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

Mise à jour du 10/06/2024, n°52

Santé publique France et le Centre National de Référence Virus des infections respiratoires réalisent conjointement et de façon régulière une analyse de risque (AdR) sur les différents 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** dont les enquêtes Flash, base de données virologiques internationale « *Global Initiative on Sharing All Influenza Data* » (**GISAID**) et outil d'analyse des données GISAID cov-spectrum.com.

Nous remercions Sylvie Van Der Werf, Bruno Lina et les cellules régionales de Santé publique France pour leurs relectures des analyses de risque.

Points clés au 10/06/2024 : Circulation dominante du variant JN.1*

- JN.1* majoritaire en France (hexagonale et DROM) est le plus détecté à l'échelle mondiale. Aucun signal préoccupant en termes de santé publique ne lui a été associé (à date).
- Certains sous-lignages 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-lignage KP.2 de JN.1 suscite des questions en raison de sa propagation rapide dans certains pays (dont la France) et de son profil génétique. Il 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.
- Circulation des variants globalement homogène dans les régions de France hexagonale.

Table des matières

1.	Classement des variants	2
2.	Circulation des variants à l'international	3
3.	Circulation des variants en France	3
4.	Connaissances disponibles sur les variants	4
5.	Conclusion	7
6.	Références	8
7.	Annexes	8

1. Classement des variants

Au 10/06/2024, aucun variant n'est classé VOC, trois variants sont classés VOI et sept variants sont classés VUM (Tableau 1). Les variants classés sont tous des sous-lignages du variant Omicron ayant circulé précédemment et leur filiation génétique est représentée dans la Figure 1.

Tableau 1 : Classement des variants au 10/06/2024 et détection en France (hexagone et DROM) au cours de l'enquête Flash S20-2024 du 13/05/2024

Variants préoccupants (VOC)	Variants à suivre (VOI)	Variants en cours d'évaluation (VUM)
	JN.1 (24A-B)¹ 49 %	XBB (22F)² Non détecté depuis Flash S05-2024
	EG.5 (22F-23F) Non détecté depuis Flash S11-2024	XBB.1.9 (23D)³ Non détecté depuis Flash S17-2024
	XBB.1.5 (23A) Non détecté depuis Flash S06-2024	XBB.2.3 (23E) Non détecté depuis Flash S11-2024
		JN.1.7 (24A) 3 %
		JN.1.18 (24A) 8 %
		KP.2 (24B) 24 %
		KP.3 (24B) 3 %

Mise à jour de l'analyse de risque au 10/06/2024.

Enquête Flash S20-2024 du 13/05/2024 (dernières données consolidées) : 37 séquences interprétables.

Ce faible nombre de séquences s'explique par le très faible nombre de tests RT-PCR positifs sur les dernières semaines.

La nomenclature a été ajustée en fonction des modifications du classement OMS au 15/03/2022, décrites précédemment. Elle ne tient donc pas compte des récentes mises à jour de l'OMS, qui seront prises en compte lors de la prochaine Analyse de risque prévue pour le 08/07/2024.

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 et KP.3 exclus ². XBB.1.5, XBB.1.16, XBB.1.9, XBB.2.3 et EG.5 exclus ³. EG.5 exclu

