

---

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

Mise à jour du 13/05/2024, n°51

---

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](https://cov-spectrum.com).

Nous remercions Bruno Lina, Marie-Anne Rameix-Weltiet les cellules régionales de Santé publique France pour leurs relectures des analyses de risque.

### Points clés au 13/05/2024 : Circulation dominante du variant JN.1\*

- JN.1\* majoritaire en France (hexagonale et DROM) et le plus détecté à l'échelle mondiale.
- Aucun signal préoccupant en termes de santé publique n'a été associé à JN.1\* (à date).
- Un rappel vaccinal adapté à XBB.1.5 améliore la neutralisation des variants du SARS-CoV-2 y compris JN.1\*.
- Nouvelle classification des variants : 4 sous-lignages de JN.1, dont KP.2 ont été classés VUM en raison de leur profil de mutations.
- Le sous-lignage KP.2 de JN.1 suscite des questions en raison de sa propagation rapide dans certains pays et de son profil génétique ; mais pouvant être compensé par une diminution de l'infectivité et ainsi potentiellement limiter sa diffusion et sa gravité (donnée *in vitro* à confirmer par des études en population).
- 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 .....	4
4.	Connaissances disponibles sur les variants .....	5
5.	Conclusion .....	7
6.	Références .....	8
7.	Annexes .....	8

## 1. Classement des variants

Depuis la précédente analyse de risque du 08/04/2024, le variant XBB.1.16, précédemment classé VOI, a été déclassé. En effet, il n'a plus été détecté au cours des enquêtes Flash depuis début janvier 2024.

Suite à la circulation large de JN.1 dans le monde, ce variant s'est diversifié génétiquement et des sous-lignages ont été définis. Quatre de ces sous-lignages ont été classés VUM en raison des mutations supplémentaires qu'ils portent : JN.1.7, JN.1.18, KP.2 et KP.3. On trouve la mutation F456L dans la protéine Spike de KP.2 et KP.3 et la mutation R346T chez KP.2 et JN.1.18, deux mutations qui ont été associées à des modifications de la transmissibilité et de l'échappement à la réponse immunitaire chez de précédents variants.

Au 13/05/2024, 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 13/05/2024 et détection en France (hexagone et DROM) au cours de l'enquête Flash S16-2024 du 15/04/2024

Variants préoccupants (VOC)	Variants à suivre (VOI)	Variants en cours d'évaluation (VUM)
	<b>JN.1 (24A-B)<sup>1</sup></b> 62 %	<b>XBB (22F)<sup>2</sup></b> Non détecté depuis Flash S05-2024
	<b>EG.5 (22F-23F)</b> Non détecté depuis Flash S11-2024	<b>XBB.1.9 (23D)<sup>3</sup></b> Non détecté depuis Flash S12-2024
	<b>XBB.1.5 (23A)</b> Non détecté depuis Flash S06-2024	<b>XBB.2.3 (23E)</b> Non détecté depuis Flash S11-2024
		<b>JN.1.7 (24A)</b> 19 %
		<b>JN.1.18 (24A)</b> Non détecté depuis Flash S14-2024
		<b>KP.2 (24B)</b> 4,8 %
		<b>KP.3 (24B)</b> Non détecté

Mise à jour de l'analyse de risque au 13/05/2024.

Enquête Flash S16-2024 du 15/04/2024 (dernières données consolidées) : 21 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 adaptée suite aux adaptations du classement OMS au 15/03/2022 décrite précédemment.

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

<sup>1</sup>. JN.1.7, JN.1.18, KP.2 et KP.3 exclus <sup>2</sup>. XBB.1.5, XBB.1.16, XBB.1.9, XBB.2.3 et EG.5 exclus <sup>3</sup>. EG.5 exclu

