

---

## Analyse de risque sur les variants émergents du SARS-CoV-2 réalisée conjointement par Santé publique France et le CNR Virus des infections respiratoires

Mise à jour du 10/08/2022

---

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

Les sources utilisées pour cette analyse de risque sont les suivantes : données du **consortium EMERGEN** dont les enquêtes Flash (cf. **Dashboard InfoCovidFrance**), résultats des RT-PCR de criblage, base de données virologiques internationale « *Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data* » (**GISAI**D). Pour plus d'informations sur la définition des catégories de variants, se référer à l'**analyse de risque du 28/07/2021**.

Ce document est une version allégée qui **complète les analyses de risque du 15/06/2022 et du 06/07/2022** avec une mise à jour des données sur le VOC Omicron et de la situation épidémiologique. La prochaine mise à jour de l'analyse de risque est prévue début septembre 2022.

### Table des matières

|      |  |    |
|------|--|----|
| 1.   | Point-clés de l'analyse de risque en date du 10/08/2022.....   | 2  |
| 2.   | Connaissances disponibles sur le VOC Omicron .....   | 3  |
| 2.1. | Situation épidémiologique internationale.....  | 3  |
| 2.2. | Caractéristiques du VOC Omicron .....  | 3  |
| 2.3. | Circulation des sous-lignages du VOC Omicron .....   | 3  |
| 2.4. | Nouvelles données sur les sous-lignages d'Omicron .....  | 5  |
| 3.   | Evolution de la détection des mutations d'intérêt ciblées par le criblage en France .....                | 6  |
| 4.   | Evolution de la détection des VOC, VOI et VUM en France dans le cadre de la surveillance génomique ..... | 7  |
| 4.1. | En France métropolitaine .....   | 7  |
| 4.2. | Dans les DROM.....   | 9  |
| 5.   | Conclusion au 10/08/2022 .....   | 9  |
|      | Références.....  | 10 |

## 1. Point-clés de l'analyse de risque en date du 10/08/2022

Plusieurs faits marquants sont à noter dans la présente actualisation de l'analyse de risque liée aux variants émergents du SARS-CoV-2 :

### **Classement des variants (Tableau 1) :**

- A ce jour, 2 variants sont classés comme VOC circulants, 3 comme VOC non-circulants et 1 comme VUM.

### **Surveillance par criblage des mutations d'intérêt :**

- La proportion de prélèvements en France ayant un résultat de criblage compatible avec Omicron en semaine 31 (01-07/08/2022) était de plus de 99% pour le proxy D1.
- La fréquence de détection des mutations en position L452 (portées entre autres par BA.2.12.1, BA.4 et BA.5), avec le proxy C1, est en augmentation depuis mi-avril. En semaine 31, elles étaient détectées dans 91% des prélèvements criblés pour ces mutations.

### **Surveillance génomique et impact en santé publique des variants classés**

- Les données de séquençage confirment la circulation exclusive du VOC Omicron (B.1.1.529, BA.\*) dans toutes les régions de France métropolitaine et en Outre-mer. En France métropolitaine, il représentait 100% des séquences interprétables de l'enquête Flash du 25/07/2022.
- Au sein du variant Omicron, le sous-lignage BA.5 a remplacé BA.2 et est aujourd'hui majoritaire : il représentait (tous sous-lignages inclus) 93% des séquences interprétables de l'enquête Flash du 25/07/2022.
- BA.5 est aussi majoritaire à l'échelle internationale, illustrant sa compétitivité plus élevée par rapport à BA.2. Les analyses épidémiologiques réalisées jusqu'ici n'ont pas permis d'identifier de différences majeures entre BA.5 et BA.2 en terme d'échappement immunitaire et de sévérité. Une protection croisée semble aussi être conservée entre les différents sous-lignages d'Omicron.
- Le sous-lignage d'Omicron BA.4 continue à circuler dans le monde et en France, mais à des niveaux plus faibles que BA.5. En France métropolitaine, il représentait 5% des séquences interprétables de l'enquête Flash du 25/07/2022. La détection de BA.2.12.1 est en diminution, avec moins de 1% des séquences interprétables de l'enquête Flash du 25/07/2022.
- Le sous-lignage Omicron BA.2.75 fait l'objet d'un suivi particulier par la communauté internationale sur la base de son profil de mutations, et à ce stade aucun signal épidémiologique ou clinique préoccupant ne lui a été associé. Il circule majoritairement en Inde et n'est détecté que de façon sporadique dans les autres pays, dont la France.

Tableau 1 : Classement des variants au 10/08/2022 et détection en France métropolitaine dans les enquêtes Flash

| Variants préoccupants (VOC)   |   | Variants à suivre (VOI) | Variants en cours d'évaluation (VUM)  |
|---|---|-------------------------|---|
| Circulant   | Non-circulant   |                         |   |
| <b>Delta 21A/I/J (B.1.617.2/AY.*)</b><br>Non détecté depuis Flash S22-2022 (30/05/2022) | <b>Alpha 20I (B.1.1.7/Q.*)</b><br>Non détecté depuis Flash S47 (22/11/2021) |                         | <b>recombinant AY.4/BA.1 (XD)</b><br>Non détecté depuis Flash S20-2022 (16/05/2022) |
| <b>Omicron 21K-M/22A-D (B.1.1.529/BA.*)</b><br>100% des séquences (Flash S30-2022)      | <b>Beta 20H (B.1.351*)</b><br>Non détecté depuis Flash #20 (17/08/2021)     |                         |   |
|   | <b>Gamma 20J (P.1*)</b><br>Non détecté depuis Flash #24 (14/09/2021)        |                         |   |

Mise à jour de l'analyse de risque au 10/08/2022. Les données indiquées concernent la France métropolitaine. \* indique l'inclusion de tous les sous-lignages connus à ce stade. Enquête Flash S30-2022 réalisée le 25/07/2022 : données sur 1 007 séquences interprétables.

