



Note de recherche scientifique CS-2021-DR-015

Omicron : l'évolution génétique du SARS-Coronavirus-2 et ses conséquences

Résumé

- Le génome des virus change constamment lorsqu'ils se reproduisent. Certains changements disparaissent, mais tout changement qui apporte un bénéfice pour le virus peut persister.
- Plus le virus circule dans une population, plus le risque d'apparition de nouveaux variants est grand.
- Un variant présentant des changements génétiques représente un risque accru pour la santé publique si ces changements augmentent sa transmissibilité, sa pathogénicité ou sa capacité d'échapper à la réponse immunitaire.
- **Variant Omicron**
 - Changements génétiques : De multiples mutations au niveau de la protéine spike, ainsi qu'au niveau d'autres protéines ont été identifiées.
 - Transmissibilité : Il n'y a pas suffisamment de données pour déterminer si Omicron est plus ou moins transmissible.
 - Sévérité : Il n'y a pas suffisamment de données pour déterminer si Omicron provoque une maladie plus grave.
 - Risque de réinfection : Il est probable qu'il y ait un risque accru de réinfection avec Omicron.
 - Effectivité vaccinale : Deux doses de vaccin mRNA protègent très probablement de manière moins efficace contre une infection avec Omicron. Les doses booster augmentent le niveau d'anticorps et diminuent probablement le risque de développer une forme grave de la COVID-19.
 - Efficacité des traitements : La plupart des médicaments utilisés pour le traitement de cas COVID-19 sévères restent efficaces.
 - Efficacité des moyens de détection : Les tests PCR peuvent détecter le variant Omicron. Il en est probablement de même pour les tests rapides antigéniques.
- De nombreuses études sont en cours afin de pouvoir estimer de manière plus fiable l'importance de la variante Omicron sur l'évolution de la pandémie dans les semaines à venir.

Dans sa fonction de service de recherche et d'expertise, la Cellule scientifique établit des documents de recherche destinés à l'usage parlementaire. Ces documents sont protégés par le droit d'auteur. Toutes les données à caractère personnel ou professionnel sont collectées et traitées conformément aux dispositions du Règlement n°2016/679 du 27 avril 2016 (RGPD). Les informations contenues dans ces documents sont estimées exactes et ont été obtenues à partir de sources considérées fiables. Le caractère exhaustif des données et informations ne pourra être exigé. L'utilisation d'extraits n'est autorisée que si la source est indiquée.

Émergence du variant Omicron

Le 26 novembre 2021, l'OMS a désigné le variant B.1.1.529 comme variant préoccupant, nommé Omicron.¹ Même si les premiers échantillons contenant le variant ont été collectés en Afrique du Sud, il n'est pas certain que la variante soit d'abord apparue en Afrique du Sud. Depuis son apparition, le virus a été identifié dans 51 pays (Figure 1. Propagation mondiale d'Omicron). Des cas ont été signalés chez des personnes sans connexion avec l'Afrique du Sud.² Un premier cas a été identifié au Luxembourg le 13 décembre 2021.

Il est trop tôt pour prédire avec certitude les effets de changements dans le génome du virus sur la transmissibilité, la sévérité et l'effectivité vaccinale.

Même pour les autres variants préoccupants, ces effets restent en partie controversés (Tableau 1). La prise en compte des données démographiques, socioéconomiques et sanitaires, ainsi que des comorbidités (maladies et/ou divers troubles aigus ou chroniques s'ajoutant à la COVID-19 et associés à un risque plus élevé de forme grave de COVID-19) est important comme ces facteurs affectent les propriétés et la circulation d'un variant.³



Figure 1. Propagation mondiale d'Omicron². Couleur en fonction de la mise à jour, le rouge étant le plus récent.

Le variant contient un nombre inhabituellement élevé de mutations et de délétions (~50).^{4,5} Certaines de ces mutations avaient déjà été observées dans d'autres variants du SARS-coronavirus-2⁶, tandis que d'autres sont nouvelles. La majorité des mutations concernent la protéine S (spike). La protéine S est la cible principale des anticorps neutralisants et permet au virus de se fixer à un récepteur membranaire présent à la surface des cellules cibles dans l'hôte.

Les variants du SARS-coronavirus-2 sont caractérisés surtout par des changements génétiques localisés dans la protéine S (spike). Toute mutation génétique de la protéine S peut potentiellement affecter l'efficacité des vaccins. Cependant, des changements d'autres protéines virales peuvent également avoir des effets sur la sévérité et la transmissibilité, etc.

