
Analyse de risque sur les variants émergents du SARS-CoV-2

Mise à jour du 08/07/2024, n°53

Santé publique France et le Centre National de Référence (CNR) Virus des infections respiratoires réalisent conjointement et de façon régulière une analyse de risque (AdR) sur les variants du SARS-CoV-2 identifiés en France et à l'international, sur la base des informations disponibles concernant leur diffusion.

Les sources utilisées pour cette analyse de risque sont les suivantes : données du **consortium EMERGEN** et du CNR Virus des infections respiratoires dont les enquêtes Flash, la base de données virologiques internationale « *Global Initiative on Sharing All Influenza Data* » (**GISAID**) et l'outil d'analyse des données GISAID (**cov-spectrum.com**).

Nous remercions Sylvie van der Werf, Bruno Lina, Marie-Anne Rameix Welti et les cellules régionales de Santé publique France pour leurs relectures des analyses de risque.

Points clés au 08/07/2024 : Circulation dominante du variant JN.1*

- JN.1* majoritaire en France (hexagonale et DROM) est le plus détecté à l'échelle mondiale. A ce jour, aucun signal préoccupant en termes de santé publique ne lui a été associé. La circulation des variants est globalement homogène dans les régions de France hexagonale.
- LB.1, sous-lignée de JN.1, a été classé VUM en raison de son profil de mutations.
- Certains sous-lignées de JN.1 possèdent des mutations importantes au niveau de la protéine Spike, notamment les couples L455F/F456L et R346T/F456L. Ces mutations, déjà retrouvées sur d'autres lignages, peuvent conférer une évasion immunitaire accrue sans augmentation de la sévérité.
- Le sous-lignée KP.2 de JN.1 semble avoir un gain d'échappement à l'immunité mais une diminution de son infectiosité, pouvant ainsi potentiellement limiter sa diffusion et sa gravité (données *in vitro* à confirmer par des études en vie réelle).
- Les autorités de santé, telles que la FDA (Food and Drug Administration) et l'EMA (European Medicines Agency), recommandent d'adapter les vaccins à JN.1 pour les campagnes de vaccination 2024/2025 afin de mieux cibler les variants en circulation.
-

Table des matières

1.	Classement des variants	2
2.	Circulation des variants à l'international	3
3.	Circulation des variants en France	4
4.	Connaissances disponibles sur les variants	4
5.	Conclusion	6
6.	Références	7
7.	Annexes	7

1. Classement des variants

Depuis la précédente analyse de risque du 10/06/2024, les variants EG.5 et XBB.1.5, précédemment classés VOI, et les variants XBB, XBB.1.9 et XBB.2.3, précédemment classés VUM, ont été déclassés. En effet, ils n'ont plus été détectés au cours des enquêtes Flash depuis de mars 2024 (S05 pour XBB, S06 pour XBB.1.5, S11 pour EG.5 et XBB.2.3, et S17-2024 pour XBB.1.9).

Suite à la circulation large de JN.1 dans le monde, ce variant s'est diversifié génétiquement et de nombreux sous-lignages ont été définis. Un nouveau sous-lignage, LB.1, a été classé VUM en raison des mutations supplémentaires qu'il porte dans la protéine Spike : F456L et R346T. Ces deux mutations ont été associées à des modifications de la transmissibilité et de l'échappement à la réponse immunitaire chez de précédents variants à l'instar de KP.2 et KP3.

Au 08/07/2024, aucun variant n'est classé VOC, un variant est classé VOI et cinq variants sont classés VUM (Tableau 1). Les variants classés sont tous des sous-lignages du variant Omicron et leur filiation génétique est représentée dans la Figure 1.

Tableau 1 : Classement des variants au 08/07/2024 et détection en France (hexagone et DROM) au cours de l'enquête Flash S25-2024 du 17/06/2024

Variants préoccupants (VOC)	Variants à suivre (VOI)	Variants en cours d'évaluation (VUM)
	JN.1 (24A-24B)¹ 49 %	JN.1.7 (24A) 1 %
		JN.1.18 (24A) 3 %
		KP.2 (24B) 19 %
		KP.3 (24B) 27 %
		LB.1 (24A) Non détecté en S25

Mise à jour de l'analyse de risque au 08/07/2024.

Enquête Flash S25-2024 du 17/06/2024 (dernières données consolidées) : 262 séquences interprétables.

La nomenclature a été ajustée en fonction des modifications du classement OMS au 28/06/2024, décrites précédemment.

Chaque lignage classé inclut tous ses sous-lignages ne faisant pas l'objet d'un classement spécifique.