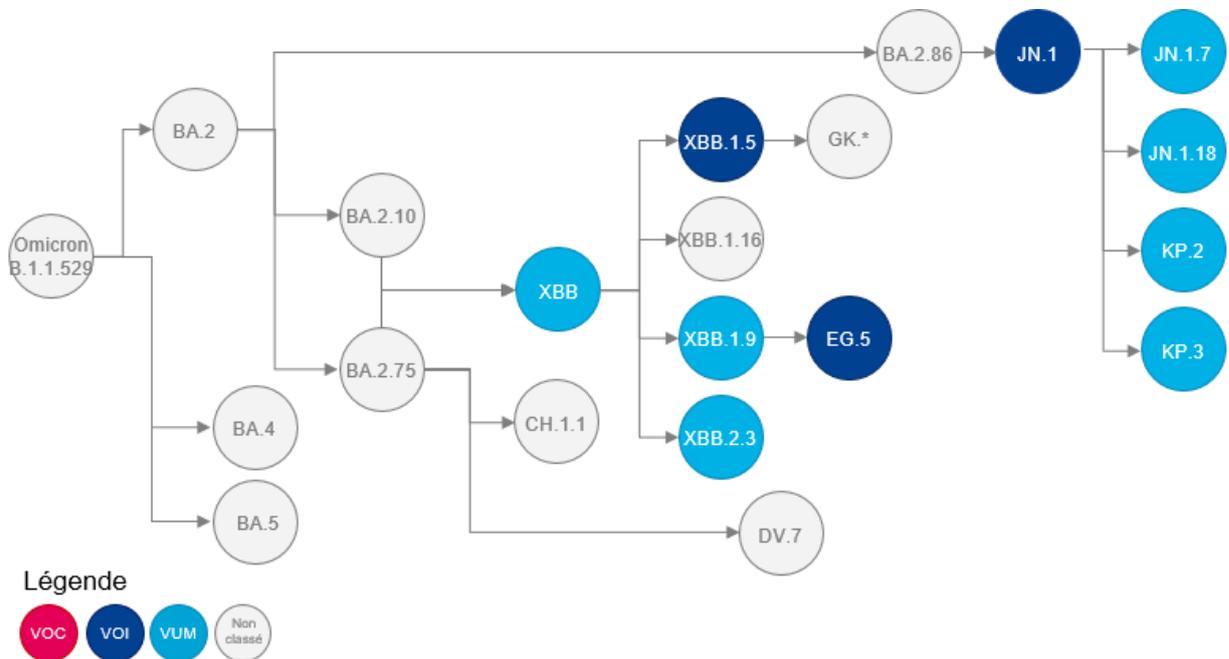


Figure 1. Représentation schématique de la filiation génétique des variants d'Omicron classés au 13/05/2024

## 2. Circulation des variants à l'international

Depuis début décembre 2023, le variant JN.1\* (sous-lignée de BA.2.86) incluant ses sous-lignées, est le lignage le plus détecté à l'échelle mondiale avec plus de 90 % des séquences déposées sur la base de données internationale GISAID depuis début février 2024. Au sein de JN.1\*, une augmentation des sous-lignées KP.2\* et KP.3\* est observée depuis le début du mois de mars 2024 (proportion en hausse au cours des dernières semaines, Tableau 2). En parallèle, on observe une baisse progressive de la détection du variant JN.1\* (JN.1.7, JN.1.18, KP.2 et KP.3 exclus, Tableau 2).

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

Tableau 2 : Détection des variants dans le monde entre le 25/03/2024 et le 28/04/2024 (données covSPECTRUM au 13/05/2024)

Variant	Classement	25/03-31/03		01/04-07/04		08/04-14/04		15/04-21/04		22/04-28/04		Tendance*
		N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	
JN.1 (24A-B) <sup>1</sup>	VOI	3 358	73,9	3009	73,8	2351	69,1	1790	64,6	1 033	58,3	↘
EG.5 (22F-23F-23H)	VOI	ND	-	-								
XBB.1.5 (23A-23G)	VOI	ND	-	ND	-	3	0,01	ND	-	ND	-	-
XBB.1.16 (23B)	VOI	ND	-	-								
XBB (22F) <sup>2</sup>	VUM	62	1,4	28	0,6	57	1,7	ND	-	2	0,1	→
XBB.1.9 (23D) <sup>3</sup>	VUM	ND	-	-								
XBB.2.3 (23E)	VUM	ND	-	-								
JN.1.7 (24A)	VUM	327	7,2	313	7,7	260	7,6	211	7,6	118	6,6	→
JN.1.18 (24A)	VUM	108	2,4	95	2,3	98	2,9	87	3,1	45	2,5	→
KP.2 (24B)	VUM	194	4,3	230	5,6	267	7,8	307	11,1	260	14,7	↗
KP.3 (24B)	VUM	73	1,6	110	2,7	132	3,9	195	7,1	223	12,6	↗
<b>Total<sup>4</sup></b>		<b>4 545</b>		<b>4 079</b>		<b>3 405</b>		<b>2 769</b>		<b>1 771</b>		