Propriétés du variant Omicron

Il n'est pas encore clair si Omicron est plus transmissible par rapport à d'autres variants, y compris Delta. Des études épidémiologiques sont en cours pour comprendre quels facteurs expliquent le grand nombre de personnes testées positives pour ce variant en Afrique du Sud, en Grande-Bretagne et au Danemark (e. a. facteurs climatiques, taux élevé d'infections antérieures, courte période d'incubation, plus grande infectiosité). Omicron peut sembler plus transmissible, parce qu'il est plus susceptible de (ré)infecter les personnes qui ont acquis une immunité par le biais d'une infection et/ou d'une vaccination antérieures (voir ci-dessous).

Il n'est pas encore clair si Omicron est moins propice à un développement sévère en symptômes que d'autres variants, y compris Delta. Les rapports préliminaires provenant de l'Afrique du Sud⁷ indiquant un développement bénin de la maladie suite à une infection à Omicron pourraient très bien refléter le fait que le pays a une population relativement jeune, dont beaucoup de personnes ont déjà été exposées au SARS-coronavirus-2. Il faut aussi savoir qu'il existe un décalage de temps entre une infection et le développement de symptômes pouvant conduire à une hospitalisation.

Des preuves préliminaires suggèrent qu'il puisse y avoir un risque accru de réinfection avec Omicron.^{8,9}

Il est très probable qu'Omicron ait la capacité d'échapper à l'immunité conférée par la vaccination ou une infection antérieure.⁹⁻¹⁵ Il est probable que deux doses d'un vaccin mRNA protègent contre une maladie grave causée par Omicron, mais pas contre une infection.¹⁶ Les doses booster augmentent les niveaux d'anticorps neutralisants et diminuent probablement le risque de développer une forme grave de COVID-19.^{13,16,17} De plus, elles diminuent sans aucun doute le risque d'infection au Delta,

Transmissibilité :

La facilité de circulation du virus parmi les personnes et les communautés. Plusieurs facteurs affectent la transmissibilité : la capacité du virus à se propager d'une personne à une autre, la susceptibilité de la population exposée, les facteurs démographiques et climatiques, etc.

Sévérité :

La gravité de l'infection ou l'ampleur de la maladie chez les personnes infectées. Ce terme décrit la fréquence des symptômes cliniques, les complications et l'issue de l'infection. Elle dépend du virus et de l'hôte (e. a. présence de comorbidités, vaccinations antérieures et âge)

Effectivité vaccinale :

Mesure de l'efficacité du vaccin dans les conditions réelles de son utilisation en routine, prenant en compte la perte de protection avec le temps, la réponse immunitaire moindre chez certaines populations, des erreurs d'utilisation etc.

qui reste pour l'instant le variant dominant au niveau mondial.¹⁸ Des boosters adaptés aux variants sont en cours de développement, mais seront probablement disponibles que dans quelques mois au plus tôt.¹⁶

Note de recherche scientifique CS-2021-DR-015

Alors qu'il est probable que les médicaments antiviraux soient efficaces contre Omicron⁵, les traitements par anticorps monoclonaux utilisés aujourd'hui sont probablement inefficaces chez les patients infectés par le variant Omicron.¹¹ Ce traitement consiste à injecter des anticorps produits en laboratoire et qui peuvent neutraliser le virus de manière spécifique. Les anticorps peuvent cependant être adaptés au nouveau variant.

Les tests PCR et les tests de détection rapide des antigènes couramment utilisés détectent l'infection par le variant Omicron (e. a.¹⁹). Pour réduire les coûts et économiser de l'argent, les laboratoires identifient ce variant par simple PCR et sans séquençage.^{5,20}

Évolution virale

Tous les virus évoluent, mais seuls les changements génétiques neutres ou bénéfiques pour le virus persistent. L'évolution des virus est rapide en raison de leur courte durée de réplication et de la grande quantité de virus libérés lors de la réplication. Même si SARS-coronavirus-2 possède un mécanisme de relecture, des erreurs de transcription du génome peuvent survenir lors de la réplication. Ces erreurs sont particulièrement fréquentes chez les virus qui, comme le SARS-coronavirus-2, ont de l'ARN plutôt que de l'ADN comme matériel génétique. Ces changements de l'information génétique sont nommés « mutations ». Les mutations délétères pour le virus ne persistent pas. Les mutations sont neutres lorsqu'elles n'entraînent pas de modifications au niveau de la chaîne d'acides aminés d'une protéine. Si la mutation représente un avantage évolutif pour le virus, le mutant peut progressivement prendre le dessus sur le virus d'origine (Figure 2).