## 2. Connaissances disponibles sur le VOC Omicron

### 2.1. Situation épidémiologique internationale

La situation mondiale est aujourd'hui caractérisée par la **dominance du VOC Omicron à l'échelle globale**, la majorité des pays rapportant une circulation quasi exclusive d'Omicron (1). Ce variant représentait plus de 99% (160 785 / 161 937) des séquences déposées sur la base de données internationale GISAID entre le 09/07 et le 08/08/2022, comme pour la période du 09/06 au 08/07/2022 (440 454 / 442 471, données au 08/08/2022). Ces données doivent cependant être interprétées à la lumière des différences entre les systèmes de surveillance, en particulier des capacités de séquençage, des différentes stratégies de séquençage (représentatif et/ou ciblé), des délais de soumission et des biais de sélection des échantillons.

### 2.2. Caractéristiques du VOC Omicron

Les trois caractéristiques majeures d'Omicron sont sa transmissibilité élevée, son échappement immunitaire et sa moindre sévérité (liée en partie à une EV conservée contre les formes sévères). Des informations plus détaillées sur les caractéristiques d'Omicron peuvent être retrouvées dans [les précédentes analyses de risque](#) et, en anglais, dans les rapports épidémiologiques de l'OMS (1).

### 2.3. Circulation des sous-lignages du VOC Omicron

Au 08/08/2022, le **sous-lignage BA.5 est le plus détecté à l'échelle mondiale avec 76%** (122 333 / 161 937) des séquences déposées sur GISAID entre le 09/07 et le 08/08/2022, contre 53% (234 916 / 442 471) entre le 09/06 et le 08/07/2022 (données cov-spectrum.org au 08/08/2022). Suite à la circulation importante de BA.5, une diversification génétique a conduit à la définition de sous-lignages nommés BA.5.\*, BE.\*, BF.\* et BG.\*. A ce jour, aucun sous-lignage de BA.5 ne semble présenter des caractéristiques particulières. Le sous-lignage BA.4 continue à circuler, en particulier en Afrique Australe, et sa fréquence de détection reste stable au niveau mondial avec 4% (6 095 / 161 937) des séquences déposées sur la base de données GISAID entre

le 09/07 et le 08/08/2022 contre 5% (19 918 / 442 471) entre le 09/06 et le 08/07/2022. La détection de BA.2.12.1, qui a circulé très largement en Amérique du Nord, est en diminution, avec 4% (6 632 / 161 937) des séquences déposées sur GISAID entre le 09/07 et le 08/08/2022 contre 15% (65 623 / 442 471) entre le 09/06 et le 08/07/2022.

Le sous-lignage Omicron BA.2.75 fait l'objet d'un suivi particulier par la communauté internationale sur la base de son profil de mutations, et à ce stade aucun signal épidémiologique ou clinique préoccupant ne lui a été associé. Par rapport à BA.2, BA.2.75 possède neuf mutations dans des zones clé de la protéine Spike (D339H, G446S, N460K, réversion R493Q dans le RBD, K147E, W152R, F157L, I210V, G257S dans le NTD). Seule la réversion R493Q est également présente dans BA.4 et BA.5. S'il est toujours considéré comme inclus dans le VOC Omicron par l'OMS, il a été désigné comme « VOC-LUM » (VOC - lineage under monitoring), soit un sous-lignage d'intérêt d'un VOC (2).

Au 08/08/2022, 1 673 séquences de BA.2.75 sont disponibles sur la base de données GISAID (Figure 1). Ces séquences proviennent majoritairement d'Inde (1 313 / 1 673) où ce sous-lignage a été identifié. La proportion de BA.2.75 parmi les séquençages réalisés en Inde semble augmenter, mais les effectifs sont faibles et doivent être interprétés avec prudence. La situation en Inde, où BA.2 est encore dominant et BA.5 circule à des niveaux plus faibles, est difficilement transposable aux pays d'Europe, dont la France. De plus, la situation épidémiologique en Inde semble stable (absence d'augmentation marquée des cas ou des décès). Dans d'autres pays, BA.2.75 est détecté à des niveaux faibles et ne semble pas augmenter. Il n'y a donc pas à ce jour de signal préoccupant associé à BA.2.75, et des données complémentaires sont nécessaires pour évaluer sa compétitivité par rapport à BA.5.

