



Since January 2020 Elsevier has created a COVID-19 resource centre with free information in English and Mandarin on the novel coronavirus COVID-19. The COVID-19 resource centre is hosted on Elsevier Connect, the company's public news and information website.

Elsevier hereby grants permission to make all its COVID-19-related research that is available on the COVID-19 resource centre - including this research content - immediately available in PubMed Central and other publicly funded repositories, such as the WHO COVID database with rights for unrestricted research re-use and analyses in any form or by any means with acknowledgement of the original source. These permissions are granted for free by Elsevier for as long as the COVID-19 resource centre remains active.

Matériels et méthodes: Etude transversale multicentrique menée dans les 12 établissements pénitentiaires de janvier à juillet 2021. L'objectif principal était d'évaluer la séroprévalence au SRAS-CoV-2 dans un échantillon représentatif de cette population. Sur les 11 413 détenus âgés de 18 à 80 ans présents dans les prisons de la région d'étude au 6 janvier 2021, 3 545 ont été tirés au sort.

Résultats: La population analysée comprenait 1 014 participants (âge moyen, 36,2 ans ; hommes 80,5 % ; fumeurs, 60,3 % ; obésité, 11,7 % ; vaccination COVID-19, 6,5 %). Dans l'ensemble, 18,4 % (IC₉₅ % 16,1–20,8) des participants étaient séropositifs pour le SRAS-CoV-2. En février 2021 (semaine 6), le taux de séroprévalence était de 20,6 % (IC₉₅ % 16,6–24,9) dans la population générale de la région de l'étude et de 18,4 % (IC₉₅ % 16,8–20,1) dans notre étude. Les participants séropositifs ont signalé plus fréquemment une perte d'odorat (16,7 % vs. 4,7 %) et une perte de goût (17,7 % vs. 4,1 %) depuis mars 2020. La séropositivité était significativement associée à un nombre moyen plus élevé de détenus par cellule (1,9 vs. 1,8 ; p=0,0088) et présence plus fréquente de co-détenus malades (41,3 % vs. 32,4 % ; p=0,003).

Conclusion: La séroprévalence du SRAS-CoV-2 dans les prisons de la région d'étude est apparue comparable à la population générale, très probablement en raison de la libération massive précoce des détenus et des mesures barrières préventives. La limitation de l'incarcération et la promotion des mesures habituelles de contrôle des infections sont des facteurs importants pour contrôler l'épidémie de COVID-19 en prison.

Aucun lien d'intérêt

<https://doi.org/10.1016/j.mmifmc.2022.03.101>

COVID-03

Vagues épidémiques de variants Beta, Delta et Omicron en milieu insulaire ultra-marin

A. Mercier¹, D.A. Wilkinson², C. Lebarbenchon², L. Ali Oicheih¹, E. Balleydier¹, E. Frumence³, N. Traversier³, P. Mavingui², M.C. Jaffar Bandjee³, L. Menudier¹

¹ Santé publique France, Saint-Denis, La Réunion, France

² UMR PIMIT, Université de La Réunion, CNRS, INSERM, IRD, Sainte-Clotilde, La Réunion, France

³ CHU, Saint-Denis, La Réunion, France

Introduction: Dans cette région d'Outre-Mer, une surveillance génomique a été mise en place en janvier 2021 suite à l'émergence de variants du SARS-CoV-2. Elle se compose d'une surveillance génomique locale et des enquêtes Flash nationales. La surveillance génomique vise à cartographier la circulation de variants sur l'île, et s'inscrit dans le cadre du projet EMERGEN (Consortium pour la surveillance et la recherche sur les infections à pathogènes EMERgents via la GENomique microbienne). Elle permet également de détecter l'introduction et de suivre la diffusion de variants d'intérêt ayant un impact en termes de transmissibilité, de sévérité ou d'échappement immunitaire accrus.

Matériels et méthodes: Du 04 janvier 2021 au 30 janvier 2022, 11 341 génomes ont été séquencés et soumis à EMERGEN, soit 5,6 % des cas de COVID-19 sur la période. La sélection de prélèvements à séquencer était aléatoire pour l'enquête Flash (une certaine proportion des prélèvements sur une période définie) et pseudo-aléatoire pour la surveillance génomique locale qui cible des cas particuliers en fonction de caractéristiques épidémiologiques ou cliniques atypiques (ex : cas importés, cas graves).

