
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 06/07/2022

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 l'analyse de risque du 15/06/2022** 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 août 2022.

Table des matières

1.	Point-clés de l'analyse de risque en date du 06/07/2022.....	2
2.	Connaissances disponibles sur le VOC Omicron	3
2.1.	Situation épidémiologique internationale.....	3
2.2.	Caractéristiques du VOC Omicron	3
2.3.	Sous-lignages du VOC Omicron	4
2.4.	Nouvelles données sur les sous-lignages BA.2.12.1, BA.4 et BA.5	4
3.	Evolution de la détection des mutations d'intérêt ciblées par le criblage en France	5
4.	Evolution de la détection des VOC, VOI et VUM en France dans le cadre de la surveillance génomique	6
4.1.	En France métropolitaine	6
4.2.	Dans les DROM.....	8
5.	Conclusion au 06/07/2022	8
	Références.....	9

1. Point-clés de l'analyse de risque en date du 06/07/2022

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 26 (27/06-03/07/2022) était de 98,4% 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 26, elles étaient détectées dans 80% des prélèvements criblés pour ces mutations (contre 74% en semaine 25).

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 20/06/2022.
- Les sous-lignages d'Omicron BA.2.12.1, BA.4 et BA.5 sont suivis sur la base de leur profil génétique, en particulier la présence de mutations en position L452 (L452Q pour BA.2.12.1 et L452R pour BA.4 et BA.5). Des données préliminaires du Royaume-Uni n'ont trouvé aucune différence significative d'efficacité vaccinale pour BA.4 et BA.5 par rapport à BA.2. L'analyse de la vague BA.4/BA.5 en Afrique du Sud a observé un taux d'hospitalisation similaire à celui de la vague BA.1. Ces données sont en faveur d'une efficacité vaccinale et d'une sévérité comparables pour BA.4 et BA.5 par rapport aux précédents sous-lignages d'Omicron.
- Au sein du variant Omicron, le remplacement progressif du sous-lignage BA.2 par BA.5 se poursuit et ce dernier est devenu majoritaire en France métropolitaine depuis l'enquête Flash du 13/06/2022. BA.5 représentait 67% des séquences interprétables de l'enquête Flash du 20/06/2022. Dans la plupart des pays européens, BA.5 est aussi devenu majoritaire.
- Certains pays en Europe et dans le reste du monde voient encore une circulation importante de BA.2.12.1 et BA.4. En France, BA.4 et BA.2.12.1 sont détectés mais à des niveaux plus faibles que BA.5 : 7% pour BA.4 et 3% pour BA.2.12.1 au cours de l'enquête Flash du 20/06/2022.

Tableau 1 : Classement des variants au 06/07/2022 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		
<p>21A/I/J (B.1.617.2/AY.*, Delta)</p> <p>Non détecté depuis Flash S22-2022 (30/05/2022)</p>	<p>20I (V1, B.1.1.7/Q.*, Alpha)</p> <p>Non détecté depuis Flash S46 (15/11/2021)</p>		<p>recombinant AY.4/BA.1 (XD)</p> <p>Non détecté depuis Flash S20-2022 (16/05/2022)</p>
<p>21K/L/M-22A/B/C (B.1.1.529/BA.*, Omicron)</p> <p>100% des séquences (Flash S25-2022)</p>	<p>20H (V2, B.1.351*, Beta)</p> <p>Non détecté depuis Flash #19 (10/08/2021)</p>		
	<p>20J (V3, P.1/P.1.*, Gamma)</p> <p>Non détecté depuis Flash #23 (07/09/2021)</p>		

Mise à jour de l'analyse de risque au 06/07/2022. Les données indiquées concernent la France métropolitaine. La nomenclature OMS attribuée à certains variants est ajoutée entre parenthèses (alphabet grec). * indique l'inclusion de tous les sous-lignages connus à ce stade. Enquête Flash S25-2022 réalisée le 20/06/2022 : données sur 1 509 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 91% (137 378 / 151 338) des séquences déposées sur la base de données internationale GISAID entre le 05/06 et le 04/07/2022, contre 96% (358 406 / 373 974) pour la période du 05/05 au 04/06/2022 (données au 04/07/2022). Ces données doivent cependant être interprétées à la lumière des différences entre les systèmes de surveillance des différents pays, 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 (2).

