.fr/tests>].

Des travaux sont en cours pour permettre l'utilisation et la généralisation de ces kits en première intention pour le diagnostic primaire. Par ailleurs, le ministère a pour objectif d'encourager le développement de kits ciblant de nouvelles variantes d'intérêt potentielles, et en premier lieu la mutation 484K, responsable du risque d'échappement immunitaire, qui seront déployés et généralisés dès qu'ils seront disponibles.

- **Comment les CPAM ont l'information sur résultats du criblage ? Comment fonctionne la remontée dans SI-DEP ?**

Lorsque le résultat de la RT-PCR de criblage est saisi dans SI-DEP, les enquêteurs des plateformes de l'assurance maladie reçoivent l'information via SIDEP. Ils saisissent le nom du variant dans la fiche P0 de Contact-Covid, l'outil pour le *contact tracing*, ce qui implique alors, pour les variants 20H/501Y.V2 ou 20J/501Y.V3, un renvoi vers les ARS et un suivi particulier de l'isolement. Pour cette raison, les LBM doivent assurer la saisie la plus rapidement possible dans SI-DEP de l'ensemble des résultats de criblage.

Attention : le résultat du 1^{er} test à visée diagnostic (RT-PCR) ou test antigénique doit impérativement être saisi dans SI-DEP sans attendre le résultat du criblage afin de permettre la mise en œuvre rapide des opérations classiques de tracing et d'isolement qui seront secondairement renforcées s'il apparaît que le patient est porteur d'une variante d'intérêt.



Concernant la remontée des résultats de criblage et de séquençage dans SI-DEP : tous les criblages et séquençages doivent être remontés respectivement dans le champ Joker 2 et le champ Joker 3, dans le **même dossier** que celui de la RT-PCR initiale si celle-ci est distincte de la RT-PCR de criblage (ou dans un dossier nouveau si c'est le cas d'un criblage à la suite d'un test antigénique positif). En cas de sous-traitance, c'est le **laboratoire de première intention** qui doit saisir le résultat (exemple pour un criblage : ABS_20I/501Y.V1-20H/501Y.V2-20J/501Y.V3 ou PCR_20H/501Y.V2-20J/501Y.V3) dans son système de gestion de laboratoire (SGL) et l'envoyer dans SI-DEP, et ce dans les meilleurs délais. Les résultats de la PCR initiale ne doivent pas être retenus en attendant les résultats du criblage/séquençage : ils doivent être envoyés à SI-DEP dès que possible. Les résultats du criblage/séquençage en 2^{ème} intention feront l'objet d'une actualisation ultérieure du dossier. Les détails sont précisés dans le « Guide SI-DEP VARIANTS », diffusé aux laboratoires au travers de leurs représentants et de leurs éditeurs. Des guides spécifiques ont été envoyés par vos éditeurs de SGL pour préciser les modalités d'implémentation dans vos solutions. Cette remontée conditionne la facturation de l'acte de criblage/séquençage.

Concernant le rendu des résultats aux patients et au correspondants médicaux : tous les criblages et les séquençages doivent faire l'objet d'une transmission du résultat au patient et aux correspondants médicaux par tous les laboratoires de biologie médicale publics et privés.

- **Quelle transmission de l'information au ARS pour le contact-tracing ?**

En métropole, les plateformes CPAM départementales doivent transmettre aux ARS, pour la réalisation d'un tracing de niveau 3, les résultats de criblage positifs dans SIDEP pour la variante 20H/501Y.V2 ou 20J/501Y.V3, ces 2 variantes ne circulant pas ou peu sur le territoire métropolitain.

Dans les DROM, les CPAM transmettent aux ARS, pour la réalisation d'un tracing de niveau 3, les résultats de criblage positifs dans SIDEP pour les 3 variantes d'intérêt.

- **Quelles investigations de l'ARS autour des cas porteurs d'une variante ?**

Le contact-tracing de niveau 3 par les ARS implique une recherche plus exhaustive des contacts autour du cas dans toute la période de contamination jusqu'à son isolement. Des investigations sont réalisées pour retracer son parcours, identifier les contacts à risque et les situations à risque de propagation. La notion de « contact à risque » est interprétée de manière large : en cas de doute dans l'évaluation du niveau de risque d'un contact, celui-ci est considéré comme à risque.

En fonction du délai de signalement d'une infection à l'une des variantes d'intérêt et de la criticité de la situation, la recherche des situations à risque de propagation en amont du cas afin de rechercher d'éventuels co-exposés permettra d'identifier et donc de contrôler des chaînes de transmission supplémentaires.



- Quelle conduite à tenir pour les cas porteurs d'une variante et leurs contacts à risque ?

Les biologistes des laboratoires de biologie médicale doivent rappeler à toutes les personnes contaminées et en particulier aux personnes contaminées par une variante d'intérêt l'importance de l'isolement et du strict respect des mesures barrières. Le même message est transmis par l'Assurance maladie à l'ensemble des patients 0 et à leurs personnes contacts. Les personnes dont la situation personnelle laisse présager un fort risque de propagation (personnes vivant en famille, notamment avec des proches à risque, etc.) se voient systématiquement proposer une offre spécifique d'hébergement via les CTAI. Pour les personnes contaminées par une variante qui décident de s'isoler à leur domicile, une visite infirmière est programmée par défaut. Les biologistes peuvent également indiquer aux patients qu'ils peuvent s'inscrire sur #TousAntiCovid afin d'indiquer leur contamination éventuelle et de prévenir les personnes ayant fait l'objet d'une exposition à risque.

Les personnes contact à risque d'un porteur d'une variante d'intérêt 20H/501Y.V2 ou 20J/501Y.V3 se verront proposer un test RT-PCR à J0 afin de démarrer des opérations de contact-tracing complémentaires sans délai.

La durée d'isolement est allongée à 10 jours pour les porteurs d'une variante d'intérêt 20H/501Y.V2 ou 20J/501Y.V3. A J10, l'isolement est levé en l'absence de fièvre depuis plus de 48h (pour les patients zéro symptomatiques) et après l'obtention d'un résultat de test négatif. Si le test revient positif, l'isolement est prolongé de 7 jours après ce résultat.

Par ailleurs, une attention toute particulière sera portée à la réalisation d'un test RT-PCR à J+7 par les personnes contacts. Pour les contacts à risque identifiés, il leur est demandé de prévenir eux-mêmes (contact-warning) les personnes avec qui elles ont été en contact à risque depuis leur dernière exposition à risque avec le cas index (contacts de seconde génération). Pour celles-ci les recommandations suivantes sont proposées :

- Renforcer l'application des mesures barrières et notamment le port du masque grand public filtration supérieure à 90% ou du masque chirurgical en présence d'autres personnes ;
- Télétravailler dès lors que cela est possible ;
- Réduire volontairement ses contacts sociaux durant les 7 jours suivant ;
- Réaliser un test diagnostique sans délai au 1er symptôme.