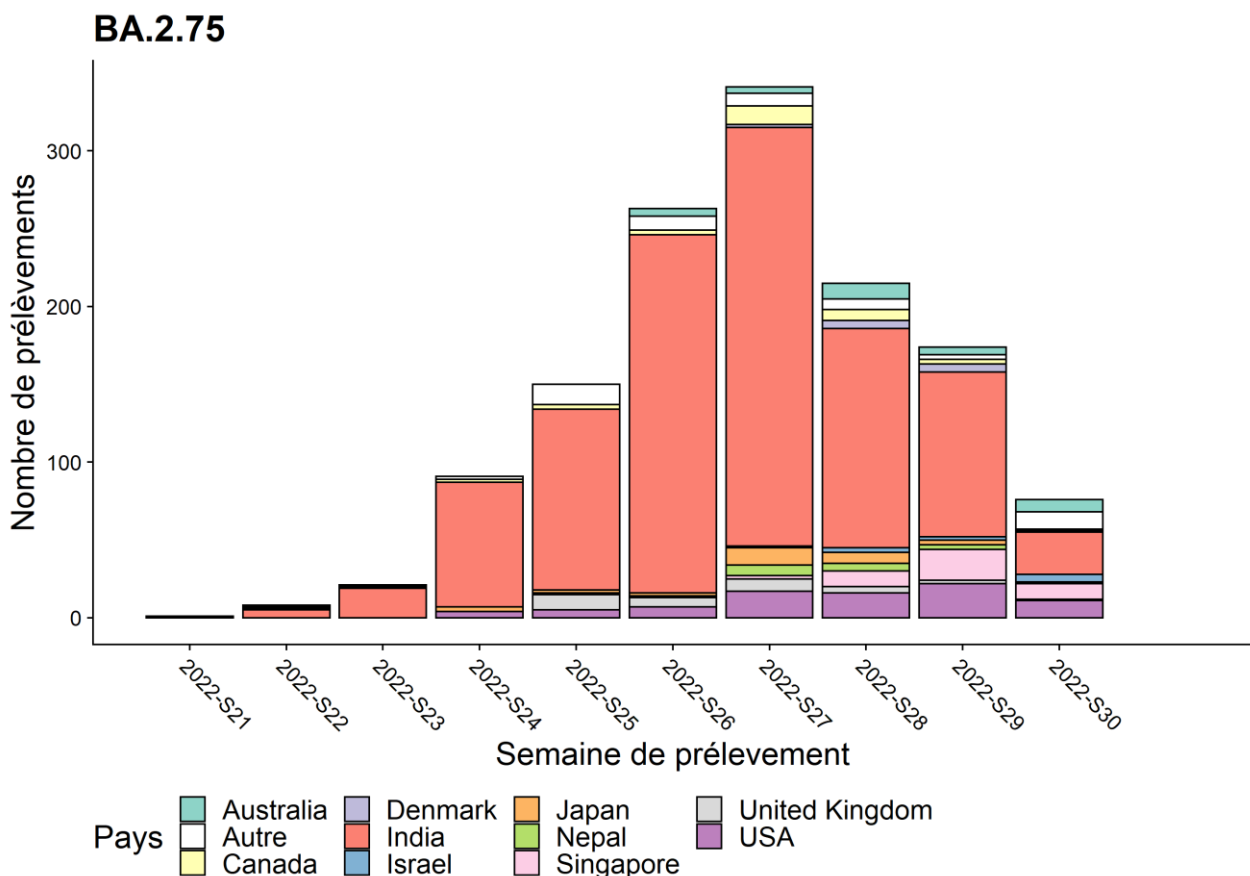


Figure 1 : Nombre de séquences BA.2.75, par pays et par semaine de prélèvement (source : GISAID, au 08/08/2022). Les pays qui ont déposé moins de 10 séquences sont regroupés dans la catégorie « autre ». 112 séquences (dont 111 d'Inde) sans dates de prélèvements ont été exclues.

#### 2.4. Nouvelles données sur les sous-lignages d'Omicron

##### **BA.4 et BA.5**

Les nouvelles données de séroneutralisation confirment le constat fait dans la dernière analyse de risque quant à la diminution de l'efficacité de neutralisation de BA.4 et BA.5 par les anticorps post-vaccinaux. Une des conséquences est une durée de protection plus courte : 5,5 mois après la troisième dose pour BA.5 contre 11,5 mois pour la souche indexe (Wuhan) (3). Il a cependant été montré qu'une troisième dose de vaccin Pfizer (BNT126b2) augmentait le spectre des anticorps produits et améliorait la protection croisée contre BA.5 (4, 5). Cette protection croisée contre BA.5 est encore plus efficace chez les personnes vaccinées et précédemment infectées par BA.2 (6, 7).

Si les données *in vitro* ont identifié des différences entre BA.5 et les autres sous-lignages d'Omicron, des études épidémiologiques réalisées au Royaume-Uni et au Portugal n'ont pas montré de réduction majeure de l'efficacité vaccinale contre BA.5 par rapport à BA.2 (8, 9). Une étude américaine a cependant observé une proportion plus importante de personnes vaccinées parmi les cas de BA.4/BA.5 par rapport aux cas de BA.2 sur la même période (10). Une précédente infection par un autre sous-lignage d'Omicron a été associée à une réduction de 75 à 80% du risque d'infection par BA.5 (11). Cette réduction du risque était cependant plus faible pour les infections par un autre variant.

En terme de sévérité, une nouvelle étude réalisée aux Etats-Unis n'a pas observé de risque d'hospitalisation ou d'admission en soins intensifs des cas de BA.4/BA.5 supérieur à BA.2 (10). D'après les données du Portugal, une vaccination avec trois doses réduit le risque d'hospitalisation et de décès liés à BA.5, de 77% et 88%, respectivement (8). Cette réduction du risque est cependant inférieure à celle observée pour BA.2 (93% et 94%, respectivement). BA.5 semble donc avoir une sévérité similaire aux autres sous-lignages d'Omicron, mais cette sévérité peut être impactée en cas d'échappement à la réponse immunitaire. L'évaluation de l'efficacité des anticorps monoclonaux contre BA.5 par rapport à BA.2 a donné des résultats similaires pour l'Evusheld, l'Imdevimab, le Bebtelovimab mais une diminution de l'efficacité du Sotrovimab (12, 13). Les trois antiviraux testés (Remdesivir, Molnupiravir et Nirmatrelvir) conservaient la même efficacité contre BA.4 et BA.5 que contre la souche indexe (Wuhan).

