
Analyse de risque liée aux variants émergents de SARS-CoV-2 réalisée conjointement par le CNR des virus des infections respiratoires et Santé publique France

Mise à jour du 08/04/2021

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

Les sources utilisées pour cette analyse de risque sont les suivantes : données du consortium EMERGEN dont les enquêtes Flash, résultats des RT-PCR de criblage, données épidémiologiques recueillies par Santé publique France en lien avec les agences régionales de santé (ARS), base de données virologiques internationale « *Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data* » ou **GISAID**, données de la littérature scientifique, documents produits par les institutions européennes et internationales (OMS, ECDC, etc.) et **définition de variants de l'OMS du 25/02/2021**.

Cette analyse de risque aboutit au classement des variants évalués en trois catégories :

- **Variant préoccupant, ou VOC** (« *variant of concern* » en anglais) : variant pour lequel il a été démontré en comparant avec un/plusieurs virus de référence :
 - Une augmentation de la transmissibilité ou un impact défavorable sur l'épidémiologie du COVID-19, comme par exemple un échappement à l'immunité naturelle post-infection ;
 - Une augmentation de la gravité ou un changement de présentation clinique ;
 - Une diminution de l'efficacité des mesures de contrôle et de prévention mises en place (tests diagnostiques, vaccins, molécules thérapeutiques)

OU

- Classement en VOC par l'OMS

- **Variant à suivre, ou VOI** (« *variant under investigation* » ou « *variant of interest* » en anglais) : variant caractérisé par un changement phénotypique par rapport à un virus de référence ou des mutations qui conduisent à des changements en acides aminés associés à des implications phénotypiques confirmées ou suspectées **ET** :
 - Responsable d'une transmission communautaire ou multiples cas confirmés ou clusters, ou a été détecté dans de multiples pays

OU

- Classement en VOI par l'OMS

- **Variant en cours d'évaluation, ou VUM** (« *variant under monitoring* »): absence d'éléments virologiques, épidémiologiques ou cliniques probants en faveur d'un impact en santé publique en France ou à l'international, malgré la présence de mutations partagées avec un ou plusieurs variants préoccupant(s) / à suivre.

1. Classement des variants en date du 08/04/2021

Quatre variants préoccupants (VOC) sont listés à ce jour dans le classement des variants : trois VOC 20I/501Y.V1 (lignage B.1.1.7), 20H/501Y.V2 (lignage B.1.351), 20J/501Y.V3 (lignage P.1) et le variant 20I/501Y.V1 ayant acquis la mutation E484K (VOC 202102/02).

Huit variants à suivre (VOI) sont identifiés à ce jour, dont deux ont été retirés par rapport à l'analyse de risque du 25/03 (les variants A.23.1 + E484K et B.1.1.318) et deux ont été ajoutés dans le cadre de la présente analyse de risque (les variants B.1.526 +E484K ou S477N ; et P.2) (cf. Tableau 1) :

