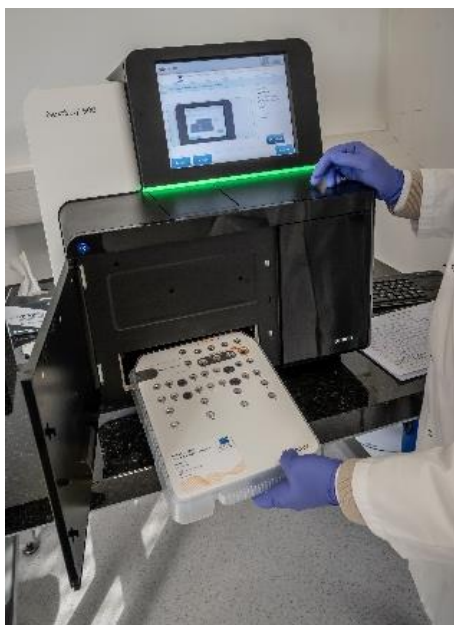


Communiqué de Presse du laboratoire de séquençage génétique médical LIGAN sur la situation des variants de SARS-Cov-2 dans le Nord de la France (Prof Philippe Froguel)



392 échantillons de personnes retrouvées positives le 5 mars après PCR de dépistage nous ont été transférés gracieusement par le Laboratoire de Biologie Médicale Synlab HdF. Ces prélèvements positifs viennent du Nord, du Pas de Calais à l'exception du Dunkerquois et de la côte. Nous avons été missionnés par la Région des Hauts-de-France pour séquencer le génome viral dans sa totalité à la recherche de variants connus ou nouveaux. Des séquences génomiques de bonne qualité ont été retrouvées pour 375 échantillons.

Les résultats montrent que par rapport à la dernière opération de séquençage (mi-février) la proportion de variants anglais est passée de 34% à >60% des échantillons. Comme nous l'avions prévu, le variant anglais est désormais largement majoritaire mais n'est toujours pas hégémonique à la différence du Dunkerquois (>90%). Le variant sud-africain a régressé (1%). Une personne portait le variant brésilien : compte-tenu de sa dangerosité une surveillance attentive devra être faite dans les prochaines semaines.

EN SAVOIR PLUS :

Informations sur la plateforme

LIGAN:

ligan.good.cnrs.fr/

CONTACT PRESSE :

Lisa MOCHON

Responsable communication

EGID/PreciDIAB

T. 03 74 00 80 51 lisa.mochon@univ-lille.fr

Ces résultats amènent les commentaires suivants :

1/ le maintien d'un socle d'environ 40% de la souche chinoise initiale de SARS-Cov2 dans le Nord de la France explique probablement l'absence d'explosion à ce jour des cas incidents de covid-19 à la différence du Dunkerquois. Mais tout relâchement de la vigilance conduirait à ce qu'on a connu à Dunkerque en février.

2/ l'expansion continue des échantillons contaminés par le variant anglais est probablement en cause dans la surcharge des services de réanimation du Nord de la France au fait de sa dangerosité supérieure désormais bien établie (>40% de formes graves). On peut hélas s'attendre à ce que le variant anglais continue à disséminer et donc que les unités hospitalières covid des Hauts-de-France soient en grande tension à la fin du mois de mars, début avril.

3/ à ce stade critique, la vaccination accélérée, en particulier de la population entre 50 et 65 ans, non vaccinée à ce jour, serait en mesure de ralentir la surcharge hospitalière dans le mois qui vient. En effet, le variant anglais entraîne un rajeunissement des patients en réanimation (schématiquement le risque vital des personnes covid+ de 65 ans devient celui des 75 ans atteints par la souche originelle). Rappelons la prévalence très élevée d'obésité et de diabète dans le Nord de la France qui aggrave encore la covid19. Au lieu de 27 000 doses de vaccins supplémentaires ce week-end ce serait > 100000 doses qui seraient nécessaires pour espérer bloquer la catastrophe sanitaire qui semble venir. Vacciner, vacciner, vacciner sont selon nous les 3 priorités actuelles dans les Hauts-de-France.

4/ Apprécier la proportion réelle de mutants n'est pas aisé et nécessite non seulement un séquençage total du génome (et non une PCR de criblage très approximative) et une analyse très précise et professionnelle des séquences virales. Le logiciel Pangolin utilisé par les services de virologie français surestime probablement la proportion de variants anglais et ne permet pas facilement l'identification de variants émergents. Nous avons déposé toutes les séquences virales sur la plateforme européenne EBI pour analyse internationale.

SARS-CoV-2 Lineage Identification Results 10/03/21



Pangolin Lineage	N	Pangolin lineage note
B.1.1.7	249	UK lineage of concern, associated with the N501Y mutation. More information can be found at cov-lineages.org/global_report.html
B.1.160	50	Large European lineage, sequences from BeNeLuX, Denmark, Switzerland, Hungary and UK.
A.28	26	This lineage has 9 changes on its basal branch, including the 69-70del, N501T (not Y) and H655Y. (This variant is picked up by the qPCR S drop)
B.1	20	A large European lineage that corresponds to the Italian outbreak.
B.1.177	9	Spain to Europe
B.1.214	5	Democratic Republic of the Congo lineage
B.1.351	4	South African lineage defined by new variant 501Y.V2 - A more detailed description of the lineage is here and a preprint describing the variant is here: https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.12.21.20248640v1 .
B.1.1.29	2	(expanded a bit) UK and Ireland
B.1.367	2	French lineage
B.1.1.1	1	UK/ Europe lineage
C.16	1	Alias of B.1.1.1.16, Portuguese lineage
B.1.480	1	England, Australia, Sweden, Norway (some B.1.275)
B.1.36	1	Saudi Arabia base, then into UK and Denmark, Australia
B.1.1	1	Lineage reassigned. Reassigned in the current tree. European lineage with 3 clear SNPs '28881GA', '28882GA', '28883GC'
B.1.78	1	Netherlands lineage
B.1.258	1	N439K mutation lineage
P.1	1	Alias of B.1.1.28.1, Brazilian lineage with a number of spike mutations with likely functional significance E484K, K417T, and N501Y. Described in https://virological.org/t/genomic-characterisation-of-an-emergent-sars-cov-2-lineage-in-manaus-preliminary-findings/586 .

375

<https://cov-lineages.org/lineages.html>

Nextclade Lineage	N	Note
20I/501Y.V1	220	derived from 20B bearing S 501Y, S 570D, S 681H, ORF8 27*, concentrated in the United Kingdom
20A	54	basal pandemic lineage bearing S 614G that's globally distributed
20A.EU2	44	basal pandemic lineage bearing S 614G that's globally distributed
19B	26	basal pandemic lineage
20B	15	derived from 20A bearing N 203K, N204R and ORF14 50N, also globally distributed
20E (EU1)	9	derived from 20A bearing N 220V, ORF10 30L, ORF14 67F and S 222V, concentrated in Europe
20H/501Y.V2	4	derived from 20C bearing S 80A, S 215G, S 484K, S 501Y, S 701V, concentrated in South Africa
20D	2	derived from 20B bearing ORF1a 1246I and ORF1a 3278S, concentrated in South America, southern Europe and South Africa
20J/501Y.V3	1	In Brazil. Known as P1, has 17 unique mutations, including three in receptor binding domain of spike protein (K417T, E484K, N501Y)

375

<https://clades.nextstrain.org/>