##### **BA.2.75**

Plusieurs études *in vitro* se sont intéressées aux caractéristiques de BA.2.75 susceptibles d'avoir un impact en santé publique. L'affinité de BA.2.75 pour son récepteur semble plus élevée que pour les autres sous-lignages Omicron, ce qui pourrait impacter sa transmissibilité (14). L'efficacité de la neutralisation de BA.2.75 par les anticorps post-vaccinaux était similaire ou meilleure par rapport à BA.5, selon les études. Ces données sont en faveur d'un échappement immunitaire plus faible pour BA.2.75 par rapport au BA.5, qui est actuellement dominant (14-16). Cependant, BA.2.75 semble échapper plus efficacement dans un contexte immunitaire ayant été stimulé par le variant Delta, qui a beaucoup circulé en Inde (17).

Parmi les anticorps monoclonaux disponibles, BA.2.75 présente une sensibilité globalement similaire à BA.2 et BA.5 (14, 16, 18). Certaines études ont cependant observé une meilleure efficacité du Regdanvimab, du Sotrovimab, et du Tixagevimab, et une efficacité moindre du Bebtelovimab (le seul anticorps thérapeutique ayant une activité puissante contre tous les autres sous-lignages d'Omicron) du Cilgavimab et de l'Evusheld.

### 3. Evolution de la détection des mutations d'intérêt ciblées par le criblage en France

Une description de la stratégie de criblage déployée en France et de ses évolutions au cours du temps est disponible dans la section 3.1 de l'[analyse de risque variants du 05/01/2022](#). Les données de criblage sont disponibles en Open Data sur [GEODES](#) et [data.gouv](#). Les indicateurs suivis sont la présence de la mutation E484K (A1), la présence de mutations en position L452 (C1) et la présence d'une mutation associée à Omicron (del69-70 et/ou K417N et/ou S371L-S373P et/ou Q493R, D1).

- La proportion de détection de la **mutation E484K (A1)** se maintient à des niveaux très faibles ; elle était de 0,3% en S31 parmi l'ensemble des tests criblés interprétables pour cette mutation ;
- La proportion de détection de **mutations en position L452 (L452R ou L452Q, C1)** est en augmentation depuis mi-avril. En S31, les mutations en position L452 étaient détectées dans 91% des prélèvements criblés pour cette mutation (contre 90% en S30) ;
- La proportion de prélèvements en France ayant un **résultat de criblage compatible avec Omicron (D1)** en S31 était de 99,2% (comme en S30).

Le criblage C1, qui a longtemps été utilisé comme un proxy de la circulation du variant Delta, correspond aujourd'hui majoritairement aux sous-lignées d'Omicron BA.5 et, dans une moindre mesure, BA.4. L'augmentation de la proportion de prélèvements criblés C1, observée depuis mi-avril, se poursuit avec 91% en S31 contre 0,2% jusqu'à S15. Elle illustre l'émergence de sous-lignées d'Omicron portant une mutation en position L452 (Figure 2). Cependant, les données de criblage ne permettent pas de distinguer BA.4, BA.5 et les autres sous-lignées d'Omicron porteurs de mutations en position L452, dont BA.2.12.1. D'après son panel de mutation, le résultat de criblage d'un prélèvement BA.2.75 devrait être similaire à BA.2 (soit A0C0D1).

Les résultats de criblages de toutes les régions de France métropolitaine et tous les DOM indiquent une dominance d'Omicron et de ses sous-lignées porteurs de mutations en position L452. La proportion de résultats C1 en S31 variait entre 75% et 96% en France métropolitaine et était de 84% à la Guadeloupe, 88% en Guyane, 90% à la Réunion, 94% à Mayotte et 97% en Martinique.