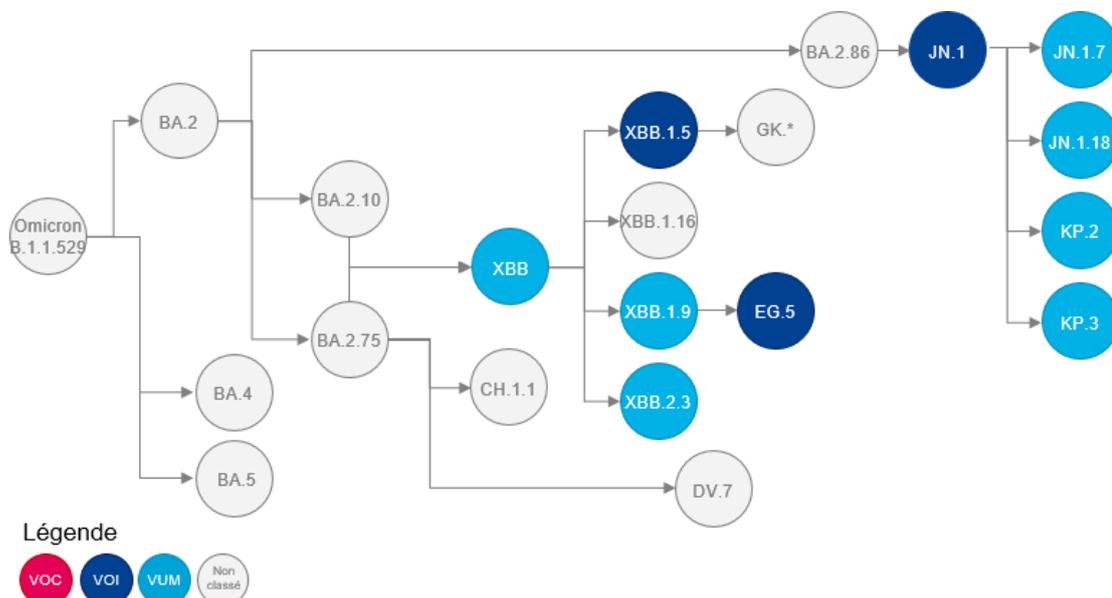


Figure 1. Représentation schématique de la filiation génétique des variants d'Omicron classés au 10/06/2024

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*, l'augmentation progressive des sous-lignages KP.2* et KP.3*, observée depuis le début du mois de mars 2024, se poursuit (autour de 20 % des séquences interprétables fin mai, Tableau 2). En parallèle, une baisse progressive de la détection du sous-lignage JN.1.7* et plus largement du variant JN.1* (JN.1.7, JN.1.18, KP.2 et KP.3 exclus, Tableau 2) est observée.

Les recombinants XBB (XBB.1.5*, XBB.1.16*, XBB.1.9*, XBB.2.3* ou encore EG.5*), qui ont largement circulé au cours de l'année 2023, sont désormais détectés de manière sporadique dans le monde (Tableau 2).

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 4 500 séquences début mai à moins de 500 lors de la dernière semaine de mai. Ces données doivent donc être interprétées avec précaution.

Tableau 2 : Détection des variants dans le monde entre le 29/04/2024 et le 02/06/2024 (données covSPECTRUM au 10/06/2024)

Variant	Classement	29/04-05/05		06/05-12/05		13/05-19/05		20/05-26/05		27/05-02/06		Tendance*
		N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	
JN.1 (24A-B) ¹	VOI	2 534	55,7	2 329	52,4	1 673	51,5	927	43,2	208	44,5	↘
EG.5 (22F-23F-23H)	VOI	1	<0,1	3	0,1	2	0,1	1	<0,1	1	0,2	→
XBB.1.5 (23A-23G)	VOI	1	<0,1	2	<0,1	1	<0,1	ND	-	ND	-	-
XBB.1.16 (23B)	VOI	3	0,1	1	<0,1	ND	-	ND	-	ND	-	-
XBB (22F) ²	VUM	1	<0,1	ND	-	ND	-	ND	-	ND	-	-
XBB.1.9 (23D) ³	VUM	2	<0,1	ND	-	ND	-	ND	-	ND	-	-
XBB.2.3 (23E)	VUM	1	<0,1	1	<0,1	1	<0,1	ND	-	ND	-	-
JN.1.7 (24A)	VUM	330	7,3	243	5,5	120	3,7	55	2,6	5	1,1	↘
JN.1.18 (24A)	VUM	71	1,6	69	1,6	86	2,6	36	1,7	2	0,4	→
KP.2 (24B)	VUM	668	14,7	718	16,1	625	19,3	458	21,3	164	35,1	↗
KP.3 (24B)	VUM	601	13,2	745	16,8	582	17,9	390	18,2	54	11,6	↗
Total⁴		4 549		4 447		3 246		2 148		467		

* Tendance sur les quatre semaines consolidées (29/04 au 26/05)