- **le variant 20C/H655Y (B.1.616)** à l'origine du cluster au CH de Lannion (Côtes d'Armor), également classé comme VOI par l'OMS¹.
- **le variant A.27 (19B/501Y)** détecté dans le cadre de clusters dans différentes régions en France
- **les variants B.1.427 et B.1.429**, qui ont émergé aux Etats-Unis à partir du même lignage et sont considérés comme VOC par les CDC américains en raison d'une transmissibilité supérieure à celle des virus de référence mais vraisemblablement inférieure à celle du variant 501Y.V1. Ils sont considérés actuellement comme VOI par l'OMS et l'ECDC. Le variant B.1.429 est détecté sporadiquement en France, contrairement au B.1.427, qui n'a été détecté qu'une fois en Ile-de-France.
- **le variant B.1.525**, détecté initialement au Nigéria et aux Etats-Unis, et porteur de la mutation E484K et de deux délétions dans la protéine Spike retrouvées chez le variant 501Y.V1. Il a été détecté sporadiquement en France (Auvergne-Rhône-Alpes, Centre-Val-de-Loire, Grand-Est, Hauts-de-France, Ile-France, Normandie, Nouvelle-Aquitaine, Pays-de-la-Loire).
- **le variant B.1.526 + E484K ou S477N**, a été détecté initialement aux Etats-Unis. La mutation E484K est présente chez 74% des virus de ce lignage et la mutation S477N chez 8,6% d'entre eux. Il a été détecté principalement aux Etats-Unis, et de façon sporadique en Australie, Croatie, Équateur, Allemagne, Irlande, Corée du Sud, Espagne, au Canada, Chili, Royaume-Uni, Portugal, à Singapour et aux Pays-Bas. Deux cas de ce variant avec la mutation S477N ont été détectés en France (Auvergne-Rhône-Alpes) à ce jour.
- **le variant P.2**, qui a émergé du Brésil dès avril 2020 et porteur notamment de la mutation E484K. Il a été depuis détecté principalement au Brésil et aux Etats-Unis, et de façon sporadique en Argentine, Australie, Belgique, Canada, Croatie, République tchèque, Allemagne, Inde, Irlande, Italie, Malaisie, Nouvelle-Zélande, Norvège, Espagne, Suède, Suisse, Chili, Danemark, Royaume-Uni, Japon, Luxembourg, Mexique, Portugal, à Singapour et aux Pays-Bas. A ce jour, 22 cas ont été détectés en France métropolitaine, ainsi que 72 cas en Guyane. Introduit dans cette région frontalière du Brésil dès la fin-décembre 2020, ce variant a diffusé progressivement dans la population pour devenir prédominant parmi l'ensemble des prélèvements séquencés fin février (13/18 prélèvements pour les semaines 07 et 08-2021). Toutefois, la détection de ce variant diminue depuis le mois de mars (1/18 prélèvements en semaine 12), parallèlement à la progression de la part du VOC 20J/501Y.V3.
- **le variant P.3**, porteur notamment de la mutation E484K, de la mutation N501Y, d'une substitution en position 681, ainsi que de délétions dans la protéine Spike. Le variant P.3 aurait émergé aux Philippines et a été depuis détecté en Norvège, Allemagne, Royaume-Uni, Japon, Australie, Nouvelle-Zélande à ce stade, mais il n'a pas été détecté en France à ce jour.

¹ OMS, [Weekly epidemiological update 30/03/2021](#)

Les variants B.1.1.318 et A.23.1+E484K ont été retirés de la liste des variants à suivre (VOI) lors de la présente analyse de risque, en raison de l'absence de signaux inquiétants en faveur d'une diffusion importante de ces deux variants à l'échelle internationale, ni d'un impact démontré en santé publique. Une surveillance de ces variants est toutefois maintenue par le CNR et Santé publique France. Le variant B.1.1.318 a été détecté chez 5 cas en France (2 en Ile-de-France et 3 en Pays-de-la-Loire), et aucun cas du variant A.23.1+ E484K n'a été détecté à ce jour sur le territoire national.

Enfin, cinq variants figurent actuellement dans la liste des **variants en cours d'évaluation** (VUM), dont deux (B.1.526.1 et B.1.617) ont été ajoutés lors de la présente analyse de risque :

- **le variant B.1.214.2** qui a été récemment décrit en Belgique, où il semblerait diffuser progressivement dans la population malgré une prévalence minoritaire par rapport aux autres souches virales du SARS-CoV-2, notamment bien inférieure à celle du VOC 20I/501Y.V1 qui est désormais majoritaire en Belgique. Il aurait été détecté initialement en Suisse, puis au Royaume-Uni à partir de novembre 2020. Il se caractérise par une insertion de 3 acides aminés et 4 mutations au niveau du gène de la protéine Spike, et plusieurs mutations et délétions dans les gènes codant pour d'autres protéines, retrouvées chez les VOC et certains VOI (notamment les mutations N D3L et N T2051, ainsi que la délétion 3675-3677 dans le gène ORF1ab retrouvée chez les 4 VOC). Plusieurs de ces mutations sont susceptibles d'altérer l'affinité pour le récepteur avec un impact potentiel sur la transmission et sur l'efficacité de la neutralisation par les anticorps post-infection ou post vaccinaux, voire certains anticorps monoclonaux. A noter toutefois que ces éléments sont très préliminaires et basés essentiellement sur des données *in vitro* et *in silico*, et que des informations complémentaires manquent pour caractériser son impact en santé publique. 46 détections (dont 6 depuis la dernière analyse de risque) de ce variant en France sont rapportées dans la base de données virologiques internationale GISAID, dans les régions Ile-de-France (26), Bretagne (9), Auvergne-Rhône-Alpes (4), Pays de la Loire (4), Hauts-de-France (2) et Grand-Est (1). A noter que l'information sur la provenance du patient n'est pas systématiquement présente dans GISAID, et que de fait il est possible que des cas d'infection par ce variant aient été détectés dans d'autres régions. En ce qui concerne la part importante des cas détectés en Bretagne, il est possible que la surreprésentation des échantillons séquencés en provenance de Bretagne lors de l'enquête Flash #5 soit à l'origine du nombre plus élevé de cas en Bretagne par rapport aux autres régions. Au niveau international, 577 détections sont rapportées dans GISAID, dont 559 en Europe, essentiellement en Belgique mais aussi en Allemagne, France, Irlande, Pays-Bas, Portugal, Royaume-Uni et Suisse.
- **le variant A.28 (19B/501T)**, qui présente 9 changements d'acides aminés, dont la délétion en position 69-70 de la protéine Spike, la mutation N501T (pas Y) et H655Y. Au niveau international, 160 détections sont rapportées dans GISAID, dont 83 en France. Les autres détections se trouvent en Égypte, Jordanie, Belgique, Allemagne, Italie, Espagne, Suisse, Turquie, Luxembourg, à Oman et aux Émirats Arabes Unis. Ce variant n'a été détecté que dans un seul prélèvement séquencé dans le cadre de l'enquête Flash #4 (02/03) et il n'a pas été détecté lors de Flash #5 (16/03). En semaine 13, il n'a été détecté qu'une seule fois sur plus de 2700 séquences interprétables dans le cadre de la surveillance génomique nationale (consortium EMERGEN). Il n'y a donc aucun signal en faveur d'une diffusion communautaire significative de ce variant en France à ce jour.
- **le variant N.9**, qui aurait émergé au Brésil et est porteur de la mutation E484K ainsi que de plusieurs délétions dans la protéine Spike. Il n'a pas été détecté en France à ce jour.

