

	<b>Variants SARS-CoV-2</b> <i>Version 7_ 19/07/2021</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 Monitoring = VUM (variant en cours d'évaluation)

**Liens :**

SpF: Coronavirus : circulation des variants du SARS-CoV-2 <https://www.santepubliquefrance.fr/dossiers/coronavirus-covid-19/coronavirus-circulation-des-variants-du-sars-cov-2>

OMS: COVID-19 Weekly Epidemiological Update <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situation-reports>

PHE UK - Variants: distribution of cases data

<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

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

CDC - Emerging SARS-CoV-2 Variants <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/more/science-and-research/scientific-brief-emerging-variants.html>

CDC - SARS-CoV-2 Variants <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 19/07/2021

▲ *Le classement et la nomenclature ont été modifiés en lien avec SpF et selon les évolutions de la nomenclature OMS et Nextstrain.*

Nomenclature OMS	VOC Alpha	VOC Beta	VOC Gamma	VOC Delta	VOI Eta	VOI Kappa	VOI Lambda	VOI Iota	VOI Epsilon	VOI Zeta	VUM Eta	VUM Theta	VUM Iota	VUM Kappa	VUM Lambda	VUM Mu	VUM Nu	VUM Xi	VUM Omicron	
Position (aa) sur S	20A.EU2	20I (V1, B.1.1.7)	20I/484K (B.1.1.7 + 484K)	20H (V2, B.1.351/ B.1.351.2/ B.1.351.3)	20J (V3, P.1 /P.1.1/ P.1.2)	21A (B.1.617.2/ AY.1/AY.2)	21D (B.1.525)	21B (B.1.617.1)	20B (B.1.1.318)	20D (C.36.3)	20I/484Q (B.1.1.7 + 484Q)	21G (C.37)	21F (B.1.526)	20A (B.1.214.2)	20A (B.1.619)	20A (B.1.620)	21C (B.1.427/ B.1.429)	20B (P.2)	21H (B.1.621)	20I/452R (B.1.1.7 + 452R)
L5F													F							
S12F										F										
S13I																	I			
L18F				(F)*	F															
T19R						R														
T20N					N															
P26S					S											S				
Q52R							R													
H66D																				
A67V				(V)*			V													
del HV 69-70	Del	Del				Del			Del	Del						Del				Del
V70F						(F) <sup>s</sup>														
G75V											V									
T76I											I									
D80A/G				A																
T95I						(I) <sup>s</sup>		(I)	I				I						I	
V126A																A				
D138Y					Y															
G142V/D					(D)		(D)													
del Y/Y144/145	Del	Del				Del		Del		Del						Del				Del
Y144S																			S	
Y145N																			N	
W152C/R										R								C		
E154K							(K)													
del FR 157-158					Del															
R190S				S																
I210T																T				
R214L														Ins214TD						
D215G				G										R						
A222V					(V) <sup>s</sup>															
del LAL241-243				Del LAL 241-243												Del LAL 241-243				
H245Y																Y				
del247-253										Del										
D253G/N										N	G									
W258L					(L) <sup>s</sup>															
R346S/K										S										K
Q414K																K				
<b>K417N/T</b>				<b>N</b>	<b>T</b>	<b>(N)<sup>s</sup></b>														

Nomenclature OMS	VOC	VOC	VOC	VOC	VOC	VOI	VOI	VOI	VOI	VOI	VOI	VUM	VUM	VUM	VUM	VUM	VUM	VUM	VUM	
	Alpha	Beta	Gamma	Delta	Eta	Kappa	Lambda	Iota	Epsilon	Zeta										
Position (aa) sur S	20A.EU2	20I (V1, B.1.1.7)	20I/484K (B.1.1.7 + 484K)	20H (V2, B.1.351/ B.1.351.2/ B.1.351.3)	20J (V3, P.1 /P. 1.1/ P.1.2)	21A (B.1.617.2/ AY.1/AY.2)	21D (B.1.525)	21B (B.1.617.1)	20B (B.1.1.318)	20D (C.36.3)	20I/484Q (B.1.1.7 + 484Q)	21G (C.37)	21F (B.1.526)	20A (B.1.214.2)	20A (B.1.619)	20A (B.1.620)	21C (B.1.427/ B.1.429)	20B (P.2)	21H (B.1.621)	20I/452R (B.1.1.7 + 452R)
N440K															K					
N450K														K						
L452R						R		R		R		Q					R			R
S477N	N															N				
T478K					K															
V483A																				
E484K/Q			K	K*	K		K	Q	K		Q		K*		K	K		K	K	
F490S												S								
N501Y/T		Y	Y	Y*	Y						Y								Y	Y
A570D		D	D								D									D
D614G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G
H655Y					Y															
G669S																				
Q677H							H			H										
P681H/R		H	H			R		R	H		H					H			H	H
A701V				V									(V)							
T716I		I	I								I			I						I
D796Y/H									H											
T859N												N								
F888L							L													
A899S										S										
D936N															N					
S939F															F					
Q949R																				
D950H/N						N													N	
S982A		A	A								A									A
T1027I					I										I	I				
Q1071H								H												
D1118H		H	H								H				H					H
V1176F					F													F		
N1187D																				

Mutation (X) présente de façon inconstante >30% et <75% 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).

\* L18F inconstant pour B.1.351; A67V absent pour B.1.351, B.1.351.2 et inconstant pour B.1.351.3

§ V70F absent pour B.617.2 et AY.1 ; T95I absent pour AY.2, inconstant pour B.617.2 et AY.1 ; A222V absent pour B.617.2 et AY.1 ; W258L absent pour B.617.2 et AY.2 ; K417N absent pour B.617.2.

Tout virus porteur des mutations E484K, E484Q ou L452R, y compris en dehors des associations de mutations indiquées doivent faire l'objet d'un séquençage NGS.

Tout virus présentant des délétions telles que del HV 69-70, del Y/Y 144/145, del FR 157-158, del LAL 241-243 ou insertions telle que ins 214TDR dans des contextes différents de ceux listés ci-dessus doivent faire l'objet d'un séquençage NGS.