

Mesdames, Messieurs,

Un cluster nosocomial d'infections à SARS-CoV2 est suivi depuis plusieurs semaines par l'ARS Bretagne avec des cas également détectés en milieu communautaire. Suite à la détection de plusieurs cas rattachés à ce cluster avec une discordance répétée entre les signes cliniques évocateurs de la COVID-19 et les résultats négatifs de RT-PCR réalisés sur prélèvement nasopharyngé, des investigations épidémiologiques et virologiques ont été menées par Santé publique France et le CNR Virus des infections respiratoires.

L'analyse moléculaire réalisée par le CNR de Pasteur met en évidence **un nouveau variant (dérivé du clade 20C)** porteur de neuf mutations dans la région codant pour la protéine S mais également dans d'autres régions virales. Une évaluation est en cours afin d'apprécier l'impact possible de ces modifications génétiques sur un défaut de reconnaissance par les tests virologiques conduisant à un sous-diagnostic et susceptible d'interférer avec la stratégie de dépistage et de contact-tracing actuellement en vigueur. Des investigations complémentaires sont également en cours afin d'évaluer l'impact de ces mutations sur la transmissibilité, la sévérité et le risque éventuel d'échappement immunitaire de ce nouveau variant.

A ce stade, et en l'absence de données à ce jour concernant une éventuelle transmissibilité accrue de ce virus par rapport aux souches de 2020 et une éventuelle plus grande fréquence des formes sévères, **l'analyse de risque réalisée par Santé Publique France et le Centre National de Référence Virus respiratoires classe cette souche comme « variant under investigation »** (variant à suivre).

Dans ce contexte, une définition particulière des cas, adaptée à la situation et relative à une zone géographique incluant une partie des départements de **Côtes-d'Armor (22) et du Finistère (29)** en Bretagne, a été élaborée par Santé publique France^[1] (cf. annexe 1).

Compte-tenu de la **possible mise en défaut du diagnostic biologique** sur les prélèvements naso-pharyngés, une conduite à tenir spécifique doit être mise en œuvre.

a) **Conduite à tenir diagnostique :**

Vous trouverez ci-joint deux fiches techniques (annexes 2 et 3), précisant les examens à visée diagnostique à réaliser devant un cas possible ou probable répondant à la définition de cas, ainsi que les circuits des prélèvements à adresser au CNR Virus des infections respiratoires.

b) **Conduite à tenir autour des cas possibles, probables et confirmés :**

Tous les cas répondant à la définition de **cas possibles, probables ou confirmés** doivent faire l'objet d'un **isolement strict d'une durée de 10 jours à compter de la date de début des signes pour les patients symptomatiques ou à compter de la date de prélèvement pour les cas asymptomatiques**. Pour les personnes contacts, les recommandations en termes de tests (immédiat et à J7) et la durée de quarantaine ne sont pas modifiées (la durée reste de 7 jours à compter de la dernière exposition à risque).

Le contact tracing sera initié dès la détection d'un cas possible selon les modalités habituelles. **Pour les cas probables et les cas confirmés, seront également réalisés une information des contacts de seconde génération par les contacts de première génération (contact-warning)** ainsi qu'une investigation en amont et en aval des cas à la recherche de situations à risque de transmission pour la recherche de personnes co-exposées (rétro-tracing par le niveau 3, ARS/SpF).

c) **Renseignement de l'outil contact-covid :**

Dans le contexte imposé par ce nouveau variant dérivé du clade 20C, **une attention toute particulière doit être portée sur la déclaration des cas dans « Contact-COVID ».**

A ce titre, dans l'attente d'une évolution de l'outil, les professionnels de ville et des établissements de santé devront appliquer la consigne suivante : les cas possibles seront créés dans Contact Covid en utilisant le champ diagnostic « Probable (symptômes + scanner) » et en indiquant manuellement dans le champ « nature de variant » l'information (strictement saisie à l'identique) « **Cas possible 20C** » ce qui permettra de les identifier comme cas possibles, y compris dans les extractions utilisées par Santé Publique France.

Les cas probables pourront être enregistrés en utilisant le champ « diagnostic » ci-dessus « Probable (symptômes + scanner) » et en indiquant dans le champ « nature de variant » l'information « **Cas probable 20C clinique** » (c'est-à-dire présentant des lésions visibles en tomo-densitométrie thoracique évocatrice de COVID-19) ou « **Cas probable 20C épidémiologique** » (c'est-à-dire disposant d'un contact à risque avec un autre cas possible, probable ou confirmé d'infection par ce variant du clade 20C, OU appartenant à un regroupement de ces cas possibles, probables ou confirmés).

Concernant les cas confirmés, la question se pose de pouvoir tracer à posteriori la présence du variant dérivé du clade 20C, à l'issue du séquençage. Cette information pourra être indiquée dans le champ « diagnostic » en modifiant « Probable (symptômes + scanner) » par « **Résultat RT-PCR confirmé positif** » et en indiquant une nature de variant « **VARIANT 20C confirmé par séquençage** ».

Vous retrouverez les présents messages et ses annexes sur le [site du ministère](#).

Nous vous remercions sincèrement pour votre engagement et votre vigilance dans l'application des consignes citées plus haut. La participation de tous sera essentielle pour assurer la bonne compréhension de la situation.

Pr. Jérôme Salomon
Directeur Général de la Santé