Si l'émergence d'Omicron a été marquée par un échappement vaccinal important, la vaccination reste un outil essentiel pour mitiger l'impact du SARS-CoV-2. Une étude de modélisation estime que la vaccination a réduit de 63% le nombre de décès imputables à la COVID-19 dans le monde sur l'année ayant suivi sa mise en place (3). L'efficacité des vaccins pour prévenir les formes sévères et, dans une moindre mesure, les infections liées à Omicron, ainsi que l'augmentation de cette protection suite à une dose de rappel, ont été démontrées par plusieurs études (4-7). La protection conférée par une précédente infection et/ou la vaccination a aussi été associée à une élimination plus rapide du virus et peut donc contribuer à réduire la contagiosité d'un individu infecté (8).

2.3. Sous-lignages du VOC Omicron

Aujourd'hui, le sous-lignage **BA.2** reste le plus détecté à l'échelle mondiale avec 49% des séquences déposées sur GISAID entre le 05/06 et le 04/07/2022, contre plus de 87% entre le 05/05 et le 04/06/2022 (données cov-spectrum.org au 04/07/2022). Suite à la circulation à grande échelle de BA.2, une diversification génétique a conduit à la définition de sous-lignages au sein de BA.2, certains étant encore subdivisés en sous-lignages. Parmi ces sous-lignages de BA.2, BA.2.75 a été repéré par la communauté internationale de bioinformaticiens et de virologistes car il porte un nombre important de mutations additionnelles dans la protéine Spike (K147E, W152R, F157L, I210V, G257S, D339H, G446S, N460K, réversion R493Q) (9). Très peu de séquences correspondant à ce sous-lignage sont disponibles (73 au 29/06/2022), la majorité provenant d'Inde. A ce jour, aucune donnée n'indique que BA.2.75 posséderait des caractéristiques différentes des autres sous-lignages de BA.2. Au 04/07/2022, BA.4 et BA.5 représentaient respectivement 10% et 21% des séquences déposées sur GISAID entre le 05/06 et le 04/07/2022, contre 2,7% pour BA.4 et 3,3% pour BA.5 entre le 05/05 et le 04/06/2022. Des sous-lignages de BA.4 et BA.5 ont aussi été définis (10).

Trois sous-lignages d'Omicron font l'objet d'un suivi particulier : **BA.2.12.1, BA.4 et BA.5**, qui portent des mutations en position L452 (L452Q pour BA.2.12.1 et L452R pour BA.4 et BA.5). Comme la mutation L452R a été identifiée comme un des facteurs majeurs de la transmissibilité accrue de Delta, il est important d'évaluer quel sera l'impact de mutations en positions L452 dans un contexte génétique Omicron. **En Europe, BA.5 est devenu majoritaire dans de nombreux pays** (11). Cependant, une circulation importante de BA.4 et/ou BA.2.12.1 est aussi observée au Royaume-Uni, en Autriche, aux Pays-Bas, en Norvège, en Suède et en Croatie. Dans le reste du monde, d'autres pays voient aussi le remplacement de BA.2 par BA.5. BA.2.12.1 reste encore majoritaire dans certains pays d'Amérique (Canada, Chili, Guatemala, Mexique, Pérou, Etats-Unis) et BA.4 circule largement en Afrique du Sud, aux Etats-Unis, au Costa-Rica et en Thaïlande.

2.4. Nouvelles données sur les sous-lignages BA.2.12.1, BA.4 et BA.5

Par rapport à la dernière analyse de risque, de nouvelles études de séroneutralisation comparant les sous-lignages d'Omicron ont été publiées (12-14). Ces études concluent que BA.4 et BA.5 ont des propriétés d'évasion immunitaire plus élevées que BA.1 et, dans une moindre mesure BA.2. Cependant, l'amplitude des différences entre les variants est faible par rapport à la dispersion au sein de ces groupes. Parmi ces études, celle d'une équipe Allemande inclus des sérums de personnes précédemment infectées par BA.2 (14). Ils ont observé une séroneutralisation élevée de BA.2 et BA.2.12.1 par ces sérums et une séroneutralisation plus faible pour BA.1, BA.4 et BA.5, mais les effectifs sont faibles et ces données sont à reconfirmer. **UKHSA, l'agence de santé publique du Royaume-Uni, a publié des premières données d'efficacité vaccinale comparant BA.4 et BA.5 à BA.2** (15). Ils n'ont pas observé de différences significatives entre ces trois sous-lignages d'Omicron, mais ces analyses sont préliminaires et devront être reconfirmées avec un format d'étude plus robuste.