¹. JN.1.7, JN.1.18, KP.2, KP.3 et LB.1 exclus

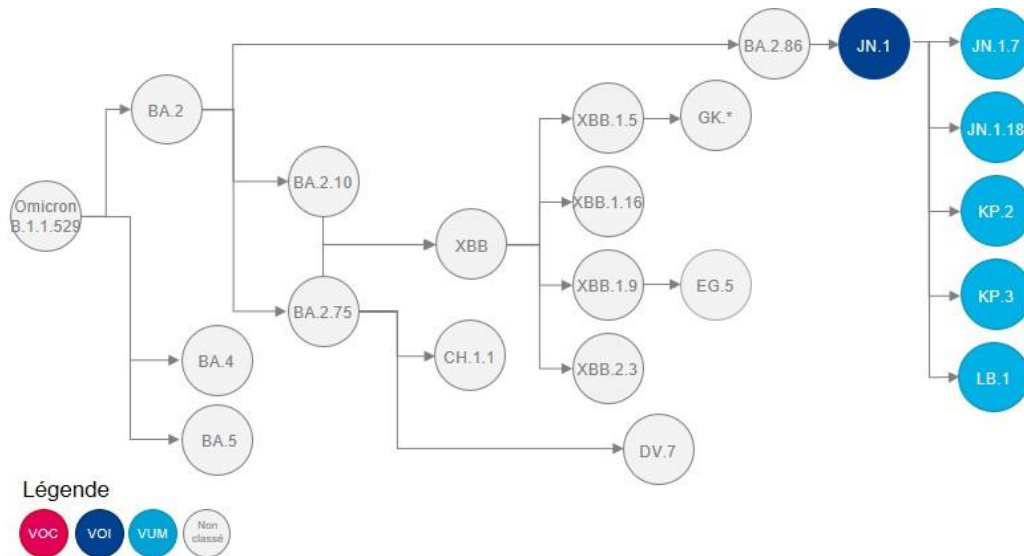


Figure 1. Représentation schématique de la filiation génétique des variants d'Omicron classés au 08/07/2024

2. Circulation des variants à l'international

Depuis début décembre 2023, le variant **JN.1*** (sous-lignage de BA.2.86), incluant ses sous-lignages, **est le lignage le plus détecté à l'échelle mondiale avec plus de 80 %** des séquences déposées sur la base de données internationale GISAID depuis début février 2024. Au sein de JN.1*, le sous-lignage KP.2* tend à se stabiliser autour de 20 % au mois de juin. Le sous-lignage KP.3* est en légère augmentation, il représentait autour de 38 % des séquences interprétables le même mois (Tableau 2). En parallèle, une baisse progressive de la détection du sous-lignage JN.1.7* et plus largement des autres sous-lignages de JN.1* non classés VUM (variant JN.1*, Tableau 2) est observée. La proportion de sous-lignage LB.1 est stable sur les dernières semaines et est détecté à un niveau inférieur à 10% des séquences interprétables.

La situation épidémiologique mondiale de ces dernières semaines reste donc caractérisée par la **prédominance de JN.1***.

A noter, le nombre de séquences déposées dans la base GISAID a fortement diminué au cours des dernières semaines passant d'environ 6 000 séquences début juin à moins de 350 lors de la dernière semaine de juin. Ces données doivent donc être interprétées avec précaution.

Tableau 2 : Détection des variants dans le monde entre le 03/06/2024 et le 30/06/2024 (données covSPECTRUM au 08/07/2024)

Variant	Classement	03/06-09/06		10/06-16/06		17/06-23/06		24/06-30/06		Tendance*
		N	%	N	%	N	%	N	%	
JN.1 (24A-B)¹	VOI	1782	30,0	1099	27,5	664	26,9	99	29,8	↘
JN.1.7 (24A)	VUM	109	1,8	66	1,7	31	1,3	1	0,3	↘
JN.1.18 (24A)	VUM	108	1,8	94	2,4	55	2,2	4	1,2	↗
KP.2 (24B)	VUM	1373	23,1	697	17,5	463	18,8	68	20,5	→
KP.3 (24B)	VUM	1926	32,4	1569	39,3	1 014	41,1	136	41,0	↗
LB.1 (24A)	VUM	468	7,9	328	8,2	188	7,6	20	6,0	→
Total²		5 947		3 990		2 467		332		

* Tendance sur les quatre semaines consolidées (03/06 au 30/06)

¹ JN.1.7, JN.1.18, KP.2 et KP.3, LB.1 exclus

² Total des séquences disponibles pour l'analyse via CovSPECTRUM

3. Circulation des variants en France

Depuis mars 2024, le SARS-CoV-2 circulait peu en France. Cependant depuis mi-mai 2024, une hausse des indicateurs de circulation du SARS-CoV-2 est observée mais le nombre des RT-PCR SARS-CoV-2 reste faible, peu de prélèvements sont donc disponibles pour la surveillance génomique. Les graphiques par semaine sont disponibles en annexe mais les proportions qu'ils indiquent, doivent être interprétées avec précaution.

Le variant **JN.1*** circule majoritairement en France depuis fin novembre 2023 (Flash S48-2023, Figure 2 en Annexe). Il représentait, avec tous ses sous-lignages, 98,5 % des séquences interprétables de l'enquête Flash du 17/06/2024. Parmi les séquences de JN.1*, les sous-lignages les plus détectés sont KP.2* et KP.3* (18,7 % et 27,1 % respectivement des séquences interprétables de l'enquête Flash du 17/06/2024) dont la circulation augmentait depuis quelques semaines mais qui semblent se stabiliser au regard des dernières semaines consolidées (Tableau 3). En parallèle, les sous-lignages JN.1.7* et JN.1.18* continuent de circuler et sont retrouvés dans des proportions plus faibles (moins de 10 séquences par semaine). Le VUM LB.1 a été détecté au cours de l'enquête Flash du 22/04/2024 mais circule à des niveaux faibles. On peut remarquer la diversité des sous-lignages de JN.1* illustrée dans la figure 3 en annexe.