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

² XBB.1.5, XBB.1.9, XBB.1.16, XBB.2.3 et EG.5 exclus

³ EG.5 exclus

⁴ 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, une hausse des indicateurs est observée. Le nombre des RT-PCR SARS-CoV-2 reste toutefois faible, peu de prélèvements sont disponibles pour la surveillance génomique. Les proportions présentées dans cette analyse de risque correspondent aux huit dernières enquêtes Flash soit les enquêtes des deux derniers mois. Les graphiques par semaine sont toutefois 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, 55,4 % des séquences interprétables des enquêtes Flash du mois de mai (Tableau 3). Parmi les séquences de JN.1*, le sous-lignage le plus détecté est KP.2* (22 séquences pour les 4 enquêtes Flash de mai) pour lequel la circulation semble s'accélérer. En parallèle, les sous-lignages JN.1.7* et JN.1.18* continuent de circuler et sont retrouvés dans des proportions plus faibles (environ 10 séquences par mois). Le VUM KP.3 est détecté au cours des enquêtes Flash depuis mi-avril mais circule à des niveaux faibles. On peut remarquer la diversité des sous-lignages de JN.1* illustré 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 12,3 % (14 séquences) des séquences interprétables des enquêtes Flash de mai. Elle contient aussi les autres sous-lignages de BA.2.86 (JN.1* exclu).

Tableau 3 : Détection des variants classés lors des enquêtes Flash entre le 01/04/2024 et le 20/05/2024, France.

Variant	Classement	Avril 2024 (01/04, 08/04, 15/04, 22/04)		Mai 2024 (29/04, 06/05, 13/05, 20/05)		Tendance*
		N	%	N	%	
JN.1 (23I) ¹	VOI	54	49,5	72	55,4	↗
XBB.1.5 (23A-23G)	VOI	ND	-	ND	-	-
EG.5 (22F-23F-23H)	VOI	ND	-	ND	-	-
XBB (22F) ²	VUM	ND	-	ND	-	-
XBB.1.9 (23D) ³	VUM	1	0,9	ND	-	-
XBB.2.3 (23E)	VUM	ND	-	ND	-	-
JN.1.7 (24A)	VUM	13	11,9	9	6,9	↘
JN.1.18 (24A)	VUM	5	4,6	8	6,2	↗
KP.2 (24B)	VUM	5	4,6	22	16,9	↗
KP.3 (24B)	VUM	3	2,8	3	2,3	→
Autres		28	25,7	16	12,3	↘
Total		109		130		

A noter que les enquêtes Flash les plus récentes comportent peu de séquences du fait du faible nombre de tests RT-PCR positifs.

Les données de Flash S21-2024 (20/05/2024) sont préliminaires.

* Tendance sur les deux derniers mois

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 et KP.3 exclus ; ² XBB.1.5, XBB.1.9, XBB.1.16, XBB.2.3 et EG.5 exclus ; ³ EG.5 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). Le VUM KP.2 a également été détecté à La Réunion.

4. Connaissances disponibles sur les variants

Tous les variants classés sont des sous-lignages d'Omicron qui partagent ses 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**.

Une étude a décrit le phénotype clinique associé au sous-lignage JN.1 chez les patients atteints de formes sévères de COVID-19 nécessitant une admission en soins intensifs. Le profil clinique des patients infectés par JN.1 différait de celui des patients infectés par des sous-lignages de XBB, avec une obésité plus fréquente chez les patients infectés par le variant JN.1 et à l'inverse, une immunosuppression moins fréquente. L'infection par JN.1 n'était pas plus fréquemment associée à une mortalité à 28 jours, que pour celle par les sous-lignages de XBB (2). Ces données rassurantes suggèrent que l'infection par ce sous-lignage n'entraîne pas de conséquences plus graves par rapport aux infections provoquées par les sous-lignages de XBB. Une étude réalisée dans le cadre d'un programme de surveillance génomique virale américain va dans le sens de ces résultats (3).

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. En 2024, plusieurs lignages portent ces deux mutations et notamment les sous-lignages de JN.1 qui semblent montrer une capacité d'échappement immunitaire plus forte que leurs prédécesseurs, notamment par rapport à BA.2.86 (4). Deux récentes études ont montré que les mutations L455F et F456L améliorent l'aptitude du virus à se lier au récepteur ACE2 et augmentent la capacité d'évasion des anticorps neutralisants. Dans les études *in vitro*, ces mutations induisent une moindre efficacité de reconnaissance du virus par les anticorps, ce qui contribue à une évasion immunitaire accrue (5, 6). L'impact des lignées portant les mutations L455F et F456L sur les thérapies actuelles montrent une résistance accrue à plusieurs anticorps monoclonaux utilisés en clinique, comme bebtelovimab et Evusheld™, bien qu'elles restent sensibles à d'autres anticorps comme SA55 et BD56-1854 (5).

