

ASSEMBLÉE NATIONALE

15ème législature

Séquençage des variants de la covid-19 Question au Gouvernement n° 3962

Texte de la question

SÉQUENÇAGE DES VARIANTS DE LA COVID-19

M. le président. La parole est à M. Boris Vallaud.

M. Boris Vallaud. Monsieur le Premier ministre, j'ai tout d'abord une pensée pour les morts de la covid-19, dont le nombre atteindra 100 000 cette semaine, pour les malades et leur famille. Nous ne nous résignons pas face à cet état de fait tragique.

Le variant brésilien frappe durement le Brésil et pourrait à lui seul, dit-on, compromettre les efforts accomplis dans la lutte contre la pandémie en Europe et en France – d'aucuns parlent même d'une possible quatrième vague. Ce variant, outre qu'il semble plus contagieux que tout autre, toucherait des populations plus jeunes. Plus de 50 % des malades en soins intensifs au Brésil auraient ainsi moins de 40 ans. Il aurait une forte capacité de réinfection, comme on l'a observé à Manaus. D'ores et déjà, dix-sept mutations auraient été identifiées.

Monsieur le Premier ministre, vous venez d'annoncer que, face à la menace, la France, comme d'autres pays d'Europe, avait décidé d'interrompre ses liaisons aériennes avec le Brésil. Cette très bonne décision s'imposait.

Depuis plusieurs mois, certains pays ont décidé, face à l'émergence de variants, de massifier leur capacité de séquençage du virus pour détecter les variants les plus contagieux, identifier les événements de surpropagation et suivre, au plus près, l'évolution de l'épidémie. En la matière, la France accuse un très grand retard. Le séquençage se révèle pourtant essentiel dans la lutte contre le coronavirus. Sur la base de données mondiale GISAID – Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data –, 500 000 génomes ont été partagés dont seulement 5 000 par la France, quarante fois moins que le Royaume-Uni. Si les Britanniques ont investi 20 millions de livres dès mai 2020 pour créer un consortium de génomique du covid-19, la France n'a pas fourni un tel effort.

Monsieur le Premier ministre, que fait la France pour traquer ce virus et comment entendez-vous rattraper notre retard dans le défi si essentiel du séquençage ? (Applaudissements sur les bancs du groupe SOC. – Mme Marie-George Buffet applaudit également.)

M. le président. La parole est à M. le ministre des solidarités et de la santé.

M. Olivier Véran, *ministre des solidarités et de la santé.* Monsieur Vallaud, vous avez raison d'insister sur l'importance des techniques permettant d'identifier les variants des virus connus. Deux méthodes existent et sont pratiquées massivement en France.

La première est le criblage, qui repose sur un test PCR – à réaction en chaîne par polymérase – équipé de

réactifs permettant de déterminer, quand le résultat est positif, s'il s'agit d'un variant et de l'identifier s'il est connu, comme le sud-africain, le brésilien ou l'anglais. La France sait piloter au jour le jour, heure par heure, région par région, ville par ville, bassin de vie par bassin de vie, la répartition des différents variants. Actuellement, 80 % sont d'origine britannique, un peu moins de 4 % sont brésiliens et sud-africains. La proportion de ces derniers recule car ils sont moins contagieux que l'anglais, qui, lui, s'étend dans tout le territoire.

La deuxième méthode repose sur le séquençage et consiste à chercher indistinctement les variants, qu'ils soient connus ou pas encore. De fait, il en existe plusieurs milliers et, rien qu'au Brésil, plus de quatre-vingt-dix ont été identifiés.

Il est factuellement inexact de dire que la France ne procède pas à des séquençages de masse ; nous en réalisons plusieurs milliers chaque semaine dans les centres nationaux de référence. Ce travail, extrêmement utile, nous permet notamment d'identifier l'apparition de nouveaux variants. Il y a trois semaines, il avait été question de celui du Trégor : après avoir procédé en deux jours à 600 000 séquençages dans les Côtes-d'Armor, nous avons constaté qu'aucun résultat n'y correspondait, ce qui, vous le reconnaîtrez, était plutôt rassurant.

Encore une fois, célébrons notre communauté scientifique et médicale. Nous continuons de développer le séquençage et le criblage. En la matière, la France n'a vraiment pas à rougir. Certes, nous procédons à moins de séquençages que nos voisins britanniques, mais il n'y a pas photo avec nos voisins européens. (Applaudissements sur quelques bancs du groupe LaREM.)

- **M. le président.** La parole est à M. Boris Vallaud. Il ne vous reste plus de temps, mais puisque je vous ai donné la parole, je vous la laisse.
- M. Boris Vallaud. Je vous remercie de votre bienveillance, le sujet est important.
- M. le président. Soyez bref!
- **M. Boris Vallaud.** J'avais lancé une alerte le 13 octobre 2020 sur notre retard dans le domaine de la vaccination et j'en lance une nouvelle sur notre retard par rapport aux Britanniques en matière de séquençage génomique.
- M. David Habib. Excellent!
- M. Pierre Cordier. Il faudrait être tolérant avec tout le monde, monsieur le président !

Données clés

Auteur: M. Boris Vallaud

Circonscription: Landes (3e circonscription) - Socialistes et apparentés

Type de question : Question au Gouvernement

Numéro de la question : 3962

Rubrique : Santé

Ministère interrogé : Solidarités et santé Ministère attributaire : Solidarités et santé

Date(s) clée(s)

Question publiée au JO le : 14 avril 2021

La question a été posée au Gouvernement en séance, parue dans le journal officiel le 14 avril 2021