Les autres variants détectés sont des variants non classés. La part de cette catégorie est en diminution et elle est majoritairement représentée par le recombinant XDK (recombinant entre JN.1.1.1 et XBB.1.16.11) qui représentait 1,5 % (4 séquences) des séquences interprétables de l'enquête Flash du 17/06/2024. Elle contient aussi les autres sous-lignages de BA.2.86 (JN.1* exclu).

Tableau 3 : Détection des variants classés lors des enquêtes Flash S22-2024 à Flash S25-2024, France.

Variant	Classement	Flash S22-2024 (27/05/2024)		Flash S23-2024 (03/06/2024)		Flash S24-2024 (10/06/2024)		Flash S25-2024 (17/06/2024) [#]		Tendance*
		N	%	N	%	N	%	N	%	
JN.1 (24A-B)¹	VOI	87	51,8	119	58,3	93	43,1	128	48,9	↘
JN.1.7 (24A)	VUM	10	6,0	5	2,5	1	0,5	2	0,8	↘
JN.1.18 (24A)	VUM	5	3,0	5	2,5	3	1,4	8	3,1	↘
KP.2 (24B)	VUM	23	13,7	26	12,7	42	19,4	49	18,7	↗
KP.3 (24B)	VUM	29	17,3	34	16,7	69	31,9	71	27,1	↗
LB.1 (24A)	VUM	6	3,6	6	2,9	3	1,4	ND	-	↘
Autres		8	4,8	9	4,4	5	2,3	4	1,5	↘

Nombre de séquences interprétables : Flash S022-2024 : 168 ; Flash S23-2024 : 204 ; Flash S24-2024 : 216 ; Flash S25-2024 : 262

[#] Les données de Flash S25-2024 sont préliminaires.

* Tendance sur les deux dernières semaines consolidées

Chaque lignage classé inclut tous ses sous-lignages ne faisant pas l'objet d'un classement spécifique.

¹ JN.1.7, JN.1.18, KP.2, KP.3 et LB.1 exclus ; ND : Non détecté

Les variants classés sont retrouvés dans des proportions globalement similaires dans les différentes régions de France hexagonale. Par ailleurs, le variant JN.1* était le seul variant détecté ces dernières semaines dans tous les territoires des DROM où il circule de manière quasi-exclusive (Figure 4 en Annexe). Les VUM KP.2* et KP.3* ont également été détectés à La Réunion et en Guyane.

4. Connaissances disponibles sur les variants

Tous les variants classés sont des sous-lignages d'Omicron qui partagent les mêmes caractéristiques : une transmissibilité élevée, un échappement immunitaire et une moindre sévérité (liée en partie à l'effet combiné d'une immunité vaccinale et post-infection conservée contre les formes sévères) par rapport aux variants antérieurs. Des informations détaillées peuvent être retrouvées dans [les précédentes analyses de risque](#) et, en anglais, dans les rapports épidémiologiques de l'OMS (1).

Emergence de mutations au sein de JN.1

JN.1, identifié pour la première fois en août 2023, est rapidement devenu majoritaire en France et dans le monde. BA.2.86, le lignage parental du variant JN.1, a subi une divergence génétique importante par rapport à BA.2 (lignage le plus proche) : il possède plus de 30 mutations au niveau de la protéine Spike. Comme détaillé dans les précédentes analyses de risque, ces mutations lui confèrent un échappement à la neutralisation par les anticorps, mais **aucun signal préoccupant en termes de sévérité ne lui a été associé**. Des études mentionnées dans la précédente ADR suggéraient que l'infection par le sous-lignage JN.1 n'entraîne pas de conséquences plus graves par rapport aux infections provoquées par les sous-lignages de XBB.

Depuis ces dernières semaines, les mutations L455F et F456L (connues sous le nom de mutations FLip en référence aux lettres contenues dans son appellation technique : F et L), présentes dans le domaine de liaison au récepteur (RBD) de la protéine Spike, suscitent de plus en plus d'intérêt. Ces deux mutations ont déjà été décrites dans plusieurs sous-lignages du SARS-CoV-2 qui ont circulé dans le passé, tels que XBB.1.5 et BA.2.86. Dans la précédente ADR, des études ont montré que les mutations L455F et F456L améliorent la liaison du virus au récepteur ACE2 et augmentent sa capacité d'échappement aux anticorps neutralisants. D'autres études *in vitro* ont montré que ces mutations induisent une moindre efficacité de reconnaissance du virus par les anticorps, ce qui contribue à un échappement immunitaire accru (2, 3). De plus, l'impact des mutations L455F et F456L portées par ces lignées sur les thérapies actuelles montrent une résistance accrue à plusieurs anticorps monoclonaux utilisés en clinique, comme bebtelovimab, Evusheld™ et Sotrovimab, bien qu'elles restent sensibles à d'autres anticorps comme SA55 et BD56-1854 (2).

