



# LES PERSPECTIVES DE LA SURVEILLANCE GÉNOMIQUE : LE CONSORTIUM EMERGEN

Justine Schaeffer  
Equipe de surveillance des variants du SARS-CoV-2  
Santé publique France

**Cette intervention est faite en tant que personnel de Santé publique France, organisateur de la manifestation.**

**Je n'ai pas de conflit d'intérêt en lien avec le sujet traité.**

## Utilisation des techniques de séquençage du génome pour suivre l'évolution et la diffusion d'un pathogène

### Séquençage

- Matériel génétique → séquence
- Protocole en plusieurs étapes

**Isolement** → **Amplification** → **Librairies** → **Séquençage** → **Assemblage**

- Différentes techniques à sélectionner selon les objectifs

Pathogène  
Échantillon  
ADN/ARN  
Plasmide

Sanger  
Amplicon  
Whole genome  
Metagénomique

Short/long reads  
Tests/séquençage  
Type de séquenceur  
Système de lecture

Référence  
*de novo*  
Metagénomique

## Utilisation des techniques de séquençage du génome pour suivre l'évolution et la diffusion d'un pathogène

### Séquençage

- Matériel génétique → séquence
- Protocole en plusieurs étapes
- Différentes techniques à sélectionner selon les objectifs

### Avantages/limites

- ✓ Précision
- ✓ Tests en parallèle
- ✓ Diversité des méthodes
- ✓ Quantité d'information (génome)

- ✗ Coût
- ✗ Délais incompressibles
- ✗ Choix de la méthode
- ✗ Transposition génotype/phénotype

## Diagnostique

- Multiplexage → tester plusieurs pathogènes en parallèle
- Combiné avec un analyse génétique

## Identification de gènes d'intérêt

- Facteurs de pathogénicité
- Résistance aux antibiotiques
- Recherche exhaustive

## Phylogénie

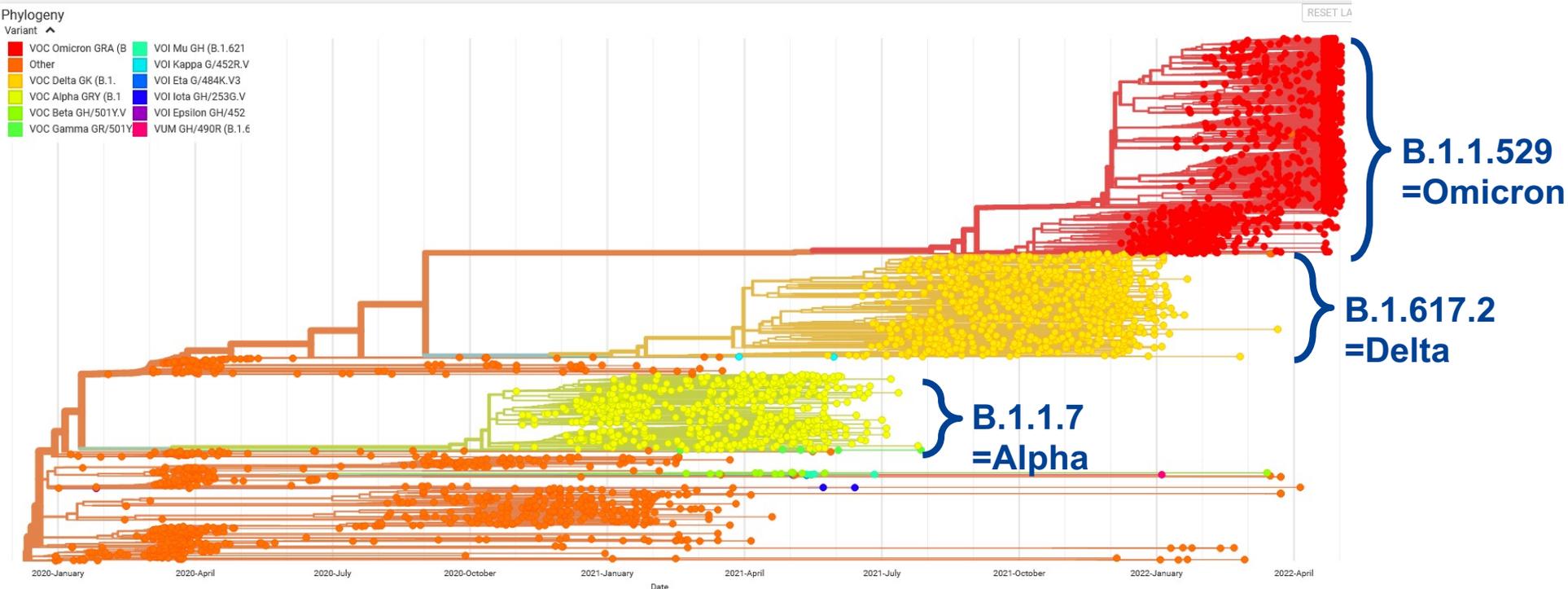
- Comparaison du génome entre différentes souches
- Identification de clusters/chaînes de transmission
- Suivi évolutif du pathogène
- Définition de variants