Une mutation bénéfique pour le virus peut lui permettre par exemple, de passer des animaux aux humains ou d'améliorer sa capacité à pénétrer dans une cellule.^{48,49}

ARN et ADN d'un virus :

Le génome est l'ensemble du matériel génétique du virus codé dans son ADN ou ARN. Ces acides nucléiques présentent des différences au niveau de leur formule chimique et structure.

Réplication :

La réplication, ou encore multiplication virale, se déroule dans la cellule infectée par le virus et a pour effet de produire de nouvelles unités de ce virus.

Mutation :

Une mutation est un seul changement dans le génome d'un virus. Les mutations se produisent fréquemment et aléatoirement, mais ne modifient pas forcément les caractéristiques du virus.

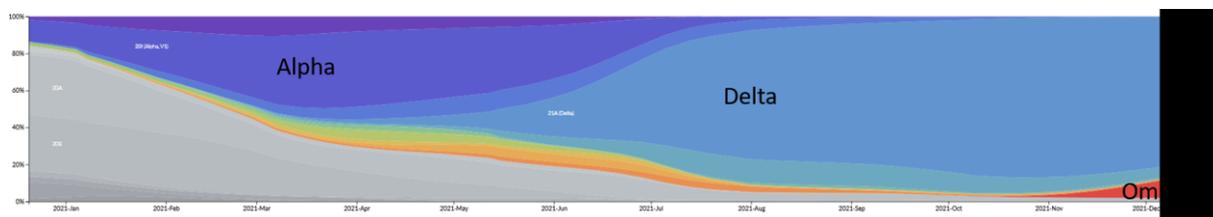


Figure 2. Variants dominants dans le temps⁵⁰

La variabilité génétique des virus n'est pas seulement due aux mutations, mais aussi due aux recombinaisons et délétions. Des virus semblables peuvent échanger des parties du génome lors de l'infection d'une même cellule. Ces événements de recombinaison permettent au SARS-coronavirus-2 de se modifier rapidement.⁴⁸ Dans les populations humaines où il y a une forte transmission du virus, les infections mixtes avec plusieurs sous-types ne sont pas rares et des formes recombinantes avec des caractéristiques de deux virus « parents » peuvent émerger. Le virus peut aussi perdre d'infimes portions de la séquence génétique (= délétion).⁵¹ Si les délétions ou

mutations surviennent dans des régions cibles des anticorps, les anticorps ne reconnaissent pas le virus et ne peuvent pas inhiber l'entrée du virus dans les cellules. Ce dernier échappe donc à l'immunité initiée par une infection antérieure ou une vaccination.^{52,53}

Le sort d'un virus est, en partie, déterminé par la course entre les interventions de santé publique et l'évolution génétique du virus. La plupart des changements ont peu ou pas d'impact sur les propriétés du virus. Cependant, certains changements génétiques (p. ex. des mutations ou délétions) peuvent affecter les propriétés du virus. Afin de mieux comprendre les mécanismes de l'évolution virale et retracer les chaînes de transmission, les chercheurs analysent les séquences génétiques des virus.⁵⁰

Plusieurs facteurs peuvent favoriser l'émergence de variants viraux échappant aux anticorps. Plus le nombre de personnes infectées est élevé, plus le risque d'apparition de nouveaux variants préoccupants est grand.⁵⁴ Si une infection par le SARS-coronavirus-2 dure longtemps, le virus parvient à répliquer davantage son ARN et le risque de changements génétiques augmente. C'est le cas par exemple pour des personnes vivant avec une infection non contrôlée du virus responsable du sida (VIH) et pour les personnes recevant une chimiothérapie anticancéreuse et des médicaments immunosuppresseurs.^{55,56} Les vaccins, les thérapies antivirales ainsi qu'une réponse immunitaire spécifique engendrent une sélection de variants viraux, sans pour autant favoriser leur apparition.^{57,58} En effet, dans une population protégée contre un certain variant X, un nouveau variant Y peut s'imposer même s'il n'est pas plus transmissible et même s'il ne cause pas une maladie plus grave que le variant X.