Sous-lignage : KP.2

Le sous-lignage KP.2, issu de JN.1.11, est caractérisé par plusieurs substitutions dans la protéine Spike (S), notamment les substitutions R346T et F456L qui pourraient contribuer à sa propagation (4). Une nouvelle étude disponible en *preprint* semble confirmer les résultats présentés dans la précédente analyse de risque : KP.2 présente *in vitro* une résistance accrue aux anticorps neutralisants induits par les vaccins XBB.1.5 par rapport au variant JN.1. et, dans une moindre mesure, par une précédente lors de la vague BA.2.86/JN.1 mais une infectiosité plus faible (5). Ces résultats *in vitro* sont à interpréter avec prudence et doivent encore être confirmés en population.

Autres sous-lignages de JN.1 : KP.3 et LB.1

Parmi les sous-lignages de JN.1, les sous-lignage KP.3 (issu de JN.1.11.1) et LB.1 (issu de JN.1.9.2) voient leur circulation progresser (cf. point 1 sur le classement des variants page 3). Une étude récente a calculé les $R_{\text{effectifs}}$ de ces sous-lignages et les résultats sont en faveur d'une poursuite de la propagation de ces lignages dans le monde, en parallèle de KP.2 (R_e de KP.3 est 1,2 fois supérieur à celui de JN.1 et est supérieur ou similaire à celui de KP.2 ; R_e de LB.1 est environ 1,4 fois supérieur à JN.1 et supérieur à celui de KP.2 et KP.3). Cette étude montre également, *in vitro*, un échappement immunitaire accru de ces sous-lignages par rapport à JN.1 et pour LB.1, une infectiosité et un échappement immunitaire accrus par rapport à KP.2 (probablement conférée par la mutation Ser31del qui est aussi présente chez KP.2 et KP.3) (6).

Efficacité vaccinale d'un rappel et recommandations de la composition vaccinale pour la campagne 2024-2025

Le vaccin adapté XBB.1.5 confère une protection contre les formes sévères de COVID-19 au cours des premiers mois après la vaccination ; des études montrent toutefois une légère réduction de l'efficacité vaccinale contre JN.1, par rapport aux variants de la lignée XBB (7). Par ailleurs, une étude récente montre que certains sous-lignages de JN.1 ont acquis des mutations telles que R346T, F456L et T572I pouvant

influencer l'évasion immunitaire, l'affinité pour le récepteur ACE2 et l'infectiosité. La mutation F456L, notamment, augmente la résistance à la neutralisation par les sérums humains et les anticorps monoclonaux, altérant significativement l'antigénicité de JN.1, ce qui a des implications pour la conception des futurs vaccins COVID-19 (8). Cela pose des défis pour les traitements actuels et souligne la nécessité de surveiller et d'adapter les stratégies thérapeutiques en fonction de l'évolution du SARS-CoV-2.

Au printemps 2024, plusieurs instances telles que le Comité consultatif sur les vaccins et les produits biologiques connexes de la FDA (Food and Drug Administration) aux Etats-Unis, le groupe de travail d'urgence de l'agence européenne des médicaments (EMA) ou le TAG-CO-VAC (groupe consultatif technique de l'OMS sur la composition des vaccins contre la COVID-19) ont recommandé la mise à jour des vaccins COVID-19 pour cibler le nouveau variant du SARS-CoV-2, JN.1, pour la campagne de vaccination 2024/2025, sur la base de données montrant sa circulation généralisée (8, 9). Mi-juin, la FDA a mis à jour sa recommandation concernant la fabrication des vaccins pour la prochaine campagne et privilégie la souche KP.2 de la lignée JN.1, au regard de la circulation actuelle des variants (10).

5. Conclusion

Le variant JN.1* reste dominant en France et à l'international, avec une augmentation de ses sous-lignées KP.2* et KP.3*. Les données épidémiologiques soulignent un avantage de croissance de JN.1* par rapport aux sous-lignées de XBB* qui circulaient au cours de l'année 2023, lié à un échappement immunitaire plus important. En termes de sévérité, aucun signal préoccupant n'a été associé à JN.1* ou ses sous-lignées.

Si JN.1* ne semble pas présenter des caractéristiques préoccupantes, un nouveau sous-lignée (LB.1) a été classé comme VUM, après KP.2 et KP.3. LB.1 a été classé VUM en raison des mutations supplémentaires qu'il porte dans la protéine Spike : F456L et R346T. Ces deux mutations ont été associées à des modifications de la transmissibilité et de l'échappement à la réponse immunitaire chez de précédents variants. Cependant, la circulation de LB.1 est à des niveaux faibles en France et à l'international et ne semble pas d'avoir d'impact sur la dynamique épidémique jusqu'à présent. Par ailleurs, la circulation de KP.2*, dont les données *in vitro* suggéraient un possible échappement à la réponse immunitaire potentiellement partiellement compensé par une infectiosité diminuée, semble se stabiliser au niveau international après une hausse depuis plusieurs semaines.

A date, il n'a pas été démontré que la hausse des indicateurs COVID-19 ces dernières semaines puisse être imputée uniquement à l'émergence des sous-lignées de JN.1 (KP2, LB.1...). Bien que l'émergence d'un nouveau variant puisse influencer sur la dynamique épidémique, d'autres facteurs doivent également être pris en compte. En effet, le phénomène d'accélération de la circulation du SARS-CoV-2 est généralement multifactoriel avec un impact de l'immunité individuelle et des comportements de la population notamment.