→ **Surveillance génomique du SARS-CoV-2**

# Variants du SARS-CoV-2

## Lignage **Nomenclature A.0.0.0** (B.1.1.7, B.1.1.529, BA.2)

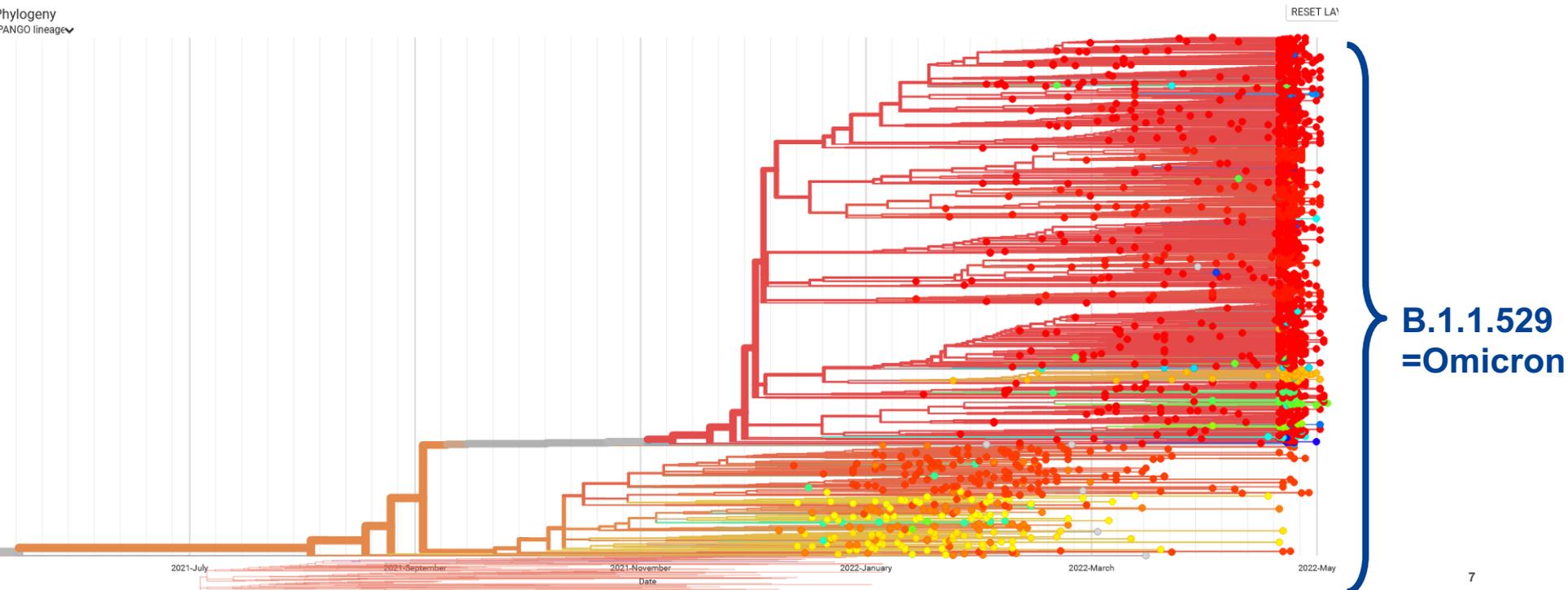
- Comparaison du génome entier
- Définitions de branches dans l'arbre phylogénétique → lignage