- **le variant B.1.526.1**, qui est un sous-lignage du VOI B.1.526 (qui présente notamment les mutations dans la protéine Spike T95I et D253G) qui possède plusieurs autres mutations uniques, dont la mutation L452R et la délétion en position 144. La mutation L452R est retrouvée notamment chez les VOI B.1.427, B.1.429 et A.27. Elle serait associée à une baisse de la neutralisation par certains anticorps monoclonaux et une augmentation de l'infectivité. La délétion 144 peut avoir un rôle d'échappement immunitaire. Ce variant est principalement détecté aux Etats-Unis, avec des cas sporadiques aux Pays-Bas, en Australie, Belgique, Lituanie, Nouvelle-Zélande, Suisse, Turquie, au Royaume-Uni, Portugal, et à Singapour. Ce variant a été détecté dans un foyer de cas intrafamilial en France, en Guadeloupe.
- **le variant B.1.617** : ce variant a été détecté pour la première fois en Inde et est porteur des mutations E484Q et L452R. La mutation E484Q pourrait être associée, tout comme la substitution E484K retrouvée chez les variants préoccupants 20H/501Y.V2, 20J/501Y.V3 et B.1.1.7 + E484K, à un impact significatif en termes d'échappement immunitaire (post-infection et post-vaccinal), bien que cela ne soit pas encore formellement démontré à ce stade. Selon le ministère de la santé Indien, ce variant représentait, courant mars 2021, 15-20% des échantillons séquencés dans l'Etat de Maharastra². Sa détection en Inde coïncide avec une situation épidémiologique très défavorable, caractérisée par une forte augmentation du taux d'incidence des cas confirmés de COVID-19 en semaine 12 (29 cas/100 000 hab. soit +253% par rapport à la semaine 10). Toutefois, il est vraisemblable que cette dégradation de la situation sanitaire soit au moins en grande partie due aux nombreux grands rassemblements qui ont eu lieu récemment partout dans le pays et à une faible adoption des mesures de prévention par la population générale. A ce stade, bien que ce variant soit classé VOC et suivi de près par les autorités sanitaires indiennes, aucun lien n'est établi entre l'émergence de ce variant et la dégradation récente de la situation épidémiologique. Ce variant a été détecté sporadiquement en Angleterre, Allemagne, au Canada et à Singapour. Deux cas ont été détectés en Guadeloupe.