Même en l'absence de nouveaux variants, une diminution de la protection conférée par la vaccination ou par une infection antérieure ainsi qu'une circulation soutenue du virus pourrait entraîner une recrudescence des formes sévères, en particulier chez les personnes vulnérables. Les mesures de prévention des virus respiratoires restent donc d'actualité, en particulier la stratégie vaccinale au regard de l'évolution de la circulation des variants.

Pour pouvoir anticiper au mieux l'impact des variants du SARS-CoV-2, il est nécessaire de maintenir une surveillance constante à l'échelle nationale et internationale. Le nombre de séquences obtenues lors des enquêtes Flash est limité par le nombre de tests COVID-19 positifs. Au vu de ce contexte et en coopération avec le CNR Virus des infections Respiratoires, une évolution du modèle Flash est en cours de réflexion afin de continuer d'assurer une surveillance réactive des variants du SARS-CoV-2.

À l'approche des Jeux Olympiques de Paris, nous tenons à confirmer qu'une surveillance constante des variants du SARS-CoV-2 est maintenue à l'échelle nationale, ainsi que leur suivi à l'aide des données disponibles au niveau international.

6. Références

1. WHO. Weekly epidemiological update on COVID-19. 2022.
2. Focosi D, Spezia PG, Gueli F, Maggi F. The Era of the FLiPs: How Spike Mutations L455F and F456L (and A475V) Are Shaping SARS-CoV-2 Evolution. *Viruses*. 2023;16(1).
3. Jian F, Feng L, Yang S, Yu Y, Wang L, Song W, et al. Convergent evolution of SARS-CoV-2 XBB lineages on receptor-binding domain 455-456 synergistically enhances antibody evasion and ACE2 binding. *PLoS Pathog*. 2023;19(12):e1011868.
4. Kaku Y, Uriu K, Kosugi Y, Okumura K, Yamasoba D, Uwamino Y, et al. Virological characteristics of the SARS-CoV-2 KP.2 variant. *Lancet Infect Dis*. 2024.
5. Li P, Faraone JN, Hsu CC, Chamblee M, Zheng YM, Carlin C, et al. Characteristics of JN.1-derived SARS-CoV-2 subvariants SLip, FLiRT, and KP.2 in neutralization escape, infectivity and membrane fusion. *bioRxiv*. 2024.
6. Kaku Y, Yo MS, Tolentino JE, Uriu K, Okumura K, Ito J, et al. Virological characteristics of the SARS-CoV-2 KP.3, LB.1, and KP.2.3 variants. *Lancet Infect Dis*. 2024.
7. WHO. Statement on the antigen composition of COVID-19 vaccines 2024 [updated 26/04/2024]. Available from: <https://www.who.int/news/item/26-04-2024-statement-on-the-antigen-composition-of-covid-19-vaccines>.
8. Wang Q, Mellis IA, Bowen A, Kowalski-Dobson T, Valdez R, Katsamba PS, et al. Recurrent SARS-CoV-2 spike mutations confer growth advantages to select JN.1 sublineages. *bioRxiv*. 2024:2024.05.29.596362.
9. Andersson NW, Thiesson EM, Pihlstrom N, Perala J, Faksova K, Gram MA, et al. Comparative effectiveness of the monovalent XBB.1.5-containing covid-19 mRNA vaccine across three Nordic countries. *medRxiv*. 2024:2024.05.08.24307058.
10. Administration FaD. Updated COVID-19 Vaccines for Use in the United States Beginning in Fall 2024 2024 [Available from: <https://www.fda.gov/vaccines-blood-biologics/updated-covid-19-vaccines-use-united-states-beginning-fall-2024>].

7. Annexes

Liens utiles

Sources :

consortium EMERGEN : base de données virologiques nationale.

GISAID : base de données virologiques internationale « *Global Initiative on Sharing All Influenza Data* ».

covSPECTRUM : outil d'analyse des données GISAID.

Lien Bulletin IRA : Infections respiratoires aiguës (grippe, bronchiolite, COVID-19). Bulletin du 3 avril 2024. (santepubliquefrance.fr)

Retrouvez des informations sur la prévention des maladies de l'hiver sur le site de Santé publique France : [Virus de l'hiver \(santepubliquefrance.fr\)](#)