Sous-lignage : KP.2

Le sous-lignage KP.2, issu de JN.1.11.1.2, suscite des questions en raison de sa propagation dans certains pays et de son profil génétique pouvant affecter ses caractéristiques. Il est détecté en France à des niveaux croissants. Selon une étude récente, KP.2 est caractérisé par plusieurs substitutions dans la protéine Spike (S), notamment les substitutions R346T et F456L (mutations également retrouvées sous le nom FLIRT, cette appellation dérive des lettres présentes dans les noms techniques des différentes mutations du variant, incluant : F,L,R,T.), qui pourraient contribuer à cette propagation (7). Les données de surveillance génomique ont révélé une diffusion du variant KP.2 dans plusieurs régions, y compris les États-Unis, le Royaume-Uni et le Canada. De plus, les résultats de séroneutralisation ont montré que le variant KP.2 présente une résistance accrue aux anticorps neutralisants induits par les vaccins XBB.1.5 et par une précédente infection par les variants XBB.1.5 et JN.1 (7, 8). Des tests réalisés *in vitro* avec des pseudovirus suggèrent toutefois que l'infectiosité de KP.2 serait plus faible que celle de JN.1, ce qui pourrait limiter à la fois sa diffusion et la gravité des infections causées par le variant KP.2 (9). Ces résultats *in vitro* sont à interpréter avec prudence et doivent encore être confirmés en population.

Efficacité vaccinale d'un rappel avec le vaccin adapté XBB.1.5

Comme dans d'autres pays, des vaccins adaptés à XBB.1.5 ont été utilisés en France lors de la campagne de rappel vaccinal contre la COVID-19 de l'automne-hiver 2023-2024 et sont de nouveau recommandés pour la campagne au printemps 2024 (10). Dans la précédente AdR, des études sur l'efficacité vaccinale en population avaient été décrites et ont montré **qu'en population générale, un rappel vaccinal adapté à XBB.1.5 pendant la dernière campagne d'automne a conféré une protection importante contre l'hospitalisation pour COVID-19**. Une étude récente a montré que le vaccin monovalent à ARNm XBB.1.5 réduit efficacement les hospitalisations et les décès liés à la COVID-19 chez les personnes âgées de plus de 65 ans dans trois pays nordiques, et son efficacité persiste jusqu'à 12 semaines après la vaccination (11). Une équipe de chercheurs chinois a examiné la réponse immunitaire face à deux variants du SARS-CoV-2, XBB et JN.1, en se concentrant sur les réponses d'anticorps neutralisants (NAb) chez les individus infectés. Les résultats indiquent que les infections à JN.1 induisent des titres de neutralisation significativement plus élevés que les infections avec XBB(8). 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. Notamment, la mutation F456L 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 (12). 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.

Dans cette optique, le 5 juin 2024, le Comité consultatif sur les vaccins et les produits biologiques connexes de la FDA (Food and Drug Administration) a recommandé l'utilisation de vaccins COVID-19 monovalents de la lignée JN.1 pour l'automne 2024 aux États-Unis, afin d'être en adéquation avec les variants actuellement en circulation (13) . Le groupe de travail d'urgence de l'agence européenne des médicaments (EMA) a également 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 et de consultations avec des partenaires internationaux et l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) (14).

5. Conclusion

Le variant JN.1* reste dominant en France et à l'international, avec une augmentation de son sous-lignage KP.2*. Les données *in vitro* disponibles suggèrent un échappement immunitaire plus important de JN.1* par rapport à BA.2.86. Les données épidémiologiques soulignent un avantage de croissance de JN.1* par rapport aux sous-lignages de XBB* qui circulaient au cours de l'année 2023. En termes de sévérité, aucun signal préoccupant n'a été associé à JN.1* ou ses sous-lignages. Si JN.1* ne semble pas présenter des caractéristiques préoccupantes, quatre de ses sous-lignages ont été classés comme VUM. En particulier, KP.2* progresse dans certains pays. Les données *in vitro* disponibles suggèrent un possible échappement à la réponse immunitaire. Mais cet échappement pourrait être partiellement compensé par une infectiosité diminuée. Ces résultats doivent être confirmés, en particulier avec des études en vie réelle.

