

Construction d'indicateurs épidémiologiques à partir du Système d'information de dépistage

(SI-DEP) : Indicateurs sur les mutations

01/07/2021

EVOLUTION DE LA STRATEGIE DE CRIBLAGE

Les tests RT-PCR de criblage utilisés et dont les résultats sont remontés dans SI-DEP permettaient de suspecter la présence du variant préoccupant (VOC) Alpha (20I/501Y.V1) et de manière non distincte des VOC Bêta (20H/501Y.V2) ou Gamma (20J/501Y.V3). Cette stratégie de criblage ciblant les VOC Alpha, Beta et Gamma n'est plus adaptée à la diversité croissante des variants émergents du SARS-CoV-2.

Depuis le 31/05/2021, la stratégie de criblage a évolué pour rechercher certaines mutations d'intérêt pouvant être retrouvées dans différents variants. Elle ne permet donc plus d'assigner l'infection à un variant spécifique mais permet de suivre l'évolution dans le temps et sur le territoire de la proportion des infections dues à un virus porteur de ces mutations.

Pour la première phase de déploiement, les mutations E484K, E484Q et L452R ont été sélectionnées car elles sont potentiellement liées à un échappement immunitaire et/ou à une augmentation de transmissibilité et sont retrouvées dans la majorité des VOC à ce jour. Du fait du rendu du résultat de ces PCR dans des délais plus courts que le séquençage, des mesures spécifiques peuvent être mises en place dès la détection de cas porteurs de mutations d'intérêt dans le but de freiner leur diffusion (renforcement du contact tracing, campagne de dépistage ou de vaccination).

REMONTEE DES RESULTATS DANS SI-DEP

La nomenclature des codes utilisés pour la remontée d'information sur le lignage des mutations a évolué pour prendre en compte cette nouvelle stratégie. Elle a été conçue sous la forme d'une succession de caractères alphabétiques sensibles à la casse et de chiffres. Le caractère alphabétique représente une mutation d'intérêt, le chiffre représente la valeur du résultat pour chaque mutation (correspondance ci-dessous).

Un code correct est un code qui comporte chacune des lettres une fois, dans l'ordre alphabétique, suivi d'un chiffre. Par exemple, A1B0C1 signifie E484K positif, E484Q négatif et L452R positif. A0B1C9 signifie E484K négatif, E484Q positif et le kit utilisé ne recherche pas la mutation L452R.

Les correspondances :

Mutation d'intérêt	Code
E484K	A
E484Q	B
L452R	C

Résultat	Valeur
Positif	1
Négatif	0
Ininterprétable	8
Non recherché	9

Tout résultat non conforme à cette codification n'est pas pris en compte dans les analyses.

Les codes ne comportant que des 9 ne sont pas pris en compte. En effet, cela signifie qu'aucune mutation n'a été recherchée bien que le code soit rempli correctement.

Les résultats codés « A1B1 » sont remplacés par « A8B8 ». En effet, sur la position E484, il n'est possible de trouver qu'une mutation : la K ou la Q.

ANALYSE DES DONNEES REMONTEES DANS SI-DEP

Les données sont rapportées à l'ensemble des tests positifs réalisés (RT-PCR + TA), et non au nombre de personnes testées ou positives. En effet la définition des personnes pour le calcul des indicateurs (voir [note méthodologique](#)) ne retient qu'un seul test pour une personne dans une période donnée, alors que cette dernière peut s'être fait tester plusieurs fois (test antigénique, suivi par une PCR par exemple). Cette méthodologie pourrait amener à ne pas comptabiliser un test qui porte une information sur la présence d'une mutation, et donc sous-estimer leur représentation.

L'ensemble des tests positifs de la base SI-DEP font l'objet de recherche d'information sur une ou plusieurs mutations, avec l'application d'un nettoyage concernant les doublons stricts, basé sur une clé correspondant :

- au pseudonyme de la personne (code anonymat individuel basé sur les traits identifiants de la personne)
- à la date et l'heure du prélèvement
- au type d'analyse

CALCUL DES INDICATEURS

Les principaux indicateurs déclinés à partir des données de criblage qui remontent dans SI-DEP sont les suivants :

a) Nombre de PCR de criblage et pourcentage de tests criblés :

Nombre de PCR de criblage :

Somme des tests positifs comportant un code correct dans le champ criblage (codes corrects : [ABC][0189] sauf A9B9C9)

Pourcentage des tests criblés ¹:

Nombre de PCR de criblage / Somme des tests positifs (RT-PCR et TA positifs)

b) Proportion de tests avec présence de E484K parmi les tests criblés où la mutation est recherchée et interprétable

Nombre de tests pour lesquels la mutation E484K (code =A) est présente :

Somme des tests positifs pour lesquels la recherche de mutation A est positif (code : A1)

¹ Le pourcentage de tests criblés peut dépasser les 100% dans certains départements puisque le nombre de tests criblés peut être supérieure au nombre de tests positifs. Ceci est probablement dû à la saisie de résultats de criblage alors que le TA était négatif. Pour des raisons de compatibilité, ce seuil est alors borné à 100%.

Nombre de tests pour lesquels la mutation E484K est absente

Somme des tests positifs pour lesquels la recherche de mutation A est négatif (code : A0)

Proportion de tests avec présence de la mutation E484K:

$A1/A1+A0$

- c) Proportion de tests avec présence de E484Q parmi les tests criblés ou la mutation est recherchée et interprétable

Nombre de tests pour lesquels la mutation E484Q (code =B) est présente :

Somme des tests positifs pour lesquels la recherche de mutation B est positif (code : B1)

Nombre de tests pour lesquels la mutation E484Q est absente :

Somme des tests positifs pour lesquels la recherche de mutation B est négatif (code : B0)

Proportion de tests avec présence de la mutation E484Q:

$B1/B1+B0$

- d) Proportion de tests avec présence de L452R parmi les tests criblés où la mutation est recherchée et interprétable

Nombre de tests pour lesquels la mutation L452R (code =C) est présente :

Somme des tests positifs pour lesquels la recherche de mutation C est positif (code : C1)

Nombre de tests pour lesquels la mutation L452R est absente :

Somme des tests positifs pour lesquels la recherche de mutation C est négatif (code : C0)

Proportion de tests avec présence de la mutation L452R :

$C1/C1+C0$