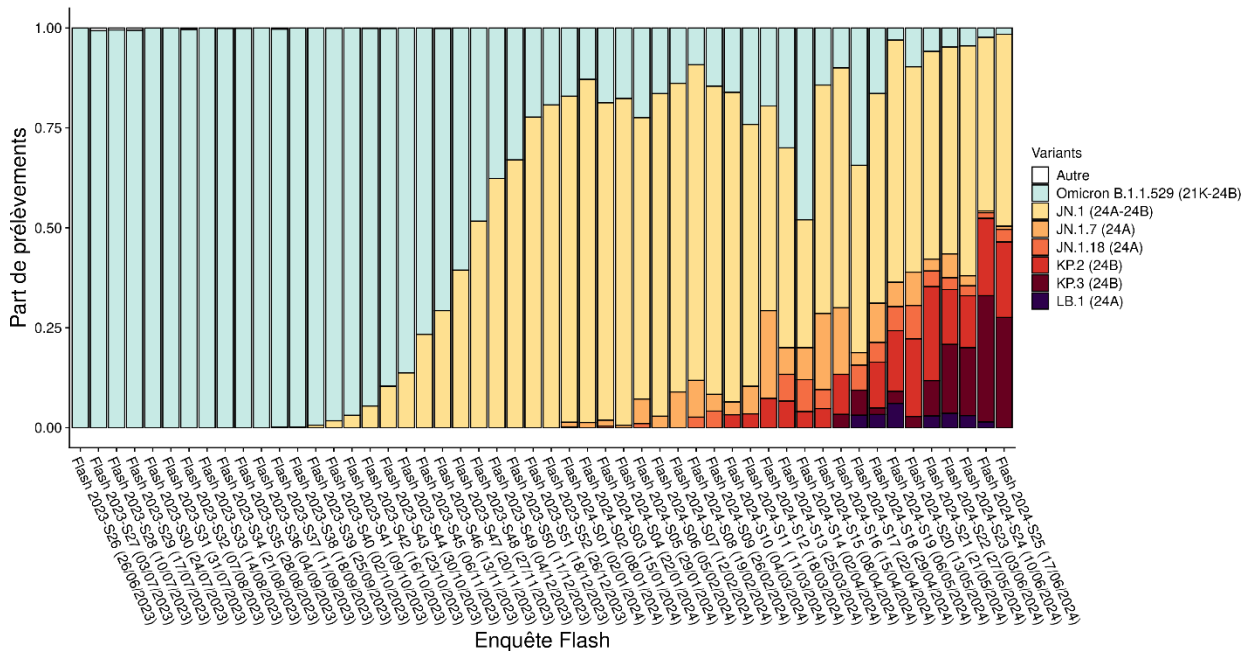


Figure 2 : Détection des variants classés au cours des enquêtes Flash, en France, entre le 26/06/2023 et le 17/06/2024 (source : CNR-VIR, au 08/07/2024). * Données de l'enquête Flash S25-2024 non consolidées.

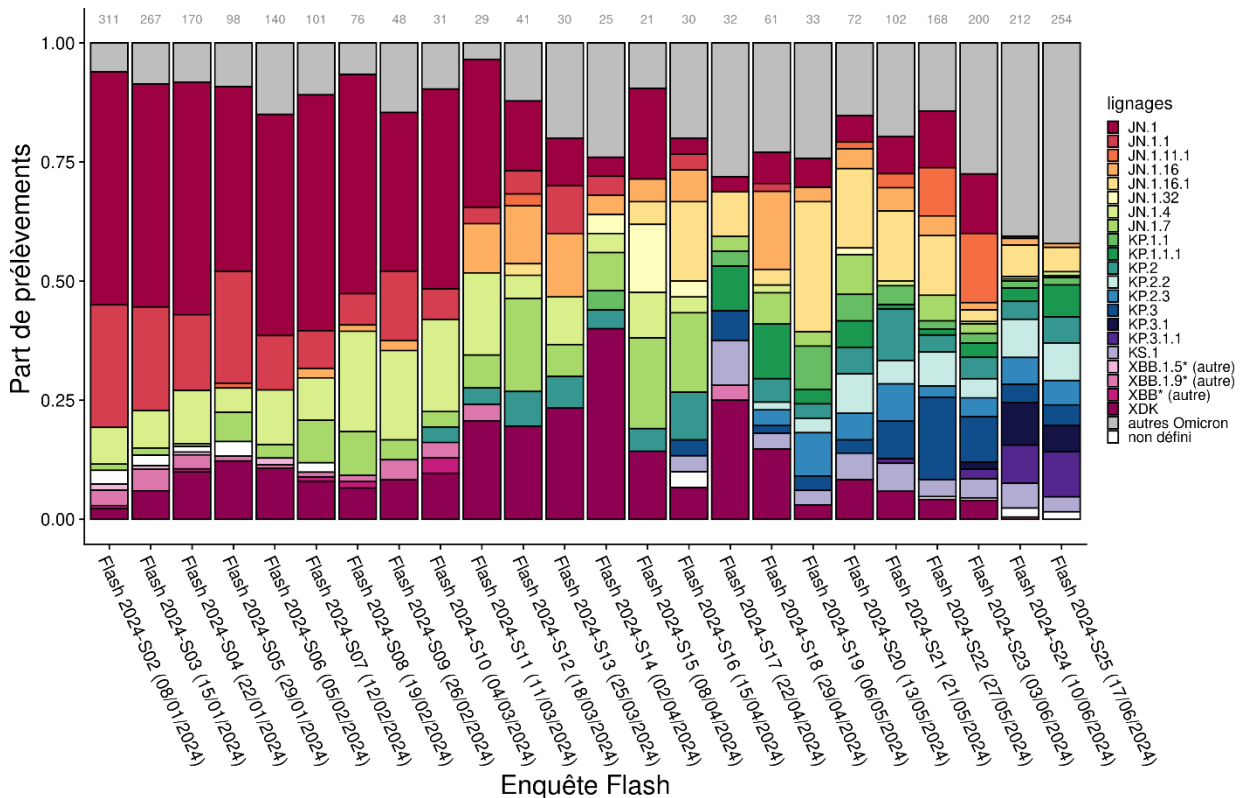


Figure 3 : Détection des sous-lignages du variant Omicron à au moins 5 % au cours des enquêtes Flash, en France hexagonale, entre le 08/01/2024 et le 17/06/2024 (source : CNR-VIR, au 08/07/2024).