\* Tendance sur les trois dernières semaines consolidées

<sup>1</sup> JN.1.7, JN.1.18, KP.2 et KP.3 exclus

<sup>2</sup> XBB.1.5, XBB.1.9, XBB.1.16, XBB.2.3 et EG.5 exclus

<sup>3</sup> EG.5 exclus

<sup>4</sup> Total des séquences disponibles pour l'analyse via CovSPECTRUM

### 3. Circulation des variants en France

Depuis mars 2024, le SARS-CoV-2 circule peu en France. Le nombre des RT-PCR SARS-CoV-2 étant faible, peu de prélèvements sont disponibles pour la surveillance génomique. Les volumes de séquences sont à des niveaux faibles, et les proportions présentés dans cette analyse de risque correspondent aux quatre dernières enquêtes Flash. Les graphiques et tableaux 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). Il représentait, avec tous ses sous-lignages, 74,6 % des séquences interprétables des enquêtes Flash du mois d'avril (Tableau 3). Parmi les séquences JN.1\*, ses sous-lignages les plus détectés sont JN.1.7 (11 séquences pour les quatre enquêtes Flash d'avril), JN.1.16 (5 séquences). Le VUM KP.2 est détecté dans les enquêtes Flash depuis début mars mais à des niveaux faibles (maximum 7% séquences au cours de l'enquête Flash S12-2024) et ne semble pas augmenter. Le VUM KP.3 n'a pas été détecté au cours des enquêtes Flash.

Les autres variants détectés sont des variants non classés. Cette catégorie est portée majoritairement par le recombinant XDK (recombinant entre JN.1.1.1 et XBB.1.16.11) qui représentait 20,9 % (14 séquences) des séquences interprétables des enquêtes Flash d'avril. Elle contient aussi les autres sous-lignages de BA.2.86 (JN.1\* exclu) ainsi que le recombinant XDD (recombinant entre JN.1 et EG.5.1.1).

Tableau 3 : Détection des variants classés lors des enquêtes Flash entre le 04/03/2024 et le 22/04/2024, France.

Variant	Classement	Mars 2024 (Flash 04, 11, 18, 25/03)		Avril 2024 (Flash 02, 08, 15, 22/04) <sup>#</sup>		Tendance*
		N	%	N	%	
JN.1 (24A-24B) <sup>1</sup>	VOI	80	61,1	37	55,0	↘
XBB.1.5 (23A-23G)	VOI	ND	-	ND	-	-
EG.5 (22F-23F-23H)	VOI	1	0,8	ND	-	-
XBB (22F) <sup>2</sup>	VUM	ND	-	ND	-	-
XBB.1.9 (23D) <sup>3</sup>	VUM	1	0,8	ND	-	-
XBB.2.3 (23E)	VUM	1	0,8	ND	-	-
JN.1.7 (24A)	VUM	14	10,6	11	16,5	↗
JN.1.18 (24A)	VUM	2	1,5	1	1,5	→
KP.2 (24B)	VUM	7	5,3	1	1,5	↘
Autres	VUM	25	19,1	17	25,3	↗

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 2024-S17 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.

<sup>1</sup>. JN.1.7, JN.1.18, KP.2 et KP.3 exclus ; <sup>2</sup>. XBB.1.5, XBB.1.9, XBB.1.16, XBB.2.3 et EG.5 exclus ; <sup>3</sup> 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\* est détecté dans tous les territoires des DROM où il circule de manière quasi-exclusive (Figure 4).

#### 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 une efficacité vaccinale 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).