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 du variant KP.2. Bien que l'émergence d'un nouveau variant peut influencer sur la dynamique épidémique, d'autres facteurs doivent également être pris en compte. 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 de 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. Actuellement, une diminution significative du nombre de séquences obtenues lors des enquêtes Flash est observée, due au faible 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.

6. Références

1. WHO. Weekly epidemiological update on COVID-19. 2022.
2. Prost Nd, Audureau E, Guillon A, Handala L, Préau S, Guigon A, et al. Clinical phenotypes and outcomes associated with SARS-CoV-2 Omicron variant JN.1 in critically ill COVID-19 patients: a prospective, multicenter cohort study. medRxiv. 2024:2024.03.11.24304075.
3. Levy ME, Chilunda V, Davis RE, Heaton PR, Pawloski PA, Goldman JD, et al. Reduced Likelihood of Hospitalization with the JN.1 or HV.1 SARS-CoV-2 Variants Compared to the EG.5 Variant. medRxiv. 2024:2024.05.08.24307003.
4. Chakraborty C, Bhattacharya M. FLip mutations (L455F + F456L) in newly emerging VOI, JN.1: Its antibody and immune escape. Int Immunopharmacol. 2024;133:112146.
5. 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).
6. 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.
7. 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.
8. Jian F, Wang J, Yisimayi A, Song W, Xu Y, Chen X, et al. Humoral immunogenicity comparison of XBB and JN.1 in human infections. bioRxiv. 2024:2024.04.19.590276.
9. Kaku Y, Uriu K, Kosugi Y, Okumura K, Yamasoba D, Uwamino Y, et al. Virological characteristics of the SARS-CoV-2 KP.2 variant. bioRxiv. 2024:2024.04.24.590786.
10. [Available from: <https://vaccination-info-service.fr/Les-maladies-et-leurs-vaccins/Covid-19>.
11. 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.
12. 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.
13. 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>.
14. ETF recommends updating COVID-19 vaccines to target new JN.1 variant 2024 [Available from: <https://www.ema.europa.eu/en/news/etf-recommends-updating-covid-19-vaccines-target-new-jn1-variant>.

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 \(santepubliquefrance.fr\)](https://www.santepubliquefrance.fr)