# Variants du SARS-CoV-2

## Lignage **Nomenclature A.0.0.0** (B.1.1.7, B.1.1.529, BA.2)

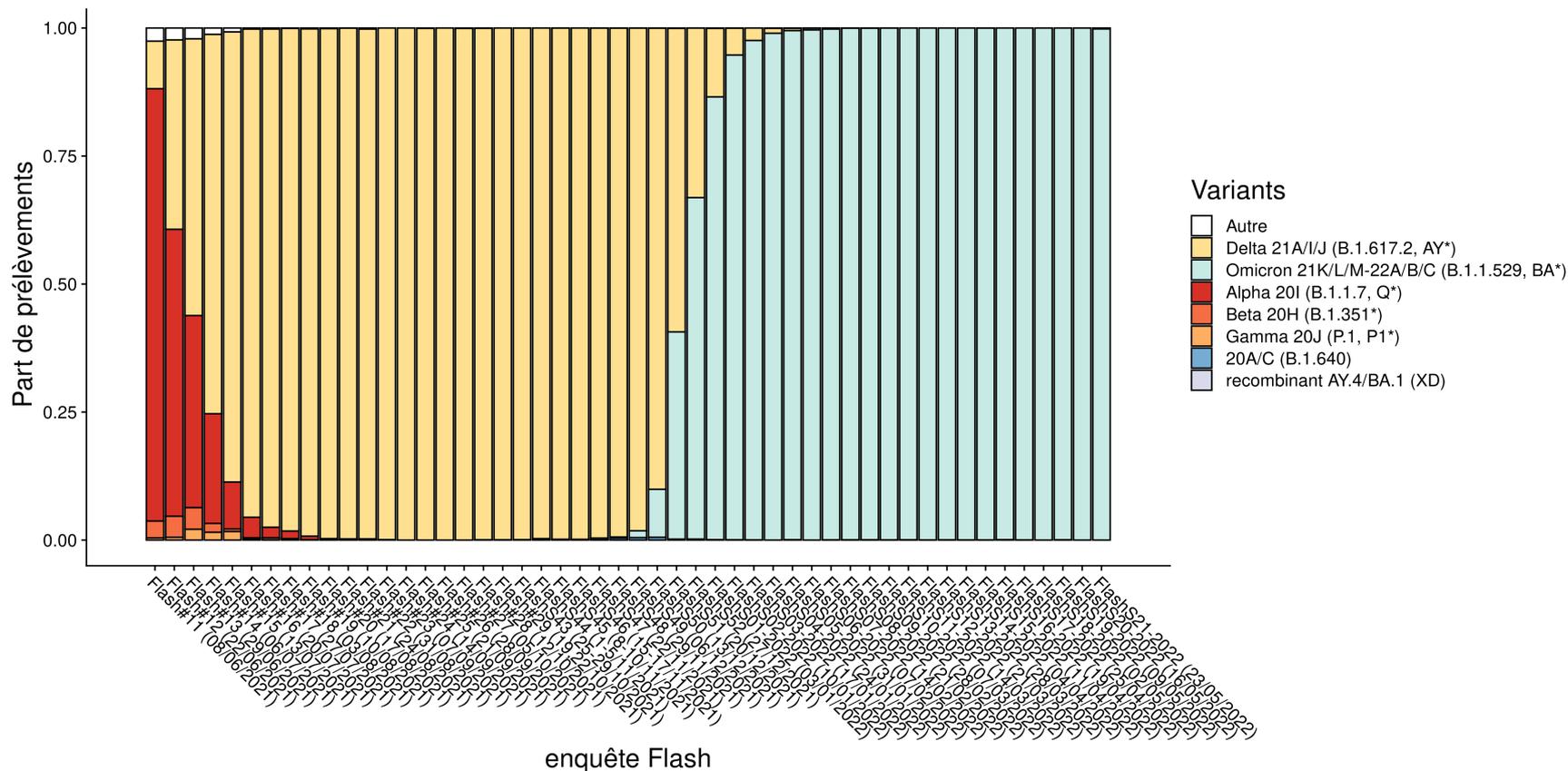
- Comparaison du génome entier
- Définitions de branches dans l'arbre phylogénétique → lignage
- Division d'une branche → sous-lignage