##### Lignage JN.1

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**. JN.1 a connu une large diffusion aux États-Unis pendant l'hiver 2023-2024, avec une augmentation des infections mais sans augmentation proportionnelle des hospitalisations et de la mortalité liées à la COVID-19, suggérant une évasion immunitaire et une atténuation de sa gravité (2).

Par ailleurs, une étude récente a décrit le phénotype clinique associé au sous-lignage JN.1 chez les patients atteints de COVID-19 sévère 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 et une immunosuppression moins fréquente chez les patients JN.1. 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 (3). Ces données rassurantes suggèrent que l'infection par ce sous-lignage n'entraîne pas de conséquences plus

graves que les sous-lignages de XBB. Une étude réalisée dans le cadre d'un programme de surveillance génomique virale américain a confirmé ces résultats. Les proportions d'infections par les variants JN.1 et HV.1 étaient plus faibles chez les patients hospitalisés que chez les patients en ambulatoire, comparé au variant EG.5 (aOR=0,33 [IC à 95 % : 0,20-0,55] et aOR=0,62 [IC à 95 % : 0,44-0,86], respectivement), suggérant un risque plus faible de maladie grave (4).

### **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 2023-24 et sont de nouveau recommandés pour la campagne au printemps 2024 (5). Dans la précédente AdR, des études sur l'efficacité vaccinale en population avaient été décrites et avaient montré **qu'en population, 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**. Lors d'une récente étude, la vaccination avec le vaccin monovalent à ARNm contenant XBB.1.5 a significativement réduit les taux d'hospitalisation et de décès liés à la COVID-19 chez les adultes âgés de  $\geq 65$  ans dans trois pays nordiques, avec une efficacité qui reste élevée jusqu'à 12 semaines après l'immunisation (6). Une équipe de chercheurs 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 réponses immunitaires ont été comparées chez des individus n'ayant jamais été exposés au SARS-CoV-2, montrant des réponses NAb distinctes entre ceux infectés par XBB et ceux infectés par JN.1. Les résultats indiquent que les infections à JN.1 induisent des titres de neutralisation significativement plus élevés que les infections avec XBB. De plus, l'étude met en lumière l'évasion immunitaire des sous-lignages récemment émergents de JN.1, comme JN.1+R346T+F456L (KP.2, JN.1.16.1, KP.1.1, KS.1 ...), qui montrent une diminution notable de la neutralisation par les sérums des individus infectés par XBB et JN.1 (7). Deux études similaires ayant pour objectif commun d'évaluer l'effet d'une dose de rappel du vaccin XBB.1.5 sur les niveaux d'anticorps et leur capacité à neutraliser différentes souches du virus ont rapporté une élévation significative des titres d'anticorps neutralisants spécifiques pour les souches XBB.1.5 et JN.1 après administration du vaccin monovalent XBB.1.5 (8) (9). Ces résultats soulignent les défis posés par l'évolution continue du SARS-CoV-2 et suggèrent une réévaluation des stratégies de vaccination pour tenir compte de la lignée JN.1 et de ses sous-variants.

### **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 mais à des niveaux faibles. Selon une étude récente, KP.2 est caractérisé par plusieurs substitutions dans la protéine Spike (S), notamment les substitutions S:R346T et S:F456L, qui pourraient contribuer à cette propagation (10). 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). Des tests réalisés *in vitro* avec des pseudovirus suggèrent toutefois que l'infectivité de KP.2 serait plus faible (10,5 fois) 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 (10). Ces résultats *in vitro* sont à interpréter avec prudence et doivent encore être confirmés en population.

## 5. Conclusion

Le variant JN.1\* a est aujourd'hui dominant en France et à l'international. 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 jusqu'ici. La situation épidémiologique actuelle est caractérisée par la dominance du variant JN.1\* en France et à l'international, qui n'est pas associée à des caractéristiques particulières. En termes de sévérité, aucun signal préoccupant n'a été associé à JN.1\*.