² Sources : <https://pib.gov.in/PressReleaseIframePage.aspx?PRID=1707177> ; Promed du 07/04/2021, update 126

Tableau 1 : Classement des variants au 08/04/2021

Date de l'analyse	Variants préoccupants (VOC)	Variants à suivre (VOI)	Variants en cours d'évaluation (VUM)
Analyse réalisée le 07/04/2021	20I/501Y.V1 (B.1.1.7) Prévalence nationale 82,6% (Flash #5)	A.27 (19B/501Y) Prévalence nationale 0,2% (Flash #5)	A.28 (19B/501T) Clusters + cas sporadiques
	20H/501Y.V2 (B.1.351) Prévalence nationale 6,1% (Flash #5)	B.1.616 (20C/H655Y) Clusters	B.1.526.1 Un foyer de 3 cas aux Antilles françaises
Enquête Flash #5 du 16/03/2021	20J/501Y.V3 (P.1) Prévalence nationale 0,5% (Flash #5)	B.1.525 (20A/484K) Cas sporadiques	B.1.214.2 Cas sporadiques
	VOC 202102/02 (B.1.1.7 + E484K) 9 cas détectés	P.2 Cas sporadiques	N.9 (B.1.1.33) Non détecté en France
		P.3 Non détecté en France	B.1.617 Deux cas détectés aux Antilles françaises
		B.1.427 1 cas détecté en France	
		B.1.429 Cas sporadiques	
		B.1.526 (+ S477N ou E484K) 2 cas détectés en France avec S477N	

2. Connaissances disponibles sur l'impact des variants préoccupants (VOC)

Les informations disponibles à ce jour sur l'impact en santé publique des trois VOC 20I/501Y.V1 (lignée B.1.1.7), 20H/501Y.V2 (lignée B.1.351) et 20J/501Y.V3 (lignée P.1) sont résumées dans le tableau 2. Le VOC 20I/501Y.V1 est désormais nettement majoritaire, avec plus de 80% de prévalence au niveau national (Enquête Flash #5 réalisée le 16/03). L'apparente stabilité de la diffusion nationale du VOC 20H/501Y.V2, dont la prévalence était estimée à 6% dans l'enquête Flash #5 et la prévalence inférieure à 1% du VOC 20J/501Y.V3 sont en faveur d'un avantage compétitif significatif du VOC 501Y.V1 par rapport aux deux autres VOC et aux autres variants actuellement présents sur le territoire national, bien que cela reste à caractériser de façon plus précise.

Le 4^e VOC identifié en Grande-Bretagne suite à l'acquisition par le VOC 20I/501Y.V1 (lignée B.1.1.7) de la mutation E484K a été détecté chez une trentaine de cas en Angleterre, sans signal en faveur d'une diffusion significative au Royaume-Uni ou ailleurs dans le monde. Neuf cas d'infection par ce variant ont été détectés en France à ce jour : 5 cas en Ile-de-France, 2 cas dans les Hauts-de-France, 1 cas en région Provence Alpes Côte d'Azur et 1 cas en région Centre Val de Loire. Un voyage à l'international récent n'a été rapporté pour aucun de ces cas. Si la détection de ce VOC en France reste sporadique à ce stade, il est à noter qu'elle augmente depuis mi-mars : 6 cas sur 9 ont été diagnostiqués après le 15/03. L'origine de la contamination reste inconnue pour ces cas sporadiques. Plusieurs cas étaient associés à des clusters intrafamiliaux avec des transmissions secondaires décrites en l'absence de suivi des gestes barrières. Selon les informations disponibles à ce jour, le risque de diffusion communautaire au-delà des foyers familiaux identifiés semble limité. La progression de la diffusion de ce VOC sur le territoire national est suivie de près par le CNR et Santé publique France.

Tableau 2 : Description des caractéristiques principales des VOC et VOI, sur la base des connaissances disponibles au 08/04/2021³