#### Criblage (sur 7 jours glissants)

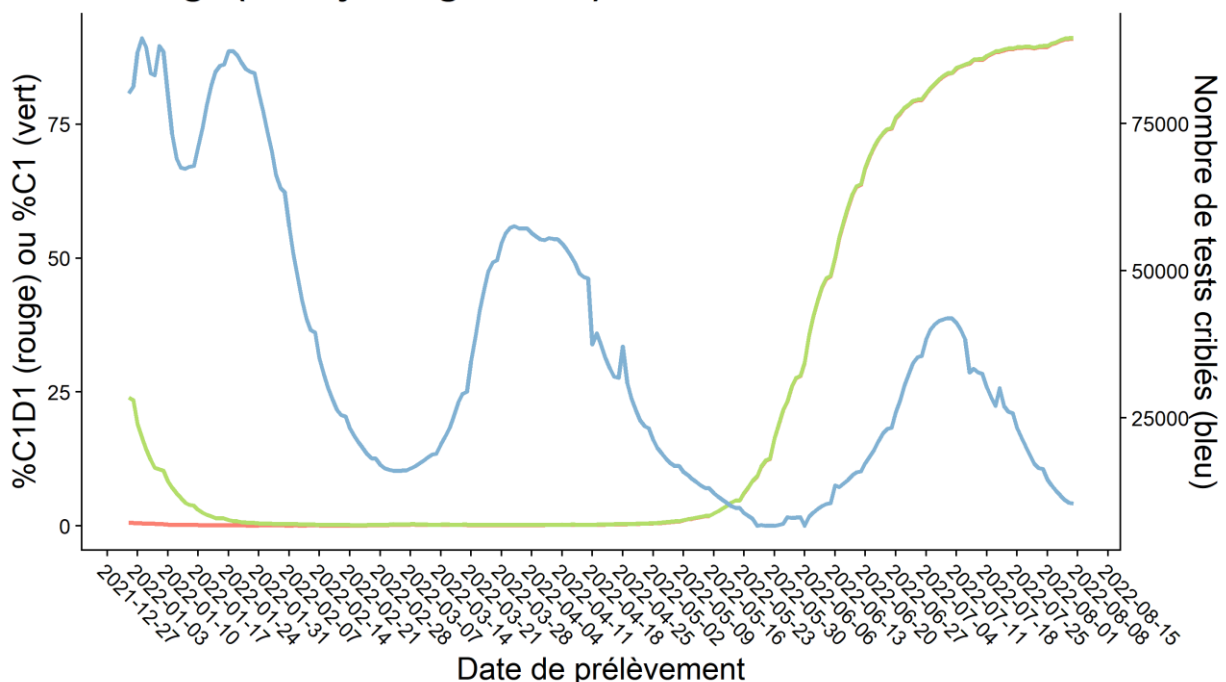


Figure 2 : Proportions de prélèvements positifs pour le SARS-CoV-2 criblés C1 (présence de mutations en position L452, courbe verte) et C1D1 (présence de mutation en position L452 et d'une mutation spécifique d'Omicron, courbe rouge), et nombre total de tests criblés (courbe bleue), par semaine de prélèvement (source : SIDEPA, au 10/08/2022).

#### 4. Evolution de la détection des VOC, VOI et VUM en France dans le cadre de la surveillance génomique

##### 4.1. En France métropolitaine

Le **VOC Omicron est actuellement dominant en France**. Depuis la semaine S05, il représente plus de 99 % des prélèvements séquencés dans le cadre des enquêtes Flash (Tableau 2 et Figure 3). D'après l'enquête Flash S30-2022 (25/07), il représentait 100% des séquences interprétables en France métropolitaine (sur 1 007 séquences interprétables, données non consolidées de la base EMERGEN au 08/08/2022). Le VOC Delta n'a plus été détecté depuis l'enquête Flash S22-2022 (30/05).

Au sein du VOC Omicron, le remplacement de BA.2 par BA.5 continue et **BA.5 est majoritaire depuis maintenant plusieurs semaines** (Figure 4). Au cours de l'enquête Flash S30-2022 (25/07), BA.5 (tous sous-lignages inclus) représentait 93% des séquences interprétables contre 2% pour BA.2 (tous sous-lignages inclus). Par comparaison, BA.5 et BA.2 représentaient 92% et 3% des séquences interprétables de Flash S29-2022, respectivement. BA.4 (tous sous-lignages inclus) continue à circuler mais à des niveaux plus faibles que BA.5, avec 5% des séquences interprétables de l'enquête Flash S30-2022. Le sous-lignage BA.2.12.1 a connu un pic de détection au cours de Flash S24-2022 (7% des séquences interprétables) mais a vu sa détection diminuer depuis au profit de BA.5 et représentait moins de 1% des séquences interprétables de Flash S30-2022. Seules sept séquences du sous-lignage BA.2.75 ont été détectées en France métropolitaine (données EMERGEN au 08/08/2022), ce qui est cohérent avec la faible détection de ce sous-lignage hors d'Inde.