Résultats: Au total, 110 lignages et sous-lignages du SARS-CoV-2 ont été identifiés, dont 68 sous-lignages du variant Delta (B.1.617.2). Pendant les six premières semaines de l'année 2021, la majorité des lignages détectés correspondait à des variants circulant activement en Europe (ex : B.1.160, B.1.177), illustrant l'impact des flux de voyageurs sur la dynamique de la COVID-19 sur l'île. Selon les

données de la base de données GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data), le lignage B.1.622 semble être spécifique à l'île car aucun autre territoire n'a identifié de séquences de ce variant.

Trois variants d'intérêt ont été dominants pendant plusieurs semaines sur l'île et représentent à eux-seuls 95 % des séquences. Il s'agit du variant Beta (B.1.351 et B.1.351.2) prédominant de février à mi-juillet 2021 (29 % des séquences), le variant Delta (B.1.617.2 et sous-lignages AY) prédominant de mi-juillet à fin décembre 2021 (53 %) et le variant Omicron (B.1.529, BA.1 et BA.2) prédominant depuis fin décembre 2021 (13 %).

Ces trois variants ont influencé différemment la dynamique de l'épidémie et son impact sanitaire. Le taux d'incidence a atteint un plateau élevé de 100 et 150 cas pour 100 000 habitants en période de prédominance Beta, un pic de 397/100 000 hab en période de prédominance Delta et 5 431/100 000 hab en période de prédominance Omicron.

Conclusion: Cette étude permet de mieux comprendre les interactions entre les variants du SARS-CoV-2 et l'impact qu'ils peuvent avoir sur l'évolution de l'épidémie. Elle illustre aussi l'impact des flux de voyageurs sur la dynamique de la COVID-19 en milieu insulaire, et ouvre des perspectives de travaux en épidémiologie génomique pour mieux comprendre les mécanismes d'émergence d'un variant dominant et l'impact en termes de sévérité et d'échappement vaccinal de ces variants préoccupants plus transmissibles.

Aucun lien d'intérêt

<https://doi.org/10.1016/j.mmifmc.2022.03.102>

COVID-04

Circulation des variants du SARS-CoV-2 en milieu insulaire ultra-marin

A. Mercier¹, D. Wilkinson², C. Lebarbenchon², P. Mavingui², L. Menudier¹

¹ Santé publique France, Saint-Denis, France

² Université de La Réunion, CNRS, INSERM, IRD, Sainte-Clotilde, France

Introduction: Dans cette région d'Outre-Mer, les premiers cas de COVID-19 ont été détectés le 11 mars 2020 chez un groupe de personnes de retour de voyage. En réponse, une surveillance épidémiologique régionale basée sur le « contact-tracing » et l'identification de clusters a rapidement été mise en place. De mars à juillet 2020, les cas ont été importés ou autochtones sporadiques, puis la circulation virale s'est intensifiée sur l'île à partir d'août 2020 à la fin des vacances scolaires. En janvier 2021, une surveillance génomique locale a été mise en place suite à l'émergence de variants du SARS-CoV-2.

Matériels et méthodes: Du 04 janvier 2021 au 06 juin 2021, 1 528 génomes ont été séquencés, soit 8,3 % des cas de COVID-19 sur la période. La sélection de prélèvements à séquencer était pseudo-aléatoire, avec une sélection ciblée en fonction de caractéristiques épidémiologiques ou cliniques atypiques (ex : cas importés, cas graves). Les distributions de lignages génétiques dans l'Océan indien et dans certains pays d'Afrique ont été extraites de la base de données GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data).

Résultats: Au total, 22 lignages du SARS-CoV-2 ont été identifiés et 71 % des observations étaient attribuées au variant Beta (B.1.351 et B.1.351.2). Ce variant a été détecté pour la première fois la première semaine de janvier 2021, dès le lancement des activités de séquençage. Pendant les six premières semaines de l'année 2021, la majorité des lignages détectés correspondait à des variants circulant activement en Europe (ex : B.1.160, B.1.177), illustrant l'impact des flux de voyageurs sur la dynamique de la COVID-19 sur l'île. Selon les données GISAID, le lignage B.1.622 serait spécifique à l'île car aucun autre territoire n'a identifié de séquences de ce variant.

Le variant Beta est devenu dominant à partir de mi-février 2021, malgré une circulation à bas-bruit du variant Alpha (B.1.1.7) qui était alors dominant en métropole. En plus de sa transmissibilité