En terme de sévérité, une première étude d'Afrique du Sud comparant le risque d'événements graves entre la vague BA.1 et la vague BA.4/BA.5 a été publiée (16). Ces analyses ont montré des risques d'hospitalisation ou de décès similaires entre les vagues BA.1 et BA.4/BA.5. Ces deux vagues Omicron étaient associées à des risques plus faibles par rapport aux vagues précédentes. Le risque d'hospitalisation/décès était moindre chez les cas précédemment infectés (70% plus faible) ou vaccinés 3 doses (83% plus faible) par rapport aux cas non-infecté/vaccinés. **Ces données sont en faveur d'une sévérité similaire de BA.4/BA.5 par rapport à BA.1 et un maintien de la protection conférée par la vaccination ou une précédente infection contre les formes sévères.** Elles sont cohérentes avec les analyses des cas d'infections par BA.4/BA.5 publiées dans **l'analyse de risque variants du 15/06/2022**. Les évaluations de l'efficacité des anticorps monoclonaux disponibles à ce stade sont en faveur d'un profil similaire pour BA.4 et BA.5 par rapport à BA.2 : diminution de l'efficacité de neutralisation pour le Sotrovimab mais pas pour le Cilgavimab ou le Bebtelovimab (LY-CoV1404), ce dernier conservant une forte efficacité contre tous les sous-lignages d'Omicron (13, 14, 17).

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 S26 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 S26, les mutations en position L452 étaient détectées dans 80% des prélèvements criblés pour cette mutation (contre 74% en S25) ;
- La proportion de prélèvements en France ayant un **résultat de criblage compatible avec Omicron (D1)** en S26 était de 98,4% (comme en S25).

Jusqu'ici le criblage C1 était utilisé comme un proxy de la circulation du variant Delta, car la mutation L452R était portée ultra-majoritairement par ce variant. Aujourd'hui, certains sous-lignages d'Omicron portant la mutation L452R (ou L452Q, aussi reconnue par le criblage C1) ont émergé, dont les sous-lignages BA.4 et BA.5 mais aussi les sous-lignages de BA.2 BA.2.11 et BA.2.12.1. L'augmentation des prélèvements criblés C1 depuis mi-avril (80% en S26 contre 0,2% jusqu'à S15) correspond à celle des résultats de criblage C1D1, ce qui confirme qu'il s'agit d'Omicron portant une mutation en position L452 et non d'une résurgence de Delta (Figure 1). Cependant, les données de criblage ne permettent pas de distinguer BA.4 et BA.5 des autres sous-lignages d'Omicron porteurs de mutations en position L452, dont BA.2.12.1.

Criblage (sur 7 jours glissants)