# Variants du SARS-CoV-2

## OMS **Lettre grecque** (Alpha, Delta, Omicron)

- Basé sur les propriétés d'un variant
- Attribuées aux VOC et VOI



# Organisation en France

## Objectifs

- Suivre les variants circulants et identifier des variants émergents
- Evaluer leur impact en santé publique pour orienter les mesures

## Consortium EMERGEN

- Réseau de séquençage pour soutenir les activités de surveillance et de recherche sur les maladies infectieuses émergentes
- Acteurs santé publique/recherche et public/privé

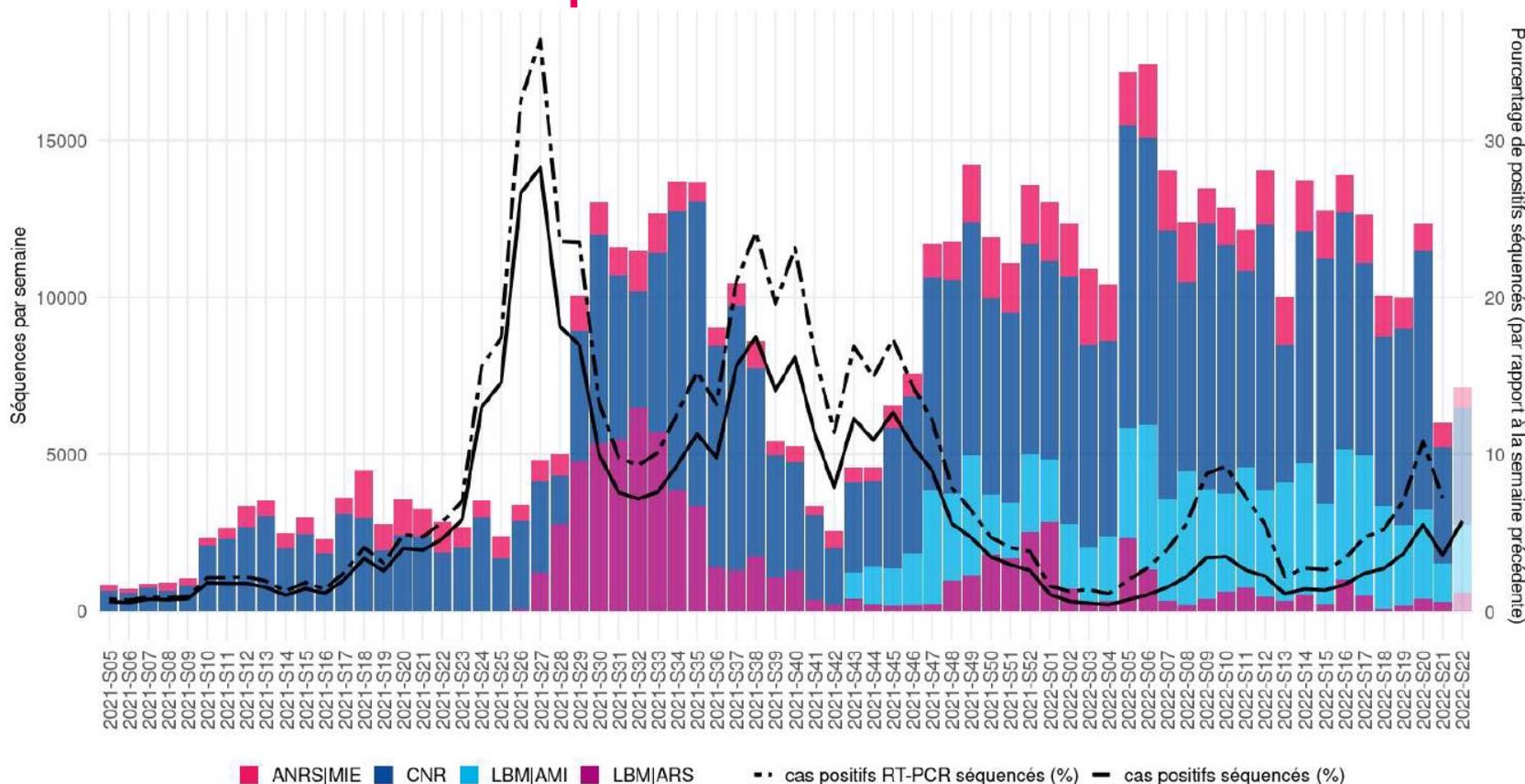


# Organisation en France

## Capacités

- Monté en charge des volumes de séquençage

**565 342 séquences au 07/06/2022**

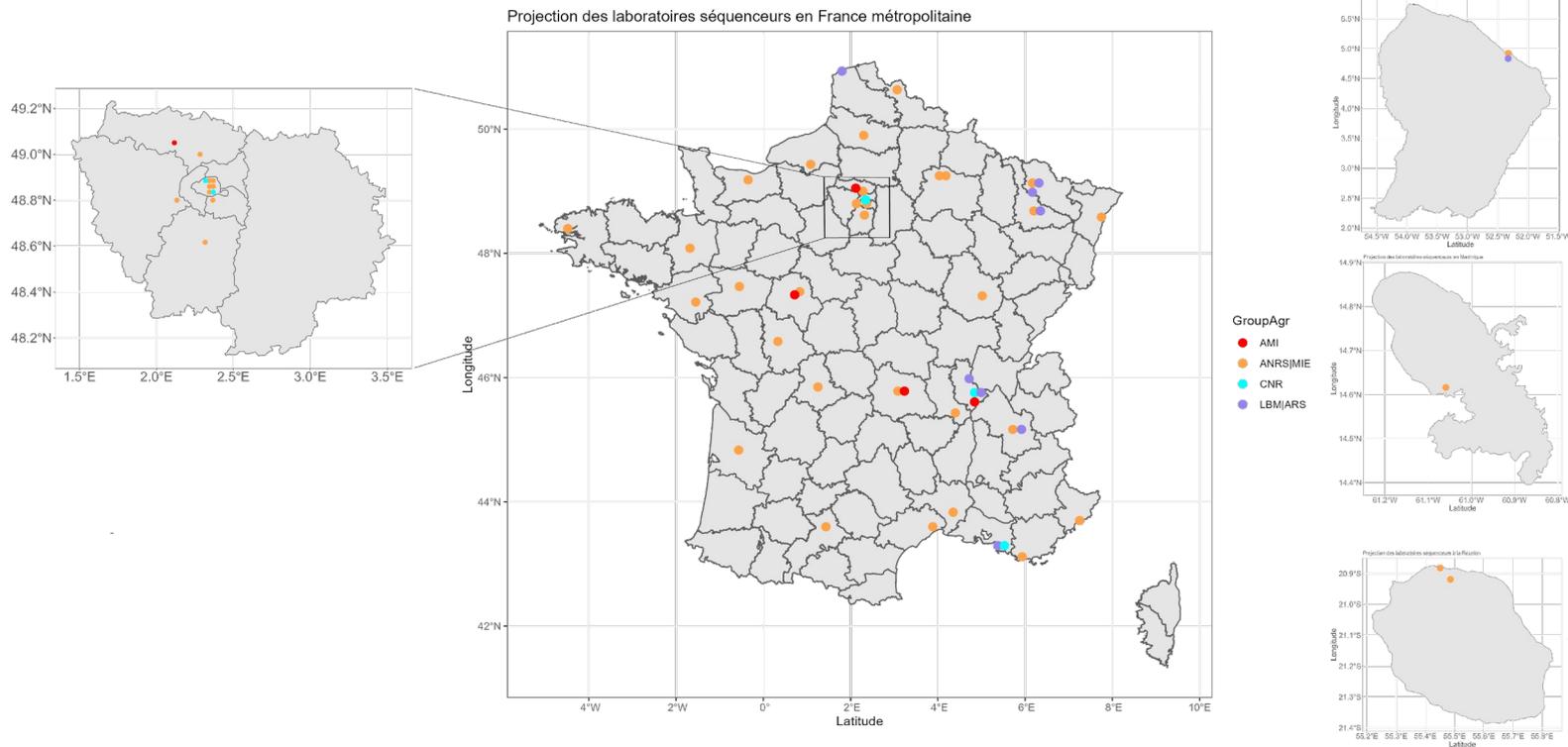


\* Données 2022-S22 non consolidées.