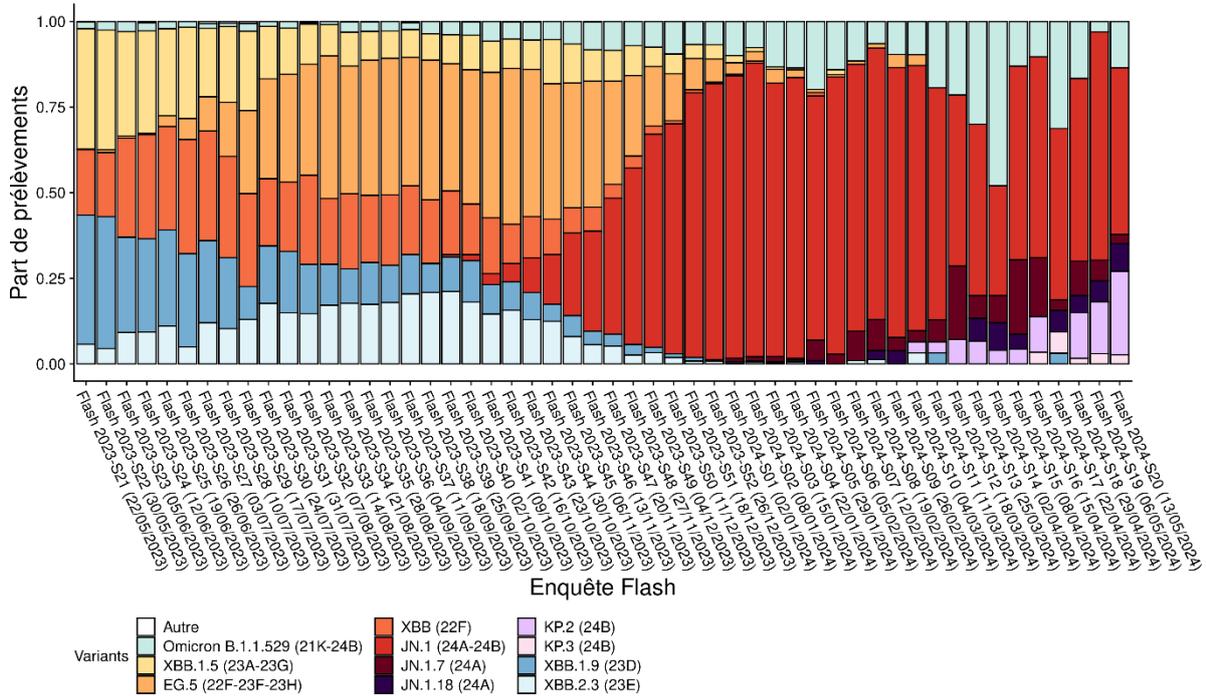


Figure 2 : Détection des variants classés au cours des enquêtes Flash, en France, entre le 22/05/2023 et le 13/05/2024 (source : EMERGEN, au 10/06/2024). * Données de l'enquête Flash S20-2024 non consolidées.

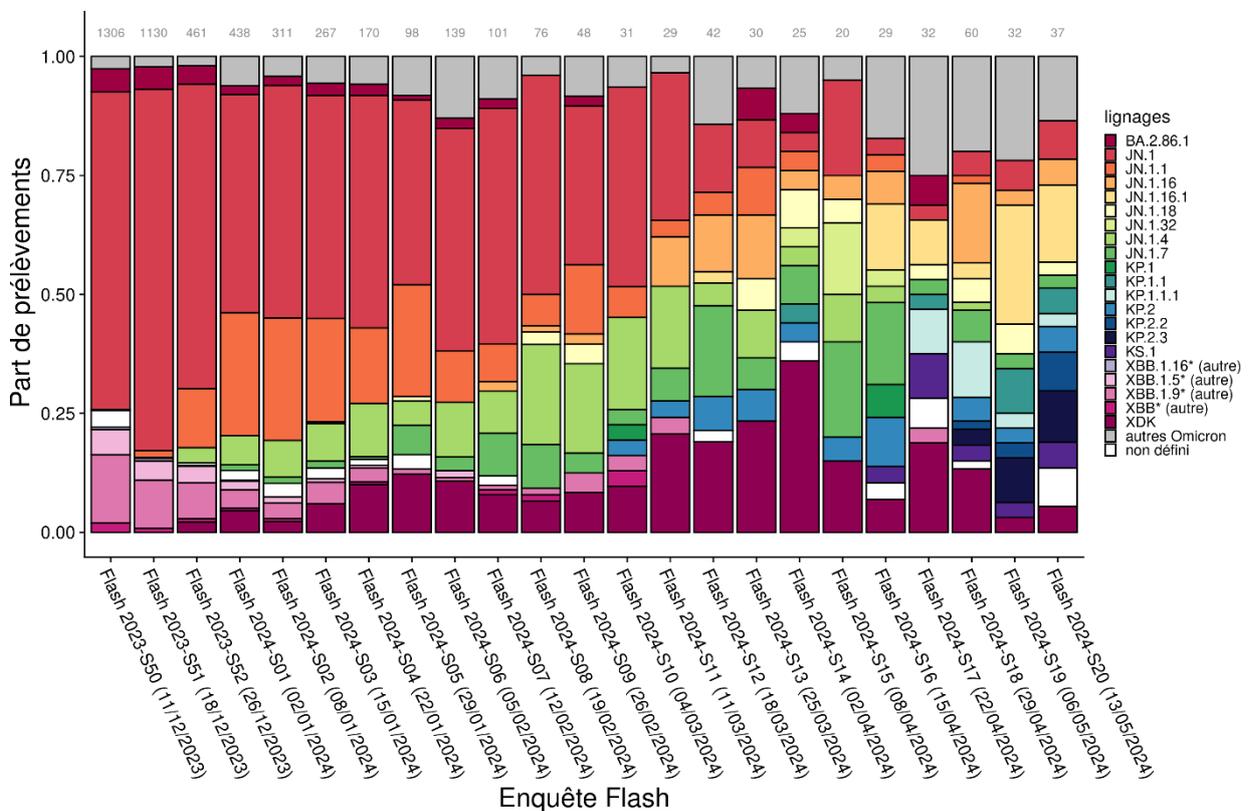


Figure 3 : Détection des sous-lignages du variant Omicron à au moins 5 % au cours des enquêtes Flash, en France hexagonale, entre le 11/12/2023 et le 13/05/2024 (source : EMERGEN, au 10/06/2024).