Si JN.1\* ne semble pas présenter de caractéristiques préoccupantes, il ne peut cependant pas être exclu qu'un variant suffisamment divergent émerge et puisse remplacer les variants actuels. En effet, quatre nouveaux sous-lignages de JN.1\* ont été classés comme VUM, en particulier KP.2\* qui progresse rapidement dans certains pays et pour lequel les données *in vitro* disponibles suggèrent un possible échappement à la réponse immunitaire. Mais cet échappement pourrait être partiellement compensé par des capacités de transmission diminuées. Ces résultats doivent être confirmés, en particulier avec des études en vie réelle.

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. Lewnard JA, Mahale P, Malden D, Hong V, Ackerson BK, Lewin BJ, et al. Immune escape and attenuated severity associated with the SARS-CoV-2 BA.2.86/JN.1 lineage. medRxiv. 2024:2024.04.17.24305964.
3. 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.
4. 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.
5. [Available from: <https://vaccination-info-service.fr/Les-maladies-et-leurs-vaccins/Covid-19>.
6. 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.
7. Jian F, Yisimayi A, Song W, Wang J, Xu Y, Chen X, et al. Humoral immunogenicity comparison of XBB and JN.1 in human infections. bioRxiv. 2024:2024.04.19.590276.
8. Nguyenla XH, Bates TA, Trank-Greene M, Wahedi M, Tafesse FG, Curlin ME. Humoral Immunity Elicited by the XBB.1.5 Monovalent COVID-19 Vaccine. medRxiv. 2024:2024.03.25.24304857.
9. Abul Y, Nugent C, Vishnepolskiy I, Wallace T, Dickerson E, Holland L, et al. Broad immunogenicity to prior SARS-CoV-2 strains and JN.1 variant elicited by XBB.1.5 vaccination in nursing home residents. medRxiv. 2024:2024.03.21.24303684.
10. 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.

## 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](https://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://santepubliquefrance.fr))