Au Luxembourg, le Laboratoire national de santé (LNS) séquence une partie représentative des échantillons positifs du SARS-CoV-2 et identifie les virus circulant au Luxembourg. La surveillance génomique en temps réel du SARS-CoV-2 permet de détecter des changements génétiques associés à une modification de la transmissibilité et/ou de la pathogénicité du virus, ainsi que des changements susceptibles de réduire l'efficacité de la vaccination. Ces analyses permettent aussi de guider les stratégies de contrôle.

Classification des variants du SARS-Coronavirus-2

L'Organisation mondiale de la Santé (OMS) a défini des critères pour classer les variants viraux présentant un risque accru pour la santé publique mondiale.⁴⁵

Elle fait la distinction entre les variants d'intérêt (« variants of interest ») et les variants préoccupants (« variants of concern ») afin de guider la surveillance virale et la recherche scientifique.

Pour être classé variant préoccupant, le variant doit présenter :

- Une augmentation de la transmissibilité ou une évolution préjudiciable de l'épidémiologie de la COVID-19 ; ou
- Une augmentation de la virulence ou une modification des symptômes cliniques ; ou
- Une diminution de l'efficacité des mesures de santé publique et sociales ou des outils de diagnostic, des vaccins et des traitements disponibles.

Tableau 1. Propriétés des variants préoccupants du SARS-Coronavirus-2 (basé sur ⁶)

Variant préoccupant selon OMS ^α	Nomenclature officielle ^β	Lieu de première détection	Date de première détection	Propagation mondiale (06/12/2021)	Transmissibilité	Sévérité de la COVID-19	Risque de réinfection	Efficacité vaccinale
Alpha	B.1.1.7	Royaume-Uni	sept-20	180 pays	(+++) ²¹⁻²³	(+) ^{24,25} , (= ?) ²⁶⁻²⁸	(+) ^{29,30} , (=) ^{31,32}	(-) ^{29,33,34} , (=) ^{31,35}
Beta	B.1.351	Afrique du Sud	mai-20	117 pays	(+) ²²	(+ ?) ³⁶ , (= ?) ²⁶⁻²⁸	(+) ^{30,37,38} , (=) ³⁹	(-) ^{30,34,37,38} , (=) ^{35,39}
Gamma	P.1	Brésil / Japon	nov-20	91 pays	(++) ^{22,40}	(+ ?) ⁴¹	(+) ³⁷	(-) ³⁷ , (=) ³⁵
Delta	B.1.617.2	Inde	oct-20	183 pays	(+++) ²²	(++) ⁴²	(++) ⁴³	(+) ⁴³ , (=) ³⁵ , (-) ⁴⁴
Omicron	B.1.1.529	Botswana / Hong Kong / Afrique du Sud	nov-21	51 pays	(+++ ?)	(- ?) ⁷	(+ ?) ^{8,9,14,15}	(-- ?) ⁹⁻¹⁶

^αL'OMS attribue des noms pour les variants viraux clés en utilisant des lettres de l'alphabet grec.⁴⁵

^βNomenclature utilisée par les chercheurs ^{46,47}.

+ indique une augmentation, - indique une réduction et = indique une absence d'effet.

Lectures complémentaires

<https://www.virologie-uclouvain.be/fr/chapitres/generalites-sur-les-virus/variation-genetique>

<https://www.who.int/fr/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>

<https://www.ecdc.europa.eu/en/news-events/epidemiological-update-omicron-variant-concern-voc-data-2-december-2021>