Nom (nomenclature Nextstrain)	Lignage PANGO	Mutations clés	Première détection	Impact en santé publique
VOC = variants préoccupants				
20I/501Y.V1	B.1.1.7	Δ69-70 Δ144/145Y N501Y A570D P681H	Royaume-Uni Septembre 2020	Augmentation de la transmissibilité : 36-75% Augmentation du taux d'attaque secondaire : 10-13% Augmentation probable du risque d'hospitalisation (40-64%) et de décès (30-70%) Pas d'impact significatif sur l'échappement immunitaire post-infection ou post-vaccinal Discordance cible S avec le kit RT-PCR Thermofisher Eléments préliminaires en faveur d'une charge virale plus élevée et d'une détection prolongée dans les voies respiratoires supérieures Impact potentiel sur la durée de contagiosité inconnu à ce jour
20H/501.V2	B.1.351	L18F K417N E484K N501Y	Afrique du Sud Août 2020	Augmentation de la transmissibilité : environ 50% Augmentation probable du risque de la mortalité hospitalière : 20% Impact significatif sur l'échappement immunitaire post-infection et post-vaccinal Possible augmentation de la charge virale
20J/501Y.V3	P.1	L18F K417N E484K N501Y H655Y	Brésil Décembre 2020	Eléments préliminaires en faveur d'une augmentation de la transmissibilité : 40-120% Pas d'impact décrit sur la sévérité de l'infection Impact sur l'échappement immunitaire post-infection et post-vaccinal
VOC 202102/02	B.1.1.7	Δ69-70 Δ144/145Y E484K N501Y A570D P681H H655Y	Royaume-Uni Janvier 2021	Aucune donnée épidémiologique, virologique ou clinique spécifique à ce variant Caractéristiques probablement proches de celles du variant 20I/501Y.V1, dont il est issu Discordance cible S avec le kit RT-PCR Thermofisher
VOI = variants à suivre				
19B/501Y	A.27	L18F L452R N501Y H655Y	Danemark, Mayotte Décembre 2020	Impact en santé publique en cours d'évaluation Détections dans le cadre de clusters et cas sporadiques en France ; probable diffusion communautaire en Dordogne et en Ile-de-France
20C/H655Y	B.1.616	H66D Δ144/145Y D215G V483A H655Y G669S Q949R N1187D	France (Bretagne) Janvier 2021	Impact en santé publique en cours d'évaluation Détection dans le cadre de clusters principalement en milieu de soins Détection virale dans les voies respiratoires supérieures potentiellement altérée par rapport aux autres souches virales du SARS-CoV-2, dont la cause physiologique n'est pas connue à ce jour
20C/S452R	B.1.427 / B.1.429	S13I W152C L452R	Etats-Unis (Californie) Mai 2020	Augmentation de la transmissibilité (environ 20%) Impact potentiel sur l'échappement immunitaire post-infection et post-vaccinal Détections sporadiques en France
20A/484K	B.1.525	Q52R A67V Δ69-70 Δ144/145Y E484K Q677H F888L	Etats-Unis, Nigéria Décembre 2020	Aucun impact en santé publique démontré à ce jour Détections sporadiques en France
20C/484K ou 20C/S477N	B.1.526 + E484K ou S477N	L5F T95I D253G E484K ou S477N A701V	Etats-Unis (New-York) Novembre 2020	Aucun impact en santé publique démontré à ce jour Détections sporadiques en France
20B/484K	P.2	E484K V1176F	Brésil Avril 2020	Aucun impact en santé publique démontré à ce jour Détections sporadiques en France métropolitaine, plus de 70 cas détectés en Guyane
20B/501Y	P.3	Δ141-143 Δ243-244 E484K N501Y P681H E1092K H1101Y V1176F	Philippines Janvier 2021	Aucun impact en santé publique démontré à ce jour Non détecté en France

³ Sources principales d'information : OMS, [Weekly epidemiological update 30/03/2021](#) ; US CDC, [Variants of concern](#) .

3. Connaissances disponibles sur les variants à suivre 19B/501Y et 20C/H655Y (B.1.616)

Le VOI 19B/501Y (lignage A.27) est globalement détecté de façon peu fréquente en France depuis janvier 2021. Il semblerait que la fréquence de détection de ce variant diminue actuellement : il représentait 1,8% des séquences interprétables lors de l'enquête Flash #4 *versus* 0,2 % lors de l'enquête Flash #5 (16/03/2021). En semaine 13, seules 6 détections de ce variant ont été rapportées par les 4 plateformes de séquençage nationales (consortium EMERGEN). La plupart des clusters en lien avec ce variant détectés en France seraient clôturés à ce jour. Néanmoins, plusieurs points d'attention sont à noter et justifient de poursuivre la surveillance renforcée de ce variant. Tout d'abord, il a été détecté lors de plusieurs clusters, à priori tous clôturés, touchant des établissements scolaires, de soins (dont centres hospitaliers, SSR et Ehpad) ou militaires, avec pour certains un nombre de cas de COVID-19 élevé (plus d'une soixantaine), notamment en Ile-de-France (2 clusters hospitaliers et 8 clusters intra-familiaux), Pays de la Loire (3 clusters), Bretagne (1 cluster dans le Morbihan) et Nouvelle-Aquitaine (6 clusters en Dordogne). Une transmission communautaire de ce variant est suspectée en Dordogne et en Ile-de-France, et des investigations complémentaires sont actuellement menées par les ARS concernées, en lien avec SpF et le CNR, pour caractériser ce signal. Par ailleurs, trois cas considérés comme des réinfections probables ont été recensés⁴ avec confirmation de l'infection par ce variant lors du second épisode, sans que l'on puisse à ce jour estimer la fréquence des réinfections par ce variant, ni la comparer avec celle des autres souches virales circulant en France. Les données manquent encore à ce stade sur les caractéristiques cliniques de l'infection par ce variant, mais nous n'avons pas détecté de signal en faveur d'un impact significatif sur sa transmissibilité ou d'une sévérité accrue de l'infection causée par ce variant par rapport aux souches virales de référence ou aux variants préoccupants.

