



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

accrue, d'autres facteurs génétiques et épidémiologiques auraient pu expliquer la dominance du variant Beta, dont une fréquence d'introduction plus importante (flux de voyageurs) et les contextes locaux et régionaux. En effet, la proximité géographique et les mouvements de population avec d'autres îles de la région relient indirectement l'île au pays d'où serait originaire le variant Beta.

Deux sous-lignages du variant Beta ont été détectés. B.1.351.2 représentait trois fois plus de séquences que B.1.351. Les données disponibles dans GISAID suggèrent qu'il aurait été importé depuis son pays d'origine vers d'autres îles de l'Océan indien avant d'être introduit sur l'île, compte tenu des flux de voyageurs entre les régions concernées et l'importante épidémie liée variant Beta ayant eu lieu sur une île voisine de janvier à mars 2021.

Conclusion: Cette étude permet de mieux comprendre les interactions entre les variants du SARS-CoV-2 sur l'île, qui représente un système fermé avec contrôle des entrées. L'étude 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 de variants dominants.

Aucun lien d'intérêt

<https://doi.org/10.1016/j.mmifmc.2022.03.103>

COVID-05

Priorisation d'actions ciblées de santé publique par la surveillance épidémiologique : projet Hotspots COVID-19

F. Franke¹, S. Nauleau², J. Landier³, I. El bilouzi¹, P. Chaud¹, C. Ménager², M. Huart², S. Rebaudet⁴, J. Gaudart⁵, P. Malfait¹

¹ Santé publique France, Cellule régionale Paca-Corse, Marseille, France

² ARS Paca, Marseille, France

³ Aix Marseille Univ, IRD, INSERM, SESSTIM, UMR1252, ISSPAM, Marseille, France

⁴ Hôpital Européen, Marseille, France

⁵ Aix Marseille Univ, IRD, INSERM, SESSTIM, UMR1252, ISSPAM, AP-HM, Hôpital de la Timone, BioSTIC, Marseille, France

Introduction: En réponse à l'épidémie de SARS-CoV-2, un groupe de travail composé d'acteurs institutionnels, universitaires, associatifs et hospitaliers, a développé un projet dénommé « Hotspots COVID-19 ». Ce projet a pour objectif la détection précoce des reprises épidémiques, et des circulations virales importantes et/ou persistantes, à une échelle infracommunale, afin d'orienter et d'optimiser les actions de santé publique. Pour cela, des indicateurs ont été développés à une échelle fine et interprétés collectivement dans leur dynamique spatio-temporelle.

Matériels et méthodes: A l'échelle des Iris (ilots regroupés pour l'information statistique) et de la semaine, quatre niveaux de priorités ont été définis sur la base d'indicateurs de circulation virale : taux d'incidence, taux de positivité, accélération de l'incidence.

Des éléments structuraux ont été intégrés : défavorisation sociale, sous-dépistage, récurrence des événements et vaccination. L'analyse d'indicateurs de qualité des données et de circulation des variants a complété les discussions.

Le suivi des indicateurs a permis d'indiquer chaque semaine aux décideurs et équipes de terrain (médiateurs de lutte anti-covid) les territoires prioritaires où mener les actions de sensibilisation, contact-tracing, dépistages, vaccination, sous différentes formes (carte interactive, synthèse...).

La méthode et les outils produits ont été adaptés au fil des évolutions épidémiologiques, des retours de terrain et des réflexions du groupe.

Résultats: De mars à décembre 2021, 43 analyses contextuelles ont été envoyées aux décideurs et aux équipes de terrain, permettant l'optimisation du déploiement des médiateurs.

Ces analyses ont permis de suivre la dynamique épidémique, la diffusion de certains variants, mais aussi de mesurer un impact de l'épidémie différent selon les territoires, avec un lourd tribut payé par les quartiers socialement défavorisés.

Conclusion: Cette démarche collaborative a permis de définir chaque semaine les zones prioritaires d'interventions, de mobiliser et d'orienter le déploiement des équipes de médiateurs, souvent contraintes en ressources humaines. Elle montre l'importance d'une stratégie ciblant les mesures de freinage à une échelle spatio-temporelle fine et la pertinence du dialogue pluridisciplinaire et pluridisciplinaires en temps de crise.

A l'avenir, cette démarche collaborative devrait être développée pour optimiser les actions de santé publique sur des thématiques ciblées.

Une évaluation du dispositif a été initiée.

Aucun lien d'intérêt

<https://doi.org/10.1016/j.mmifmc.2022.03.104>

COVID-06

Contributions et défis des pharmaciens d'officine pendant la pandémie de COVID-19 en France

C. Durand¹, E. Douriez², A. Chappuis², F. Poulain², Y. Yazdanpanah³, S. Lariven³, F.-X. Lescure³, N. Peiffer-Smadja³

¹ CHU de Nice, Nice, France

² URPS Pharmaciens Île-de-France, Paris, France

³ CHU Bichat–Claude-Bernard, Paris, France

Introduction: Les soins de santé en France ont été profondément touchés par la pandémie de COVID-19, mobilisant de façon inédite les professionnels de santé. Dans le secteur des soins primaires, les pharmaciens d'officine ont joué un rôle important dans la réponse de première ligne à la COVID-19.

Cette étude visait à explorer les expériences et les perceptions des pharmaciens d'officine concernant l'exercice officinal et l'implémentation de nouveaux services de santé publique en officine pendant la pandémie de COVID-19.

Matériels et méthodes: Des entretiens qualitatifs individuels semi-structurés ont été conduits entre février et mai 2021 avec des pharmaciens d'officine exerçant en France. Les participants ont été recrutés par le biais d'une URPS pharmaciens et par échantillonnage boule de neige. Les entretiens ont été enregistrés, retranscrits verbatim puis analysés de façon thématique.

Résultats: Seize pharmaciens d'officine ont participé aux entretiens. Les pharmaciens interrogés ont rapporté avoir exercé un large éventail d'activités en lien avec la crise sanitaire en plus de la poursuite des services officinaux habituels. Les participants ont décrit avoir souvent été le premier recours des usagers pour des informations fiables et officielles sur la COVID-19. Les répondants ont par ailleurs raconté avoir joué un rôle de prévention contre la propagation du SARS-CoV-2 par l'éducation sur les mesures d'hygiène et de distanciation sociale, l'adaptation des locaux des officines ainsi que le *contact tracing*. Certains participants ont également évoqué avoir joué un rôle dans la gestion de l'anxiété et la lutte contre la désinformation du grand public. Les répondants ont aussi déclaré avoir participé à la prise en charge diagnostique de la COVID-19 en procédant initialement au triage et à l'orientation vers les centres de dépistage puis en proposant à partir d'octobre 2020 des tests de dépistage en officine. Les participants ont également rapporté avoir été impliqués dans la campagne de vaccination contre la COVID-19, tout d'abord en éduquant le public sur les vaccins contre la COVID-19, en facilitant leur distribution vers les cabinets de médecine