Les sous-lignages de XBB, XBB.1.5, XBB.1.9 et les autres sous-lignages d'Omicron qui n'ont jamais dépassé 5 % des séquences interprétables au cours d'une enquête Flash sont regroupés dans les catégories « autres Omicron ». Le nombre total de séquences interprétables par enquête Flash est indiqué en gris en haut du graphe. Les données de l'enquête Flash S25-2024 ne sont pas consolidées.

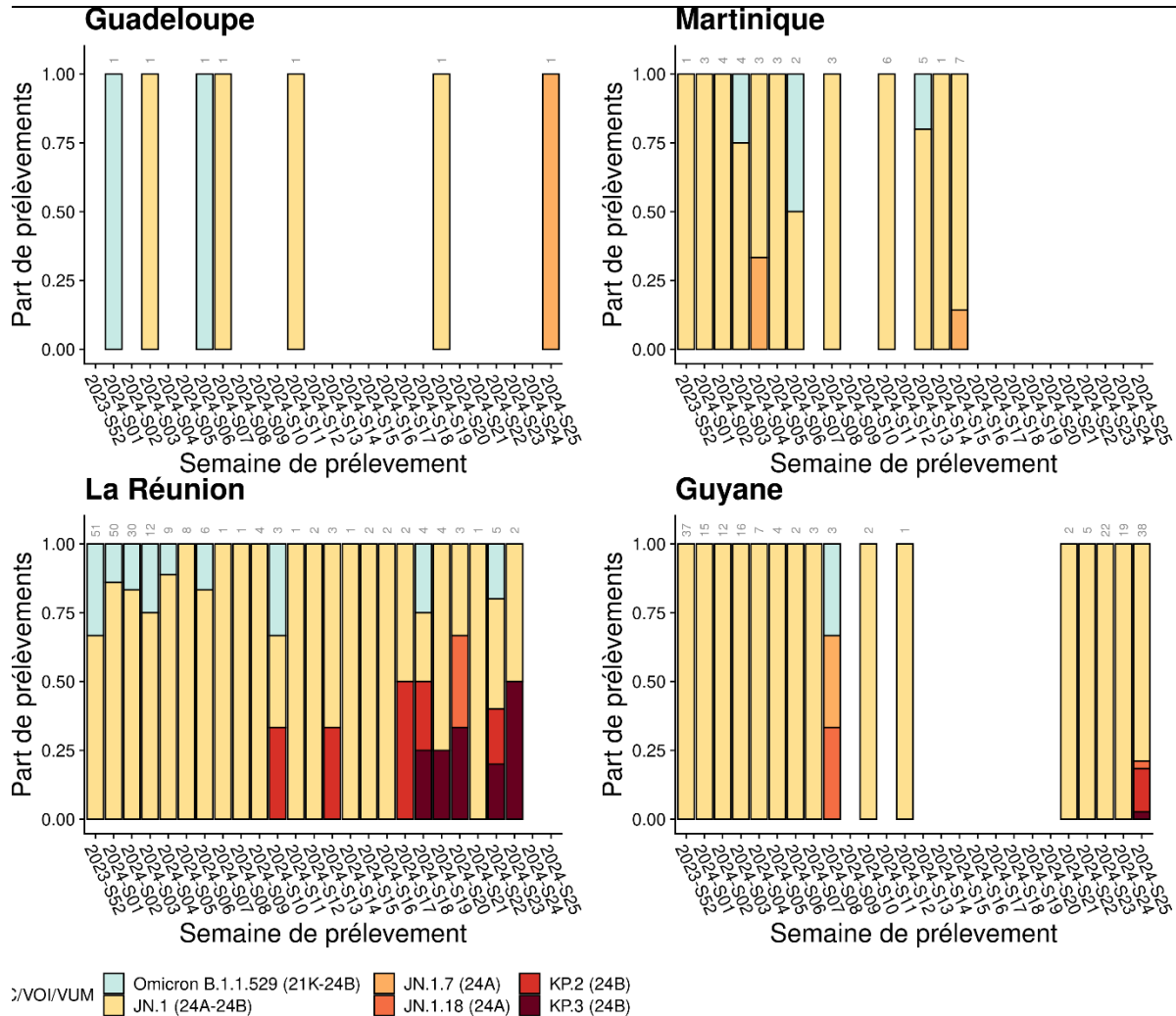
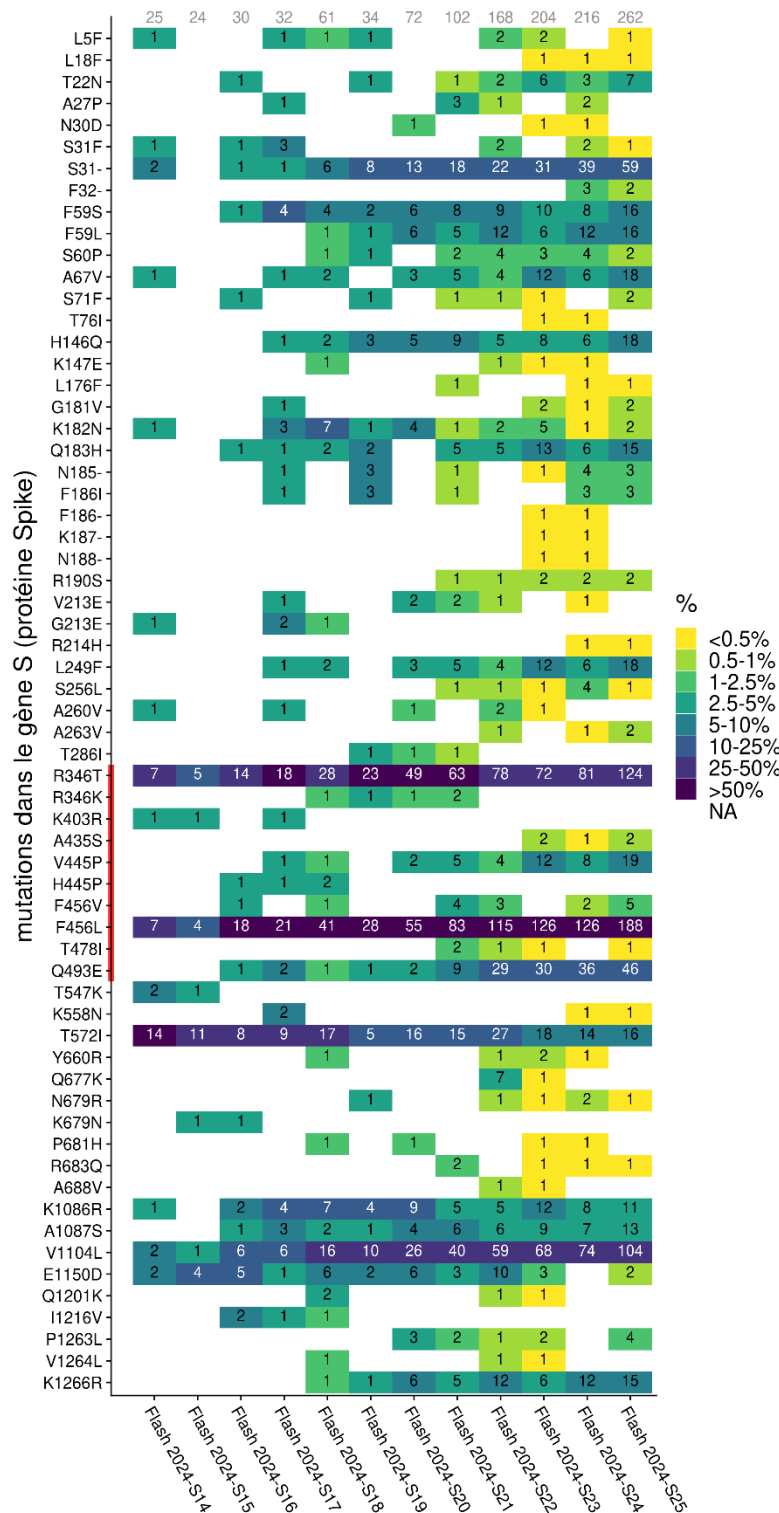