# Organisation en France

## Capacités

- Monté en charge des volumes de séquençage
- 56 laboratoires → représentativité géographique



## Capacités

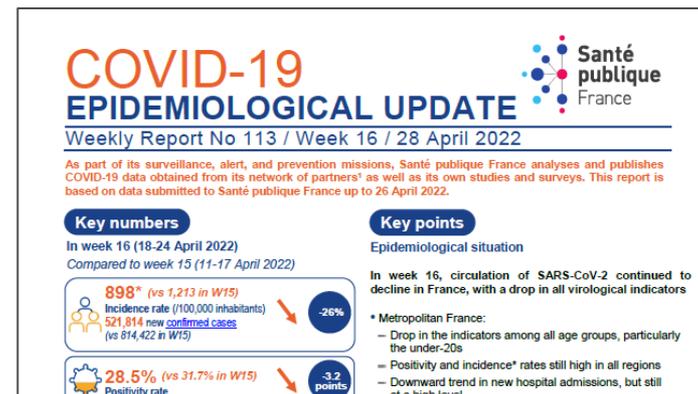
- Monté en charge des volumes de séquençage
- 56 laboratoires → représentativité géographique

## Stratégies de séquençage

- Enquêtes Flash → sélection aléatoire, représentatif
- Ciblé → profils d'intérêt en santé publique (cas graves, traitements...)
- Interventionnel → investigation d'une situation atypique

## Productions

- Point épidémiologiques hebdomadaires (n°118 le 09/06)
- Analyses de risque (avec le CNR)
- Publications scientifiques
- Open Data



## Partenaires complémentaires

- Public/privé (accès facilité aux prélèvements de ville)
- Couverture géographique, y compris dans les DROM

## Production de données pour la santé publique

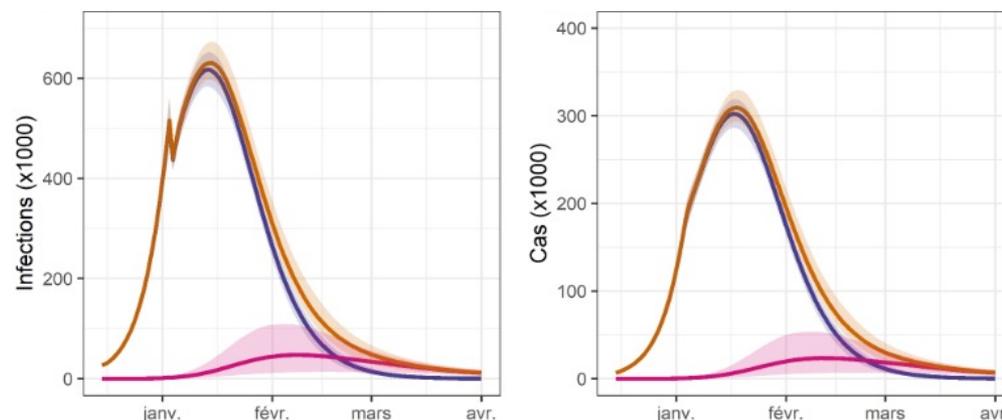
- Expertise complémentaire SpF/CNR
- Publication des données et de leur interprétation

## Interface surveillance/recherche pour aider à la décision

- Collaboration avec des équipes de modélisation

## Emergence de BA.2

[https://modelisation-covid19.pasteur.fr/variant/Institut\\_Pasteur\\_Impact\\_BA\\_2\\_epidemie\\_francaise\\_20220221.pdf](https://modelisation-covid19.pasteur.fr/variant/Institut_Pasteur_Impact_BA_2_epidemie_francaise_20220221.pdf)