Bibliographie

- 1 Classification of Omicron (B.1.1.529): SARS-CoV-2 Variant of Concern. [https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-\(b.1.1.529\)-sars-cov-2-variant-of-concern](https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-(b.1.1.529)-sars-cov-2-variant-of-concern) (accessed 7 Dec2021).
- 2 GISAID - hCov19 Variants. <https://www.gisaid.org/hcov19-variants/> (accessed 3 Dec2021).
- 3 Lechien JR, Saussez S. Importance of epidemiological factors in the evaluation of transmissibility and clinical severity of SARS-CoV-2 variants. *The Lancet Infectious Diseases*. 2021;0(0). doi:10.1016/S1473-3099(21)00474-6.
- 4 Cov-Lineages. https://cov-lineages.org/global_report_B.1.1.529.html (accessed 7 Dec2021).
- 5 NDR. (104) Coronavirus-Update: Omikron - die drei Fragezeichen. <https://www.ndr.de/nachrichten/info/104-Coronavirus-Update-Omikron-die-drei-Fragezeichen,podcastcoronavirus352.html> (accessed 9 Dec2021).
- 6 Ramesh S, Govindarajulu M, Parise RS et al. Emerging SARS-CoV-2 Variants: A Review of Its Mutations, Its Implications and Vaccine Efficacy. *Vaccines*. 2021;9(10):1195.
- 7 administrator. Tshwane District Omicron Variant Patient Profile - Early Features. South African Medical Research Council. 2021. <https://www.samrc.ac.za/news/tshwane-district-omicron-variant-patient-profile-early-features> (accessed 7 Dec2021).
- 8 Pulliam JRC, van Schalkwyk C, Govender N et al. Increased risk of SARS-CoV-2 reinfection associated with emergence of the Omicron variant in South Africa. *Epidemiology*, 2021 doi:10.1101/2021.11.11.21266068.
- 9 Sheward DJ, Changil K, Dopico YC et al. Preliminary Report - Early release, subject to modification-Quantification of the neutralization resistance of the Omicron Variant of Concern. Google Docs. https://drive.google.com/file/d/1CuxmNYj5cpluxWXhjjVmuDqntxXwlfXQ/view?usp=embed_facebook (accessed 9 Dec2021).
- 10 Cele S, Jackson L, Khan K et al. SARS-CoV-2 Omicron has extensive but incomplete escape of Pfizer BNT162b2 elicited neutralization and requires ACE2 for infection. ;:9.
- 11 Wilhelm A, Widera M, Grikscheit K et al. Reduced Neutralization of SARS-CoV-2 Omicron Variant by Vaccine Sera and monoclonal antibodies. 2021.
- 12 Sandra Ciesek sur Twitter. Twitter. <https://twitter.com/CiesekSandra/status/1468470238438170626> (accessed 9 Dec2021).
- 13 Kuhlmann C, Mayer CK, Claassen M et al. Breakthrough Infections with SARS-CoV-2 Omicron Variant Despite Booster Dose of mRNA Vaccine. Social Science Research Network: Rochester, NY, 2021 doi:10.2139/ssrn.3981711.
- 14 African Health Research Institute. Omicron incompletely escapes immunity induced by the Pfizer vaccine. Africa Health Research Institute. 2021. <https://www.ahri.org/omicron-incompletely-escapes-immunity-induced-by-the-pfizer-vaccine/> (accessed 13 Dec2021).
- 15 Roessler A, Riepler L, Bante D, Laer D von, Kimpel J. SARS-CoV-2 B.1.1.529 variant (Omicron) evades neutralization by sera from vaccinated and convalescent individuals. 2021.
- 16 Pfizer and BioNTech Provide Update on Omicron Variant | Pfizer. <https://www.pfizer.com/news/press-release/press-release-detail/pfizer-and-biontech-provide-update-omicron-variant> (accessed 9 Dec2021).
- 17 Andrews N, Stowe J, Kirsebom F et al. Effectiveness of COVID-19 vaccines against the Omicron (B.1.1.529) variant of concern. ;:16.
- 18 Barda N, Dagan N, Cohen C et al. Effectiveness of a third dose of the BNT162b2 mRNA COVID-19 vaccine for preventing severe outcomes in Israel: an observational study. *The Lancet*. 2021;398(10316):2093–2100.
- 19 Siemens Healthineers SARS-CoV-2 Testing Portfolio Detects Omicron Variant. <https://www.siemens-healthineers.com/press/releases/omicron-variant> (accessed 13 Dec2021).
- 20 RKI - Coronavirus SARS-CoV-2 - Hilfestellung zur Ableitung variantenspezifischer PCR-Testungen aus charakteristischen Aminosäure-Austauschen und Deletionen bei SARS-CoV-2. https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/DESH/Hilfestellung_PCR-Testung.html?jsessionid=28285D5C5FE7E26D6185F2CCF995F15C.internet112?nn=13490888 (accessed 9 Dec2021).
- 21 Davies NG, Abbott S, Barnard RC et al. Estimated transmissibility and impact of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7 in England. *Science*. 2021;372(6538):eabg3055.
- 22 Campbell F, Archer B, Laurenson-Schafer H et al. Increased transmissibility and global spread of SARS-CoV-2 variants of concern as at June 2021. *Eurosurveillance*. 2021;26(24):2100509.