Figure 4 : Détection des variants classés, toutes indications de séquençage confondues, par DROM, entre le 25/12/2023 et le 17/06/2024 (source : CNR-VIR, au 08/07/2024).

Pas de données de séquençage disponibles pour Mayotte depuis la S51-2023 et dans tous les territoires d'Outre-mer entre les semaines 16 et 18-2024.

Le nombre total de séquences interprétables par semaine est indiqué en gris en haut des graphes.

Evolution de la détection des mutations de la protéine Spike



Les nombres sur le graphique correspondent au nombre de séquences portant cette mutation et le gradient de couleur le pourcentage des séquences interprétables. Le nombre total de séquences interprétables par enquête Flash est indiqué en gris en haut du graphe. Les mutations incluses ont été détectées dans >0,3% des séquences sur au moins deux enquêtes Flash consécutives, dans <90% sur toutes les enquêtes Flash considérées. Leur fréquence de détection a varié de plus de 0,2%. Le RBD (receptor-binding domain permettant l'interaction de la protéine Spike avec son récepteur) est indiqué par une barre rouge.

Cette analyse des mutations de la protéine Spike identifiées via les données de séquençage réalisée sur les 12 dernières enquêtes Flash est présentée en Figure 4. Cette analyse permet d'identifier les mutations dont la fréquence de détection est en augmentation et les potentiels phénomènes de convergence évolutive (émergence d'une mutation conférant un avantage de compétitivité dans plusieurs sous-lignées en parallèle). A noter que la sensibilité de la détection de mutations dans les données de séquençage est fortement impactée par la qualité des séquences, ce qui peut donner des résultats légèrement différents entre les données par mutation et les données par lignage.

Les dynamiques de détection des mutations reflètent l'évolution de la circulation des variants détaillée dans la partie 2 de cette analyse de risque.

Figure 4 : Fréquence de détection des mutations de la protéine Spike au cours des 12 enquêtes Flash les plus récentes (source : CNR-VIR, au 08/07/2024).