Les sous-lignages de XBB, XBB.1.5, XBB.1.9, XBB.1.16 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 « (autre) » ou « 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 S17-2024 ne sont pas consolidées.

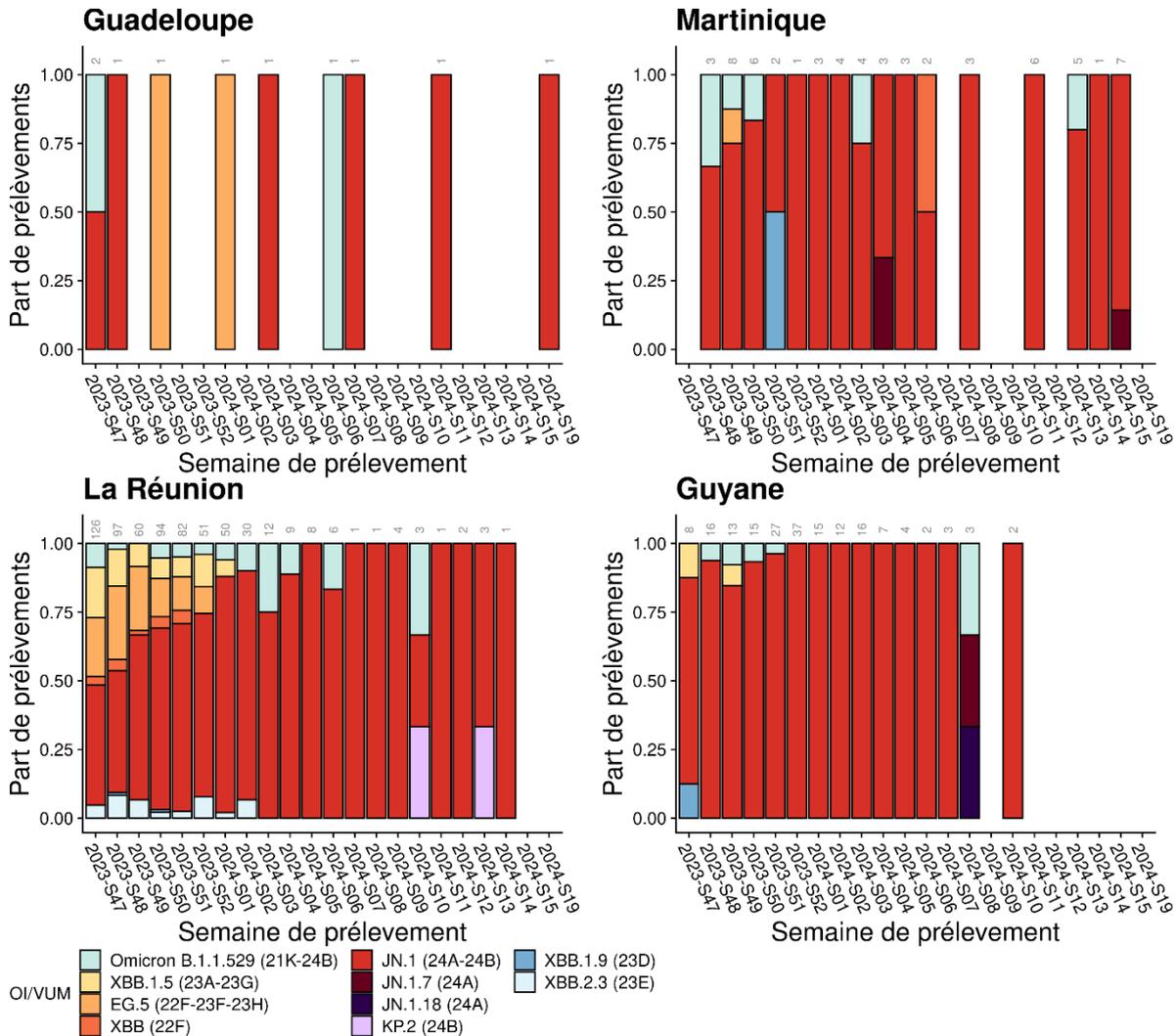
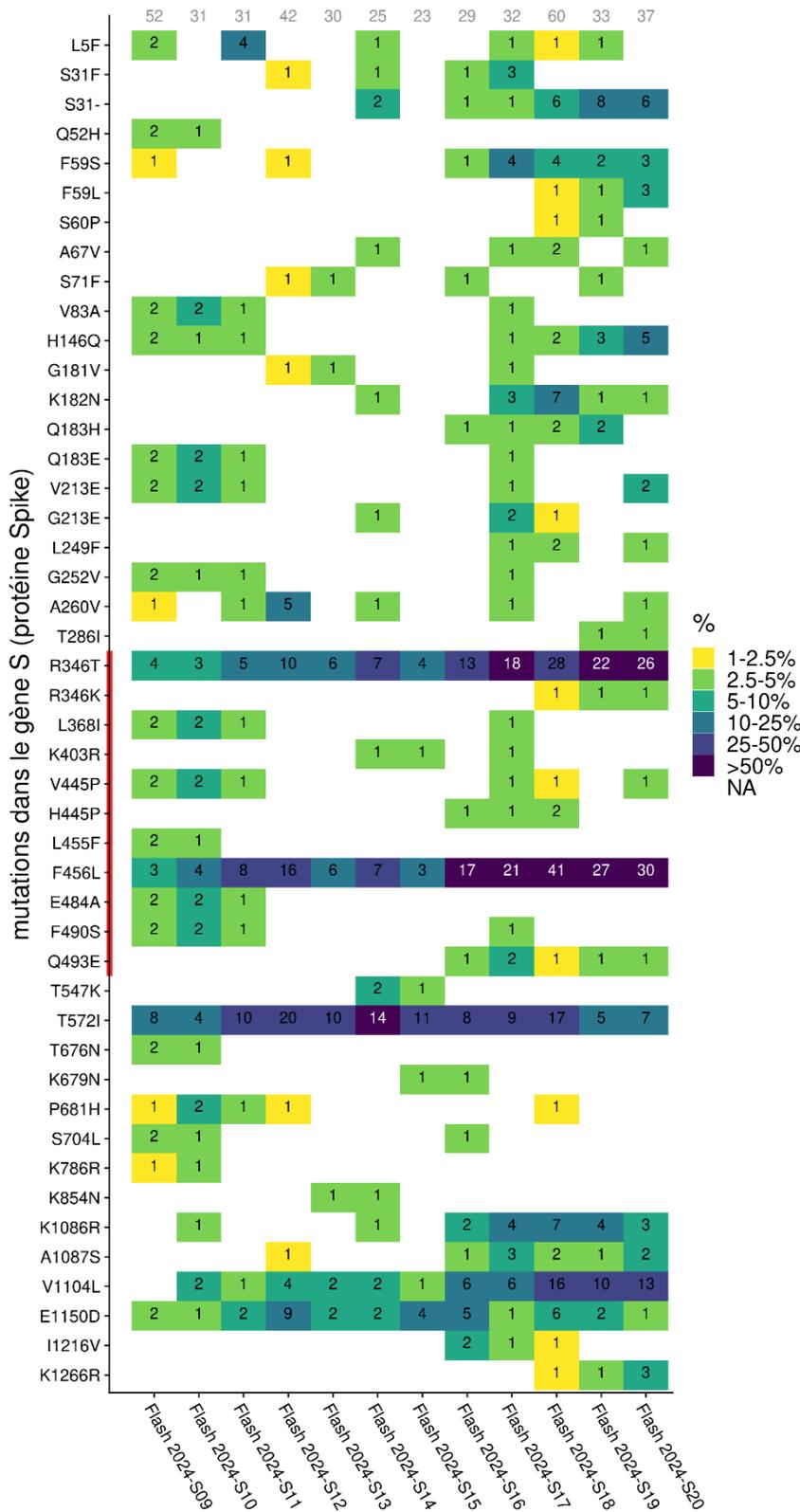


Figure 4 : Détection des variants classés, toutes indications de séquençage confondues, par DROM, entre le 20/11/2023 et le 06/05/2024 (source : EMERGEN, au 10/06/2024).

Pas de données de séquençage disponible 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 : EMERGEN, au 10/06/2024).