

	<b>Variants SARS-CoV-2</b> <i>Version 2 _ 26/03/2021</i>	<i>Rédacteurs :</i> <b>CNR Virus des infections respiratoires</b> <i>(Institut Pasteur Paris et CHU Lyon)</i>	
	CNR Virus des infections respiratoires  	IPP : Sylvie van der Werf Sylvie Behillil Vincent Enouf Louise Lefrançois	CHU Lyon : Bruno Lina Laurence Josset Grégory Destras

**Dénomination internationale et française de la surveillance des variants SARS-CoV-2 :**

- Virus of Concern = VOC (variant préoccupant)
- Variant of Interest = VOI (variant à suivre)
- Virus Under Surveillance = VUS (variant en cours d'évaluation)

**Liens utiles :**

PHE UK - Variants: distribution of cases data (MAJ 25/03/2021)

<https://www.gov.uk/government/publications/covid-19-variants-genomically-confirmed-case-numbers/variants-distribution-of-cases-data>

eCDC - Infographic: Mutation of SARS-CoV2 - current variants of concern (MAJ 08/02/2021)

<https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/covid-19-infographic-mutations-current-variants-concern>

CDC - About Variants of the Virus that Causes COVID-19 (MAJ 12/02/2021)

<https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/transmission/variant.html>

CDC - Emerging SARS-CoV-2 Variants (MAJ 28/01/2021)

<https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/more/science-and-research/scientific-brief-emerging-variants.html>

CDC - SARS-CoV-2 Variants (MAJ 24/03/2021)

<https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/variant-surveillance/variant-info.html>

PANGO lineages : <https://cov-lineages.org/index.html>

**Tableau reprenant les différents virus surveillés avec leurs dénominations, leurs caractéristiques sur la base d'un séquençage du gène S (*spicule*)  
– MAJ 25/03/2021**

Position (aa) sur S	VOC	VOC	VOC	VOI	VOI	VOI	VOI	VOI	VOI	VOI	VUS	VUS	VUS	VUS	VUS	
	20A.EU2	20I/501Y.V1 (B1.1.7)	20H/501Y.V2 (B1.351)	20J/501Y.V 3 (P.1)	19B/501Y (A.27)	20C/655Y (B.1.616)	20A/484K.V3 (B1.525)	19B/484K. (A.23.1 + 484K)	(B1.1.318)	(P.3)	452R.V1 (B.1.427/ B.1.429)	20B/484K (P.2)	19B/501T (A.28)	(B.1.526)	(N.9)	(B.1.214.2)
L5F														F		
S13I											(I)					
L18F			(F)	F	F											
T20N				N												
P26S				S												
Q52R							(R)									
H66D						D										
A67V							V									
del HV 69-70		Del					Del						Del			
D80A			A													
T95I									I					I		
R102I								I								
D138Y				Y												
G142V						V										
del Y/Y 144/145		Del				Del	Del		Del							
W152C											C					
F157L								L								
R190S				S												
ins 214 TDR																Ins
D215G			G			G										
del LAL 242-244			Del													
D253G														G		
V367F								F								
Q414K																K
K417N/T			N	T												
N450K																K
<b>L452R</b>					<b>R</b>						<b>R</b>					
S477N	N															
V483A						A										
<b>E484K</b>		<b>(K)*</b>	<b>K</b>	<b>K</b>			<b>K</b>	<b>K**</b>	<b>K</b>		<b>K</b>		<b>K***</b>	<b>K</b>		
<b>N501Y/T</b>		<b>Y</b>	<b>Y</b>	<b>Y</b>	<b>Y</b>								<b>T</b>			
A570D		D														
Q613H								H								
D614G	G	G	G	G		G	G		G		G	G		G	G	G
A653V					V											
H655Y				Y	Y	Y							Y			
G669S						S										
Q677H					(H)		H									
P681H/R		H						R	H							

Position (aa) sur S	20A.EU2	VOC 20I/501Y.V1 (B1.1.7)	VOC 20H/501Y.V2 (B1.351)	VOC 20J/501Y.V 3 (P.1)	VOI 19B/501Y (A.27)	VOI 20C/655Y (B.1.616)	VOI 20A/484K. V3 (B1.525)	VOI 19B/484K. (A.23.1 + 484K)	VOI (B1.1.318)	VOI (P.3)	VOI 452R.V1 (B.1.427/ B.1.429)	VUS 20B/484K (P.2)	VUS 19B/501T (A.28)	VUS (B.1.526)	VUS (N.9)	VUS (B.1.214.2)
A701V			V											V		
T716I		I														I
D796Y/H					Y				H							
F888L							L									
Q949R						R										
S982A		A														
T1027I				I												
D1118H		H														
V1176F				F								F				
I1183V																
N1187D						D										
G1219V					V											

Mutation (X) présente de façon inconstante >30% et <80% au sein du lignage ; certaines des mutations indiquées peuvent être ponctuellement absentes et d'autres mutations non listées peuvent être ponctuellement présentes.

Les positions notées en rouge sont les mutations majeures associées à un impact fonctionnel (transmissibilité, échappement aux anticorps neutralisants)

\* lignage B.1.1.7 avec présence de la mutation E484K (VOC)

\*\* seuls les virus A.23.1 avec la mutation E484K sont considérés comme VOI à ce stade

\*\*\* seuls les virus B.1.526 avec la mutation E484K sont considérés comme variant en cours d'évaluation

Tout virus porteur des mutations E484K ou L452R, y compris en dehors des associations de mutations indiquées doivent idéalement faire l'objet d'un séquençage NGS.

Tout virus présentant des délétions (del HV 69-70, del Y/Y 144/145, del LAL 242-244) ou des insertions (ins 214 TDR) dans des contextes différents de ceux listés ci-dessus doivent aussi faire l'objet d'un séquençage NGS