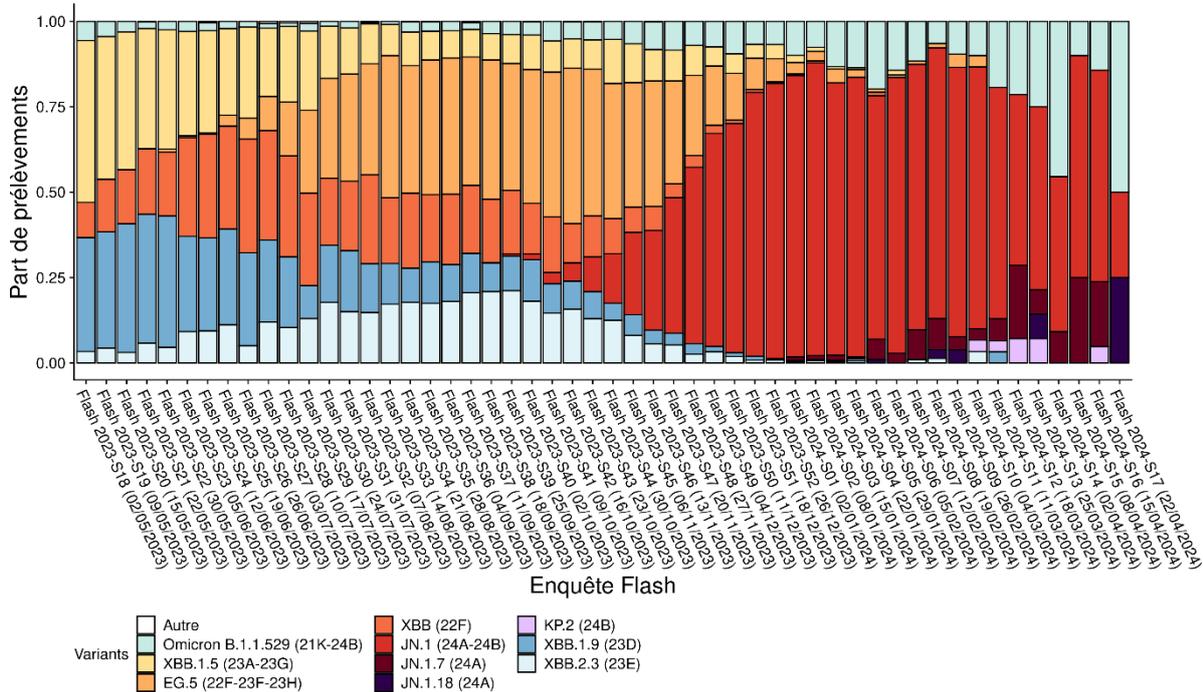


Figure 2 : Détection des variants classés au cours des enquêtes Flash, en France, entre le 02/05/2023 et le 22/04/2024 (source : EMERGEN, au 13/05/2024). \* Données de l'enquête Flash S17-2024 non consolidées.

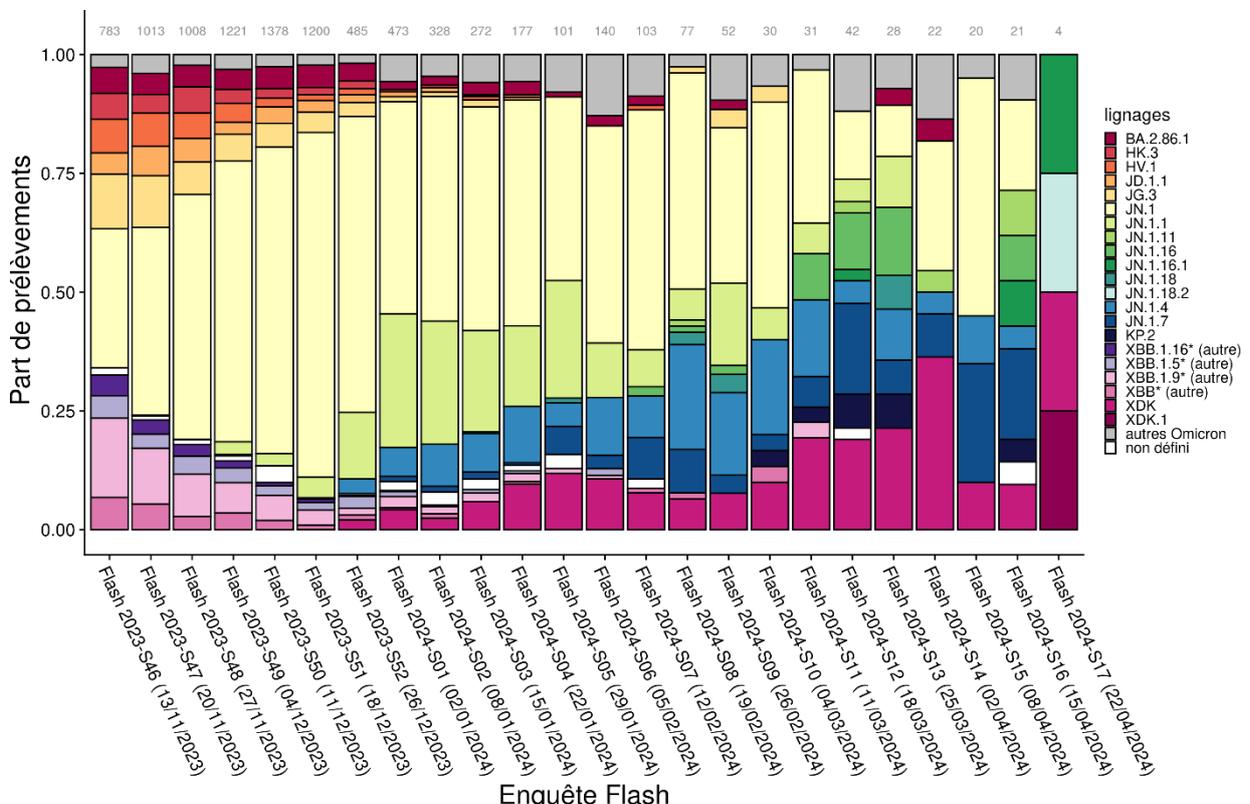


Figure 3 : Détection des sous-lignages du variant Omicron à au moins 5 % au cours des enquêtes Flash, en France hexagonale, entre le 13/11/2023 et le 22/04/2024 (source : EMERGEN, au 13/05/2024).