Note de recherche scientifique CS-2021-DR-015

- 23 Buchan SA, Tibebu S, Daneman N et al. Increased household secondary attacks rates with Variant of Concern SARS-CoV-2 index cases. *Clin Infect Dis*. 2021;:ciab496.
- 24 Grint DJ, Wing K, Williamson E et al. Case fatality risk of the SARS-CoV-2 variant of concern B.1.1.7 in England, 16 November to 5 February. *Euro Surveill*. 2021;26(11). doi:10.2807/1560-7917.ES.2021.26.11.2100256.
- 25 Davies NG, Jarvis CI, Edmunds WJ, Jewell NP, Diaz-Ordaz K, Keogh RH. Increased mortality in community-tested cases of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7. *Nature*. 2021;593(7858):270–274.
- 26 Abdelnabi R, Boudewijns R, Foo CS et al. Comparing infectivity and virulence of emerging SARS-CoV-2 variants in Syrian hamsters. *EBioMedicine*. 2021;68. doi:10.1016/j.ebiom.2021.103403.
- 27 Munster VJ, Flagg M, Singh M et al. Subtle differences in the pathogenicity of SARS-CoV-2 variants of concern B.1.1.7 and B.1.351 in rhesus macaques. *bioRxiv*. 2021;:2021.05.07.443115.
- 28 O'Donnell KL, Pinski AN, Clancy CS et al. Pathogenic and transcriptomic differences of emerging SARS-CoV-2 variants in the Syrian golden hamster model. *EBioMedicine*. 2021;73. doi:10.1016/j.ebiom.2021.103675.
- 29 Supasa P, Zhou D, Dejnirattisai W et al. Reduced neutralization of SARS-CoV-2 B.1.1.7 variant by convalescent and vaccine sera. *Cell*. 2021;184(8):2201-2211.e7.
- 30 Planas D, Bruel T, Grzelak L et al. Sensitivity of infectious SARS-CoV-2 B.1.1.7 and B.1.351 variants to neutralizing antibodies. *Nat Med*. 2021;27(5):917–924.
- 31 Graham MS, Sudre CH, May A et al. Changes in symptomatology, reinfection, and transmissibility associated with the SARS-CoV-2 variant B.1.1.7: an ecological study. *The Lancet Public Health*. 2021;6(5):e335–e345.
- 32 Jeffery-Smith A, Rowland TAJ, Patel M et al. Reinfection with new variants of SARS-CoV-2 after natural infection: a prospective observational cohort in 13 care homes in England. *The Lancet Healthy Longevity*. 2021;2(12):e811–e819.
- 33 Collier DA, De Marco A, Ferreira IATM et al. Sensitivity of SARS-CoV-2 B.1.1.7 to mRNA vaccine-elicited antibodies. *Nature*. 2021;593(7857):136–141.
- 34 Abu-Raddad LJ, Chemaitelly H, Butt AA. Effectiveness of the BNT162b2 Covid-19 Vaccine against the B.1.1.7 and B.1.351 Variants. *New England Journal of Medicine*. 2021;385(2):187–189.
- 35 Carreño JM, Alshammary H, Singh G et al. Evidence for retained spike-binding and neutralizing activity against emerging SARS-CoV-2 variants in serum of COVID-19 mRNA vaccine recipients. *EBioMedicine*. 2021;73. doi:10.1016/j.ebiom.2021.103626.
- 36 Radvak P, Kwon H-J, Kosikova M et al. SARS-CoV-2 B.1.1.7 (alpha) and B.1.351 (beta) variants induce pathogenic patterns in K18-hACE2 transgenic mice distinct from early strains. *Nat Commun*. 2021;12(1):6559.
- 37 Hoffmann M, Arora P, Groß R et al. SARS-CoV-2 variants B.1.351 and P.1 escape from neutralizing antibodies. *Cell*. 2021;184(9):2384-2393.e12.
- 38 Zhou D, Dejnirattisai W, Supasa P et al. Evidence of escape of SARS-CoV-2 variant B.1.351 from natural and vaccine-induced sera. *Cell*. 2021;184(9):2348-2361.e6.
- 39 Tada T, Dcosta BM, Samanovic MI et al. Convalescent-Phase Sera and Vaccine-Elicited Antibodies Largely Maintain Neutralizing Titer against Global SARS-CoV-2 Variant Spikes. *mBio*. 2021;12(3):e0069621.
- 40 Faria NR, Mellan TA, Whittaker C et al. Genomics and epidemiology of the P.1 SARS-CoV-2 lineage in Manaus, Brazil. *Science*. 2021;372(6544):815–821.
- 41 Freitas ARR, Beckedorff OA, Cavalcanti LP de G et al. The emergence of novel SARS-CoV-2 variant P.1 in Amazonas (Brazil) was temporally associated with a change in the age and sex profile of COVID-19 mortality: A population based ecological study. *The Lancet Regional Health - Americas*. 2021;1:100021.
- 42 Twohig KA, Nyberg T, Zaidi A et al. Hospital admission and emergency care attendance risk for SARS-CoV-2 delta (B.1.617.2) compared with alpha (B.1.1.7) variants of concern: a cohort study. *Lancet Infect Dis*. 2021;:S1473-3099(21)00475–8.
- 43 Hoffmann M, Hofmann-Winkler H, Krüger N et al. SARS-CoV-2 variant B.1.617 is resistant to bamlanivimab and evades antibodies induced by infection and vaccination. *Cell Reports*. 2021;36(3):109415.
- 44 Mlcochova P, Kemp SA, Dhar MS et al. SARS-CoV-2 B.1.617.2 Delta variant replication and immune evasion. *Nature*. 2021;599(7883):114–119.
- 45 World Health Organisation. Tracking SARS-CoV-2 variants. <https://www.who.int/emergencies/emergency-health-kits/trauma-emergency-surgery-kit-who-tesk-2019/tracking-SARS-CoV-2-variants> (accessed 3 Dec2021).