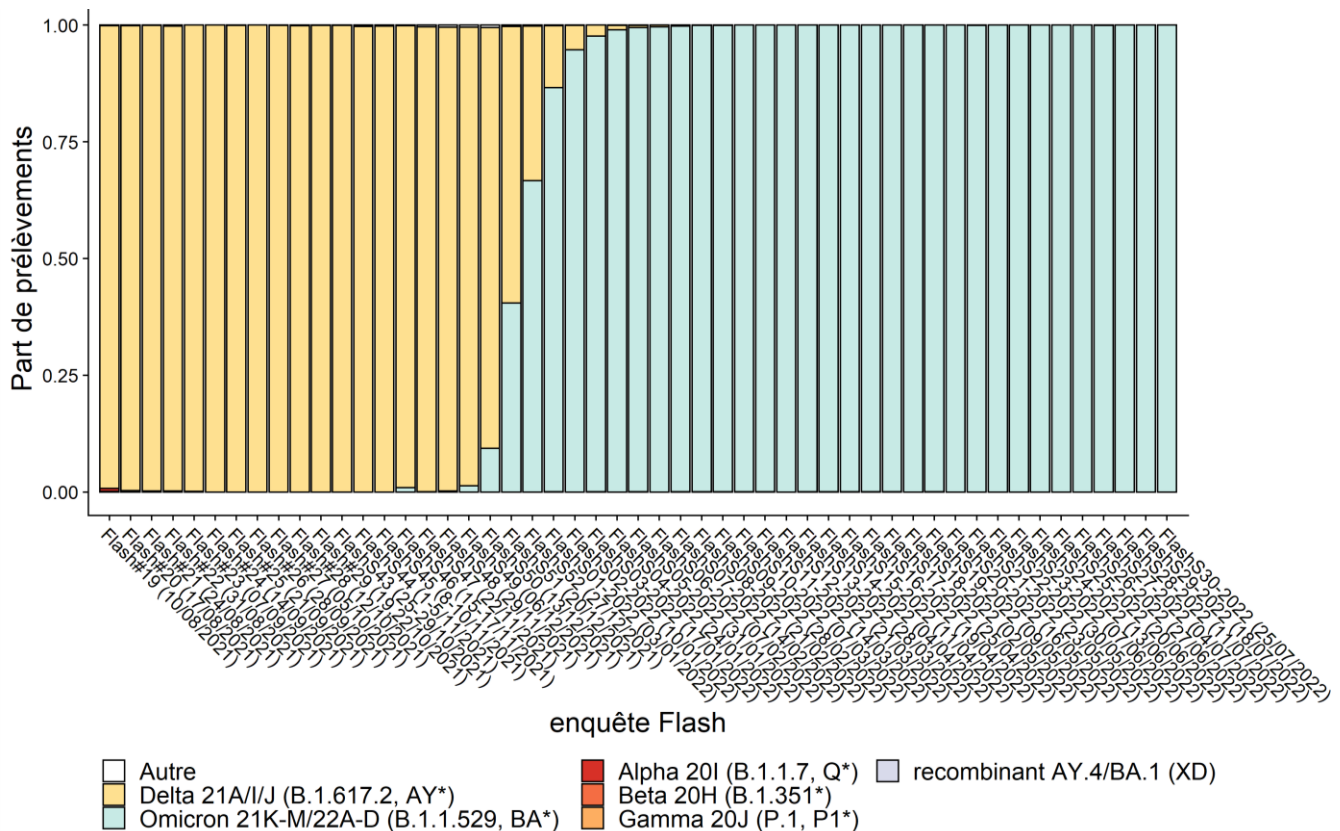


Figure 3 : Evolution de la part de chaque VOC, VOI et VUM par enquête Flash, France métropolitaine (source : EMERGEN, au 08/08/2022). Les données Flash S29-2022 et Flash S30-2022 sont préliminaires.

Tableau 2 : Détection des variants lors des enquêtes Flash S26 - Flash S30-2022, France métropolitaine.

| Variant  | Classement           | Flash S26<br>(27/06/2022) |              | Flash S27<br>(04/07/2022) |                 | Flash S28<br>(11/07/2022) |              | Flash S29#<br>(18/07/2022) |              | Flash S30#<br>(25/07/2022) |            |
|--|----------------------|---------------------------|--------------|---------------------------|-----------------|---------------------------|--------------|----------------------------|--------------|----------------------------|------------|
|  |                      | N                         | %            | N                         | %               | N                         | %            | N                          | %            | N                          | %          |
| Delta 21A/I/J (B.1.617.2, AY.*)                  | VOC circulant        | 0                         | 0            | 0                         | 0               | 0                         | 0            | 0                          | 0            | 0                          | 0          |
| <b>Omicron 21K-M/22A-D<br/>(B.1.1.529, BA.*)</b> | <b>VOC circulant</b> | <b>4603</b>               | <b>100,0</b> | <b>3403</b>               | <b>&gt;99,9</b> | <b>3422</b>               | <b>100,0</b> | <b>2048</b>                | <b>100,0</b> | <b>1007</b>                | <b>100</b> |
| Alpha 20I (B.1.1.7, Q.*)                         | VOC non-circulant    | 0                         | 0            | 0                         | 0               | 0                         | 0            | 0                          | 0            | 0                          | 0          |
| Beta 20H (B.1.351*)                              | VOC non-circulant    | 0                         | 0            | 0                         | 0               | 0                         | 0            | 0                          | 0            | 0                          | 0          |
| Gamma 20J (P.1*)                                 | VOC non-circulant    | 0                         | 0            | 0                         | 0               | 0                         | 0            | 0                          | 0            | 0                          | 0          |
| Recombinant AY.4/BA.1 (XD)                       | VUM                  | 0                         | 0            | 0                         | 0               | 0                         | 0            | 0                          | 0            | 0                          | 0          |
| Autre  |                      | 0                         | 0            | 1                         | <0,1            | 0                         | 0            | 0                          | 0            | 0                          | 0          |

Nombre de séquences interprétables : Flash S26 : 4 603 ; Flash S27 : 3 404 ; Flash S28 : 3 422 ; Flash S29 : 2 048 ; Flash S30 : 1 007

# Les données de Flash S29 et Flash S30 sont préliminaires ; \* indique l'inclusion de tous les sous-lignages connus à ce stade