Le VOI 20C/H655Y (lignage B.1.616) détecté initialement à Lannion, en Bretagne, a été classé comme variant à suivre le 14/03/2021. Parmi les mutations et délétions portées par ce VOI, plusieurs sont retrouvées chez un ou plusieurs VOC et VOI, et pourraient entraîner une augmentation de la transmissibilité (H655Y notamment), un échappement immunitaire post-vaccinal ou post-infection ou encore une moindre efficacité de traitements par anticorps monoclonaux (délétion Y144-, mutations D215G et V483A). Toutefois, selon les analyses préliminaires réalisées au CNR à partir de sérums de sujets vaccinés, de sujets infectés, ou d'anticorps monoclonaux, les données disponibles à ce stade ne montrent pas d'échappement majeur du variant 20C/655Y à la neutralisation.

Au 07/04, 25 cas confirmés d'infection par le variant 20C/655Y ont été rapportés en France, dont 22 en Bretagne et 3 dans d'autres régions chez des personnes ayant un lien avec la zone de circulation du virus en Bretagne (actuellement constituée par plusieurs communautés d'agglomération autour de Lannion, Guingamp, Saint-Brieuc, Paimpol). Les cas sont principalement survenus chez des patients âgés et ayant des comorbidités. Douze décès ont été rapportés, majoritairement chez des personnes âgées ou avec des comorbidités. La majorité des cas confirmés sont reliés à des chaînes de transmission dans des établissements de santé dans cette zone. Deux cas ont également été rapportés en lien avec une chaîne de transmission en communauté mais à ce jour ce variant ne semble pas diffuser dans la population. Toutefois, compte-tenu des difficultés liées au diagnostic à partir des prélèvements naso-pharyngés, il est possible que des cas communautaires n'aient pas été identifiés. Les cas confirmés liés à des clusters hospitaliers pour lesquels des prélèvements profonds sont réalisés ne seraient alors qu'une fraction des cas. Parmi les cas pour lesquels l'historique de diagnostic est documenté, le virus a été identifié dans les prélèvements profonds chez 16 cas (parmi lesquels 12 (75%) avaient préalablement présenté un test RT-PCR négatif sur prélèvements naso-pharyngés) et dans des prélèvements naso-pharyngés chez 6 cas.

⁴ Deux de ces trois cas probables de réinfection ont été décrits par [Fourati *et al.*, 2021, Emerging Infectious Diseases](#)

A ce stade, ce VOI se caractérise surtout par une détection dans les voies respiratoires supérieures plus difficile que pour les autres souches virales de SARS-CoV-2 circulant actuellement en France. L'origine de ce phénomène n'est pas encore connue de façon certaine, plusieurs hypothèses étant actuellement investiguées, dont une excrétion virale plus courte et/ou plus faible dans le nasopharynx, ou un tropisme accru de ce variant pour l'appareil respiratoire inférieur. La difficulté à détecter les cas d'infection par ce variant dans les prélèvements naso-pharyngés pourrait avoir pour conséquence une diminution de l'efficacité des mesures de contrôle actuelles de la transmission du SARS-CoV-2, basées sur l'isolement des malades ayant un test diagnostique positif et le contact-tracing. En outre, la survenue de plusieurs clusters montre le potentiel de transmission de ce variant. Ces deux éléments incitent donc maintenir la vigilance vis-à-vis de ce VOI. Des investigations épidémiologiques sont toujours en cours afin de décrire les caractéristiques de sévérité et de transmission.

4. Conclusion

Les connaissances disponibles sur les variants émergents du SARS-CoV2 évoluent rapidement, avec une augmentation rapide de la notification par différents pays de nouveaux variants. Par conséquent, cette analyse de risque conjointe CNR/SpF liée aux variants du SARS-CoV-2 est mise à jour régulièrement, sur la base de l'analyse des nouvelles données disponibles au niveau national et international.

Le tableau 1 est par ailleurs disponible sur une [page dédiée aux variants du site internet de Santé publique France](#).