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.

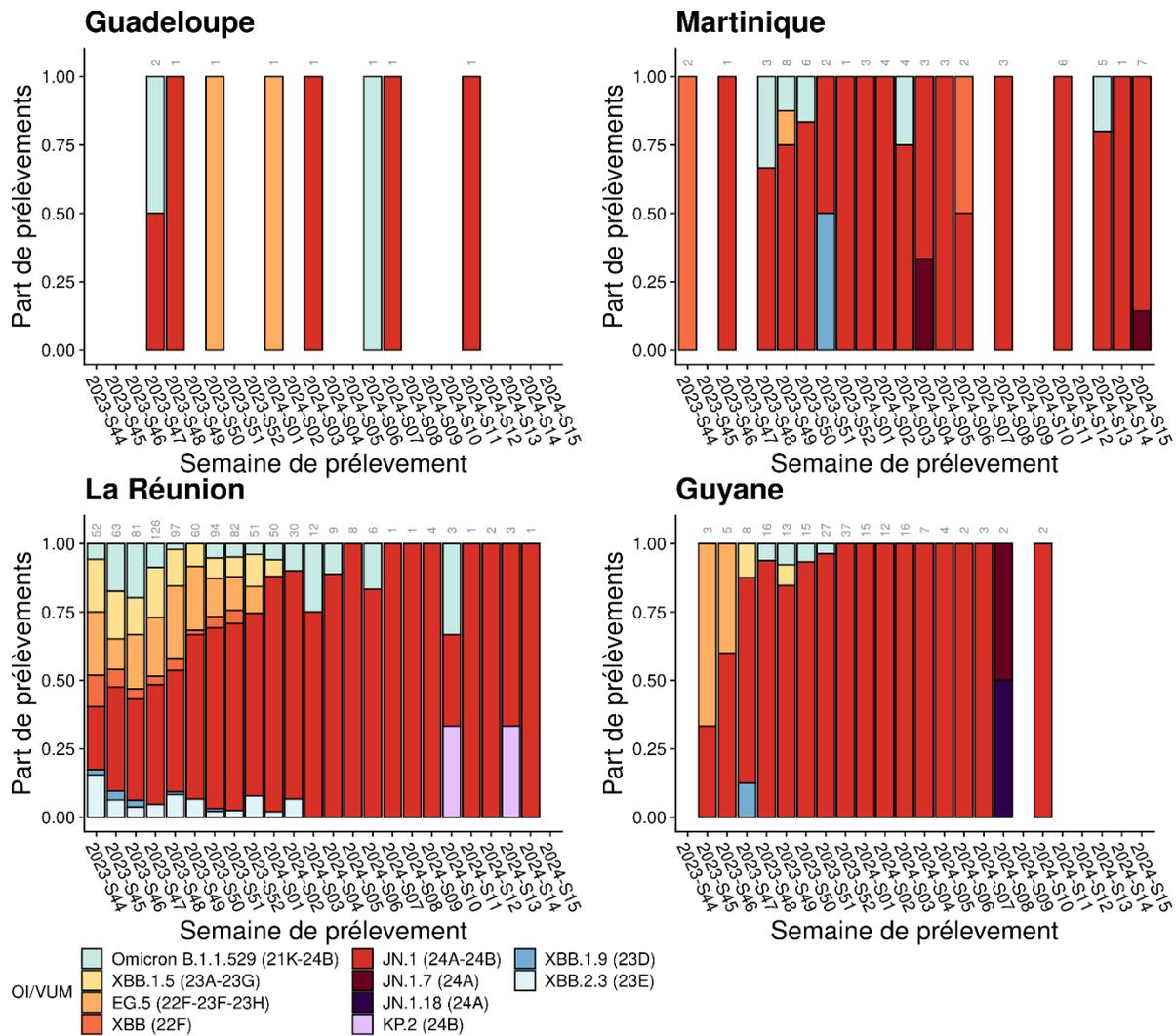
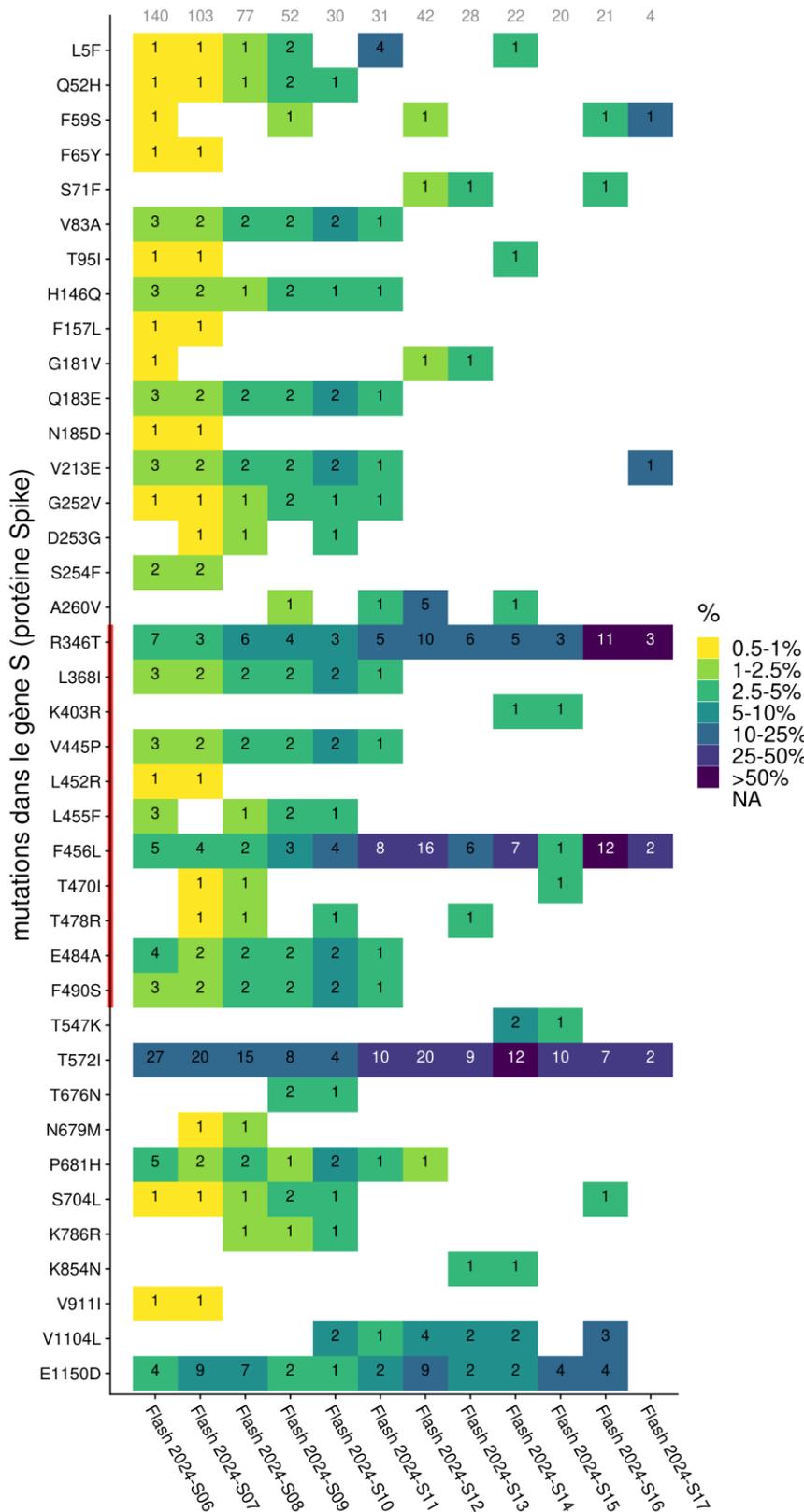


Figure 4 : Détection des variants classés, toutes indications de séquençage confondues, par DROM, entre le 28/10/2023 et le 08/04/2024 (source : EMERGEN, au 13/05/2024).

# Pas de données de séquençage disponible pour Mayotte depuis la S51-2023

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-lignages 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 13/05/2024).