### sous-lignages Omicron

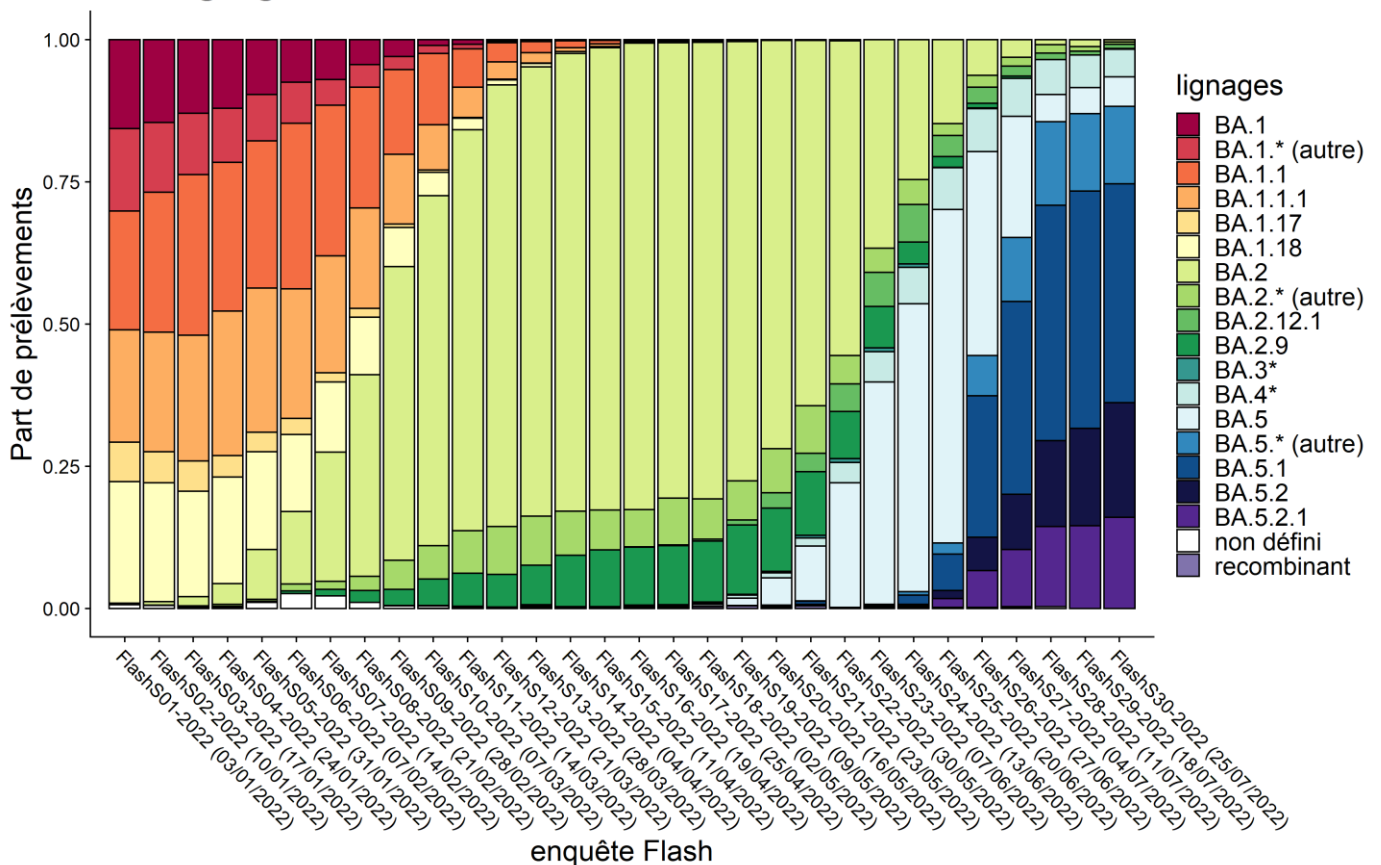


Figure 4 : Sous-lignages du variant Omicron au cours des enquêtes Flash, en France métropolitaine (source : EMERGEN, au 04/07/2022). Les sous-lignages de BA.1, BA.2 et BA.5 qui n'ont jamais dépassé 5% des séquences interprétables au cours d'une enquête Flash sont regroupés dans les catégories « BA.1.\* (autres) », « BA.2.\* (autres) » et « BA.5.\* (autres) ». Aucun sous-lignage de BA.3 et BA.4 n'ayant dépassé ces 5%, ils sont regroupés dans les catégories « BA.3\* » et « BA.4\* ». Les recombinants entre des sous-lignages d'Omicron sont regroupés dans la catégorie « recombinants ».



#### 4.2. Dans les DROM

On retrouve aujourd'hui la **prédominance d'Omicron et l'augmentation de la détection de BA.5 dans tous les DROM** :

- **En Martinique**, Omicron représente 100% des séquences interprétables depuis l'enquête Flash S04-2022 (sur 764 séquences interprétables). BA.5 est le sous-lignage d'Omicron majoritaire avec 79% des séquences interprétables de l'enquête Flash S28-2022.
- **En Guadeloupe**, Omicron représente 100% des séquences interprétables depuis l'enquête Flash S05-2022 (sur 385 séquences interprétables). Au cours de l'enquête Flash S29-2022, BA.5 représentait 71% des séquences interprétables.
- En **Guyane**, les 582 prélèvements séquencés dans le cadre d'enquêtes Flash depuis Flash S03-2022 correspondent au variant Omicron. Le sous-lignage BA.5 a été détecté depuis Flash S21-2022 et représente 98% des séquences interprétables de l'enquête Flash S29-2022.
- A **La Réunion**, Omicron est le seul variant détecté au cours d'enquêtes Flash depuis Flash S06-2022 (sur un total de 2 076 séquences interprétables). Le sous-lignage d'Omicron majoritaire est BA.5, avec 81% des séquences de Flash S29-2022. La détection de BA.2 est en diminution avec 5% au cours de Flash S29-2022.
- A **Mayotte**, le nombre de prélèvements séquencés dans le cadre d'enquêtes Flash est faible, mais seul Omicron a été détecté depuis Flash S02-2022, ce qui est en ligne avec les résultats de criblage D1 (>85% depuis février 2022).

#### 5. Conclusion au 10/08/2022

Depuis la dernière analyse de risque, le **VOC Omicron reste hégémonique en France et à l'international**. Au sein d'Omicron, le sous-lignage BA.5 a remplacé BA.2 et est aujourd'hui majoritaire, en France et à l'international. Cette dominance illustre la compétitivité plus élevée de BA.5 par rapport aux autres sous-lignages d'Omicron. Cependant, **BA.5 semble très similaire en termes d'échappement à la réponse immunitaire et de sévérité**, raison pour laquelle il reste inclus au sein du variant Omicron dans la classification des variants réalisée par l'OMS.