Note de recherche scientifique CS-2021-DR-015

- 46 Rambaut A, Holmes EC, O'Toole Á et al. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nat Microbiol.* 2020;5(11):1403–1407.
- 47 O'Toole Á, Scher E, Underwood A et al. Assignment of epidemiological lineages in an emerging pandemic using the pangolin tool. *Virus Evolution.* 2021;7(2):veab064.
- 48 Singh D, Yi SV. On the origin and evolution of SARS-CoV-2. *Exp Mol Med.* 2021;53(4):537–547.
- 49 Jacob JJ, Vasudevan K, Pragasam AK, Gunasekaran K, Veeraraghavan B, Mutreja A. Evolutionary Tracking of SARS-CoV-2 Genetic Variants Highlights an Intricate Balance of Stabilizing and Destabilizing Mutations. *mBio.*;12(4):e01188-21.
- 50 Nextstrain / ncov / gisaid / global. <https://nextstrain.org/ncov/gisaid/global> (accessed 6 Dec2021).
- 51 McCarthy KR, Rennick LJ, Nambulli S et al. Recurrent deletions in the SARS-CoV-2 spike glycoprotein drive antibody escape. *Science.* 2021;371(6534):1139–1142.
- 52 Weisblum Y, Schmidt F, Zhang F et al. Escape from neutralizing antibodies by SARS-CoV-2 spike protein variants. *eLife.* 2020;9:e61312.
- 53 Li Q, Wu J, Nie J et al. The Impact of Mutations in SARS-CoV-2 Spike on Viral Infectivity and Antigenicity. *Cell.* 2020;182(5):1284-1294.e9.
- 54 Krause PR, Fleming TR, Longini IM et al. SARS-CoV-2 Variants and Vaccines. *New England Journal of Medicine.* 2021;385(2):179–186.
- 55 Corey L, Beyrer C, Cohen MS, Michael NL, Bedford T, Rolland M. SARS-CoV-2 Variants in Patients with Immunosuppression. *New England Journal of Medicine.* 2021;385(6):562–566.
- 56 Msomi N, Lessells R, Mlisana K, de Oliveira T. Africa: tackle HIV and COVID-19 together. *Nature.* 2021;600(7887):33–36.
- 57 NDR. (105) Coronavirus-Update: Risiko für Ungeimpfte könnte steigen. <https://www.ndr.de/nachrichten/info/105-Coronavirus-Update-Risiko-fuer-Ungeimpfte-koennte-steigen,podcastcoronavirus354.html> (accessed 9 Dec2021).
- 58 Callaway E. Beyond Omicron: what's next for COVID's viral evolution. *Nature.* 2021;600(7888):204–207.

Auteur principal : Maude Pauly

Contributeurs : Christian Penny et Danielle Wolter

Requérant : Laurent Scheeck

Luxembourg, le 14 décembre 2021