## Partenaires complémentaires

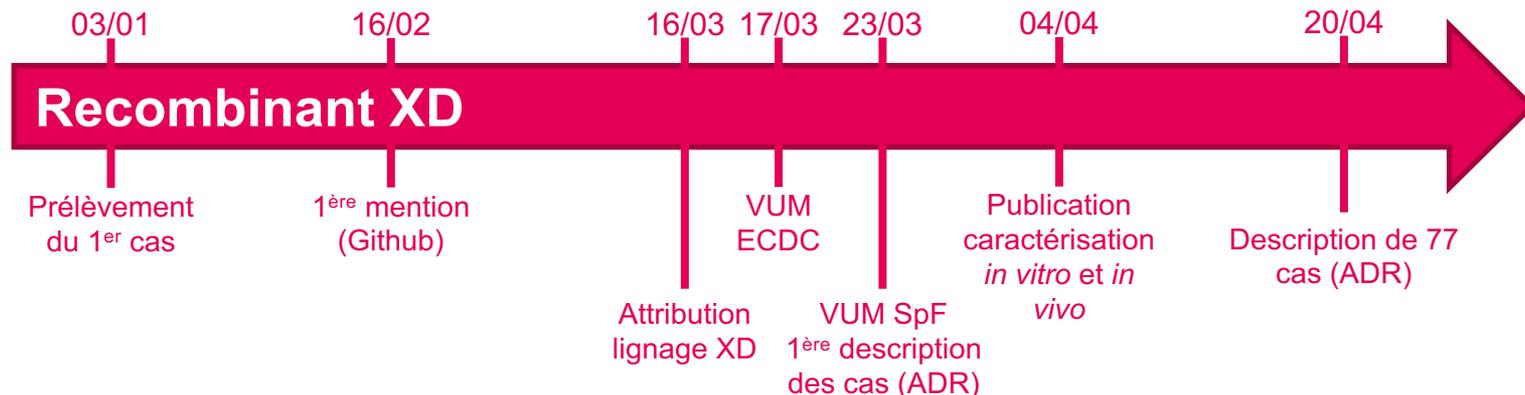
- Public/privé (accès facilité aux prélèvements de ville)
- Couverture géographique, y compris dans les DROM

## Production de données pour la santé publique

- Expertise complémentaire SpF/CNR
- Publication des données et de leur interprétation

## Interface surveillance/recherche pour aider à la décision

- Collaboration avec des équipes de modélisation
- Caractérisation de variants émergents



## Utilisation des données

- Dashboard avec des données plus fines (classements en sous-lignages par exemple) accessibles aux partenaires
- Partage des données avec des équipes de recherche
- Croisements de bases de données → enjeu d'une clé commune d'appariement

## Qualité des données

- Evaluation de la qualité de séquençage (EQA)
- Processus différents → hétérogénéité
- Pré-analytique → récupération automatisée des métadonnées en amont du séquençage (lien avec ENDB)

## Transcription des résultats la surveillance génomique dans la prise de décision (mesures de gestion)

## Pérennisation

- Maintenir des volumes de séquençage suffisants
- Maintenir des délais de séquençage raisonnables
- Continuer à exploiter ces données → ressources adaptées

## Adaptation

- À l'évolution des stratégies/comportements vis-à-vis des tests
- Aux politiques de financement
  - **représentativité ?**
- À une stratégie intégrée (IRA+) → autres pathogènes respiratoires
  - **expertise supplémentaire nécessaire pour séquencer**

## Diversification

- Types d'échantillons → animaux, environnementaux (eaux usées)...
- Autres pathogènes → arbovirus ? VIH ? Hépatites virales ?
  - **à articuler avec l'ENDB**