La circulation soutenue du VOC Omicron dans le monde est associée à une divergence génétique au sein de ce variant et à la définition de nouveaux sous-lignages. De nouveaux sous-lignages d'Omicron ont donc été définis au sein du sous-lignage BA.5, aujourd'hui dominant, mais aussi dans d'autres sous-lignages, comme par exemple le sous-lignage BA.2.75 de BA.2. Cette émergence de nouveaux sous-lignages est un phénomène évolutif normal et attendu et, en l'absence d'un signal épidémiologique ou clinique, ne constitue pas un signal préoccupant en termes de santé publique. **La surveillance génomique, organisée en France autour du consortium EMERGEN, vise donc non seulement à identifier de nouveaux variants mais aussi à déterminer leurs caractéristiques et évaluer leur impact en santé publique**. Ces efforts de surveillance restent essentiels pour assurer une réponse réactive en cas d'émergence d'un nouveau variant préoccupant et guider la mise en place de mesures de contrôle adaptées.

## Références

1. WHO. Weekly epidemiological update on COVID-19. 2022.
2. WHO. Tracking SARS-CoV-2 variants 2022 [Available from: <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>].
3. Planas D, Staropoli I, Porot F, Guivel-Benhassine F, Handala L, Prot M, et al. Duration of BA.5 neutralization in sera and nasal swabs from SARS-CoV-2 vaccinated individuals, with or without Omicron breakthrough infection. medRxiv. 2022:2022.07.22.22277885.
4. Graham C, Lechmere T, Rehman A, Seow J, Kurshan A, Huettnner I, et al. The effect of Omicron breakthrough infection and extended BNT162b2 booster dosing on neutralization breadth against SARS-CoV-2 variants of concern. medRxiv. 2022:2022.08.04.22278160.
5. Andreano E, Paciello I, Pierleoni G, Maccari G, Antonelli G, Abbiento V, et al. mRNA vaccines and hybrid immunity use different B cell germlines to neutralize Omicron BA.4 and BA.5. bioRxiv. 2022:2022.08.04.502828.
6. Wang X, Ai J, Li X, Zhao X, Wu J, Zhang H, et al. Neutralization of Omicron BA.4/BA.5 and BA.2.75 by Booster Vaccination or BA.2 Breakthrough Infection Sera. bioRxiv. 2022:2022.08.04.502716.
7. Muik A, Lui BG, Bacher M, Wallisch A-K, Toker A, Finlayson A, et al. Omicron BA.2 breakthrough infection enhances cross-neutralization of BA.2.12.1 and BA.4/BA.5. bioRxiv. 2022:2022.08.02.502461.
8. Kislaya I, Casaca P, Borges V, Sousa C, Ferreira BI, Fernandes E, et al. SARS-CoV-2 BA.5 vaccine breakthrough risk and severity compared with BA.2: a case-case and cohort study using Electronic Health Records in Portugal. medRxiv. 2022:2022.07.25.22277996.
9. UKHSA. SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation in England, Technical Briefing 43 - 28/06/2022 2022 [Available from: [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/1086494/Technical-Briefing-43-28.06.22.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1086494/Technical-Briefing-43-28.06.22.pdf)].
10. Lewnard JA, Hong V, Tartof SY. Association of SARS-CoV-2 BA.4/BA.5 Omicron lineages with immune escape and clinical outcome. medRxiv. 2022:2022.07.31.22278258.
11. Altarawneh HN, Chemaitelly H, Ayoub HH, Hasan MR, Coyle P, Yassine HM, et al. Protection of SARS-CoV-2 natural infection against reinfection with the Omicron BA.4 or BA.5 subvariants. medRxiv. 2022:2022.07.11.22277448.
12. Takashita E, Yamayoshi S, Simon V, van Bakel H, Sordillo EM, Pekosz A, et al. Efficacy of Antibodies and Antiviral Drugs against Omicron BA.2.12.1, BA.4, and BA.5 Subvariants. N Engl J Med. 2022;387(5):468-70.
13. Touret F, Baronti C, Pastorino B, Villarreal PMS, Ninove L, Nougairède A, et al. In vitro activity of therapeutic antibodies against SARS-CoV-2 Omicron BA.1, BA.2 and BA.5. Sci Rep. 2022;12(1):12609.
14. Wang Q, Iketani S, Li Z, Guo Y, Yeh AY, Liu M, et al. Antigenic characterization of the SARS-CoV-2 Omicron subvariant BA.2.75. bioRxiv. 2022:2022.07.31.502235.
15. Gruell H, Vanshylla K, Tober-Lau P, Hillus D, Sander LE, Kurth F, et al. Neutralization sensitivity of the SARS-CoV-2 Omicron BA.2.75 sublineage. bioRxiv. 2022:2022.08.04.502609.
16. Sheward DJ, Kim C, Fischbach J, Muschiol S, Ehling RA, Björkström NK, et al. Evasion of neutralizing antibodies by Omicron sublineage BA.2.75. bioRxiv. 2022:2022.07.19.500716.
17. Cao Y, Yu Y, Song W, Jian F, Yisimayi A, Yue C, et al. Neutralizing antibody evasion and receptor binding features of SARS-CoV-2 Omicron BA.2.75. bioRxiv. 2022:2022.07.18.500332.
18. Yamasoba D, Kimura I, Kosugi Y, Uriu K, Fujita S, Ito J, et al. Neutralization sensitivity of Omicron BA.2.75 to therapeutic monoclonal antibodies. bioRxiv. 2022:2022.07.14.500041.