# Remerciements

**Santé publique France** : AHAMADI Amina, ARFAOUI Adel, BOZORGAN Anne, BREMBILLA Alice, CASTRO-ALVAREZ Javier, CHE Didier, CHENT Souhaila, COIGNARD Bruno, COIVOUS Aude, DJELLOUL Mehdi, FOURNIER Lucie, GBAGUIDI Gwladys, HACHIN Clothilde, HAMIDOUCHE Mohamed, HUCHET-KERVELLA Caroline, LAMPE Paul-Henri, LAMY Anais, LE STRAT Yann, MAISA Anna, MALLEJAC Sophie, MASTROVITO Brice, MERCIER Alizé, MEREAU Anne-Laure, MORIN-LANDAIS Angélique, NARDY Stéphane, ORTIZ Sonia, PICARD Gwenola, PRETET Mael, RIONDEL Adeline, SCHAEFFER Justine, SPACCAFERRI Guillaume, SUDOUR Jeanne ; **ANRS|Maladies Infectieuses Emergentes** : BEAUPEPERE Romane, BRUGEROLLES Claire, MADELAINE Claire, RAOUL Hervé , YAZDANPANAH Yazdan ; **CNR** : BAL Antonin, COLSON Philippe, DESTRAS Gregory, ENOUF Vincent, FOURATI Slim, FOURNIER Pierre-Edouard, HOUHAMDI Linda, JOSSET Laurence, LEVASSEUR Anthony, LINA Bruno, PAWLOTSKY Jean-Michel, RODRIGUEZ Christophe, SIMON Bruno, TELUSSON Solange, VAN DER WERF Sylvie ; **Plateformes privées** : CADO Sylvie, CHILLOU Christian, DUCREUX Stéphanie, DURET Thomas, HAIM-BOUKOBZA Stéphanie, HOLSTEIN Anne, JIMENEZ Mélanie, KEMENY Stephan, KEPPI Bertrand, MARTIN-DENAVIT Tanguy, RIVRON François, ROQUEBERT Bénédicte, VERDURME Laura ; **LBM|ANRS|MIE** : BELEC Laurent, BOCKET Laurence, BOURLET Thomas, BRESSOLLETTE-BODIN Céline, BRICHLER Ségolène, CALVEZ Vincent, CASTELAIN Sandrine, CHARPENTIER Charlotte, CHOLLET Lionel, DE ROUGEMONT Alexis, DELAGREVERIE Héloïse, DELAMARE Catherine , DELAUGUERRE Constance, DESCAMPS Diane, DOS SANTOS Georges, FAFI-KREMER Samira, GAUDY Catherine , GIORDANENGO Valérie, GORGE Olivier, HENQUELL Cécile, IZOPET Jacques, JAFFAR-BANDJEE Marie-Christine, LAFON Marie-Edith, LEVEQUE Nicolas, MARQUE-JUILLET Stéphanie, MAVINGUI Patrick, MORAND Patrice, MORAND-JOUBERT Laurence, PAYAN Christopher, PLANTIER Jean-Christophe, POGGI Cécile, ROGEZ Sylvie, ROQUE Anne-Marie, ROUSSET Dominique, SCHVOERER Evelyne, STEPHAN Robin, THIBAUT Vincent, TUAILLON Edouard, VABRET Astrid, VALLEE Eric ; **LBM|ARS** : BLANCHET Denis, CAPRON Nicolas, DUCHAMP Vincent, DUDA Alain, FELICI Charlotte, GARCIA Vincent, GERMAIN Hugo, GILARD Stéphanie, HALFON Philippe, JACOMO Véronique, JACQUES Alexandra, LEDY Marc, LEHMANN Vincent, LEROY Hugues, LEVY Julien, NAUDOT Xavier, NEYBECKER Paul, PAX Charles, SAGNE Audrey, SAGOT Christophe, SAUDEMONT Camille, SOARES Anais, VIGNOLA Alexandre ; **Institut Français de BioInformatique** : ANTONIEWSKI Christophe, BOURI Laurent, CHARRIERE Nicole, CHIAPELLO Hélène, DENECKER-BERARDINO Thomas, GERBES François, LAURIOU Suzanne, LE BARS Arthur, LE CORGUILLE Gildas, MALABAT Christophe, MEDIGUE Claudine, MENAGER Hervé , MESSAK Imane, MILANESI Sylvain, NAOUAR Naïra, ROSNET Thomas, SALGADO David, SAND Olivier, SEILER Julien, VAN HELDEN Jacques ; **Inserm** : AMZERT Abdelkader, COLIZZA Vittoria, DE LAMBALLERIE Xavier, GHARBI Nebras, LAHMANI Imane, LETHIMONNIER Franck, SAHNOUNE Samy ; **Institut Pasteur** : SIMON-LORIERE Etienne, CAUCHEMEZ Simon ; **Anses** : CORDEVANT Christophe, SALVAT Gilles ; **CNRGH** : DELEUZE Jean-François ; **Réseau Sentinelles** : BLANCHON Thierry ; **Autres contributeurs** : FERNANDES Fabrice, PLE Sylvain, SARAMANDIF Henley, BOSCHETTI Jean, MAINAR Alain, DEBARRE Florence.