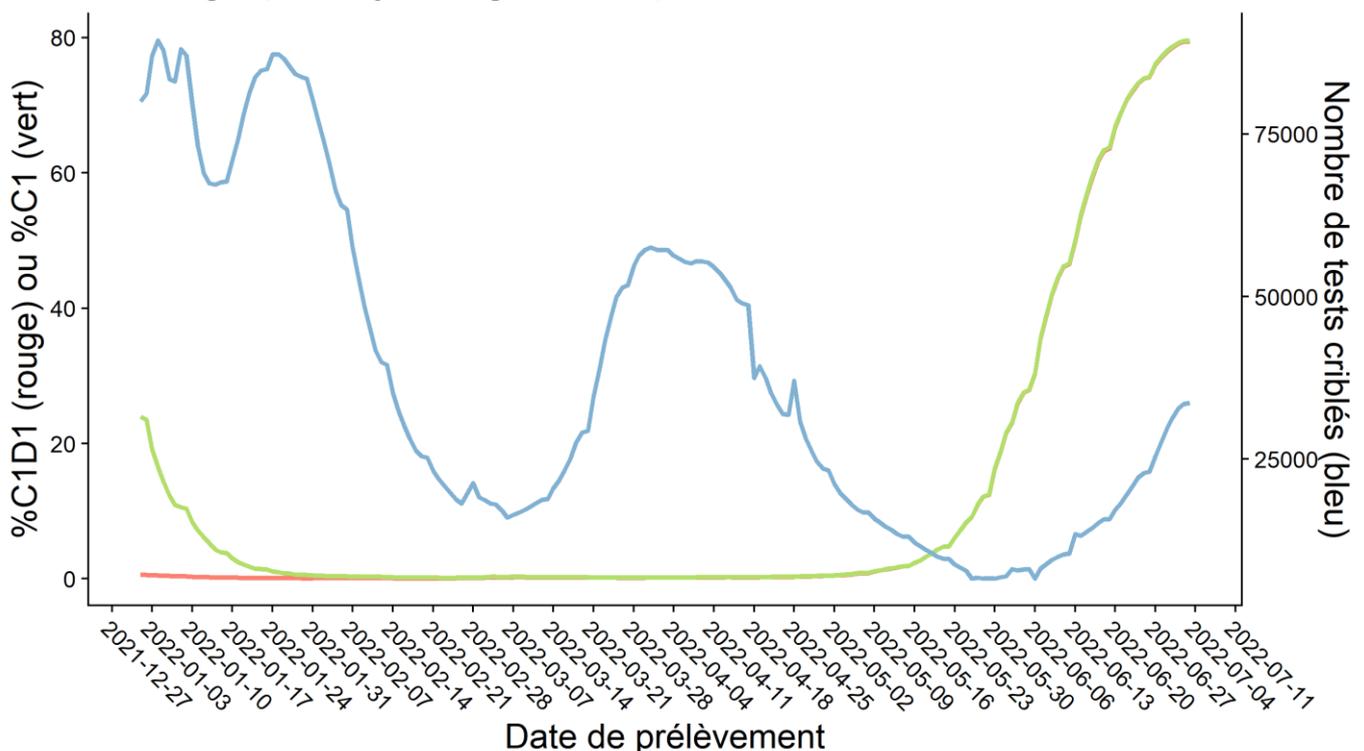


Figure 1 : Proportions de prélèvements positifs pour le SARS-CoV-2 criblés C1 (présence de mutations en position L452, courbe verte) et C1D1 (présence de mutation en position L452 et d'une mutation spécifique d'Omicron, courbe rouge), et nombre total de tests criblés (courbe bleue), par semaine de prélèvement (source : SIDEP, au [06/07/2022](#)).

Les résultats de criblages de toutes les régions de France métropolitaine et tous les DROM indiquent une dominance d'Omicron et une augmentation de ses sous-lignages porteurs de mutations en position L452. La proportion de résultats C1 en S26 variait entre 58% et 90% en France métropolitaine et était de 50% à Mayotte, 68% en Guyane, 69% à la Réunion, 72% à la Guadeloupe et 73% en Martinique.

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 domine actuellement en France**. Depuis la semaine S05, il représente plus de 99% des prélèvements séquencés dans le cadre des enquêtes Flash (Tableau 2 et Figure 2). D'après l'enquête Flash S25-2022 (20/06), il représentait 100% des séquences interprétables en France métropolitaine (sur 1 509 séquences interprétables, données non consolidées de la base EMERGEN au 04/07/2022). Le VOC Delta, qui a dominé de juillet à mi-décembre 2021, représente moins de 0,1% des séquences interprétables depuis l'enquête Flash S08-2022 (21/02) avec les deux derniers cas détectés dans Flash S15-2022 et S21-2022.

Au sein du VOC Omicron, on observe depuis plusieurs semaines un **remplacement progressif de BA.2 par BA.5**. Au cours de l'enquête Flash S25-2022 (20/06), BA.2 représentait 18% des séquences interprétables (25% en incluant l'ensemble de ses sous-lignages) contre 67% pour BA.5. Par comparaison, BA.2 et BA.5 représentaient 24% et 54% des séquences interprétables de Flash S24-2022, respectivement. Les sous-lignages d'Omicron BA.2.12.1 et BA.4 (eux aussi porteurs de mutations en position L452) circulent eux à des niveaux plus faibles. BA.2.12.1 représentait 3% des séquences interprétables de l'enquête Flash S25-2022 (vs 7% lors de Flash S24-2022) et BA.4 représentait 7% (vs 6% lors de Flash S24-2022).

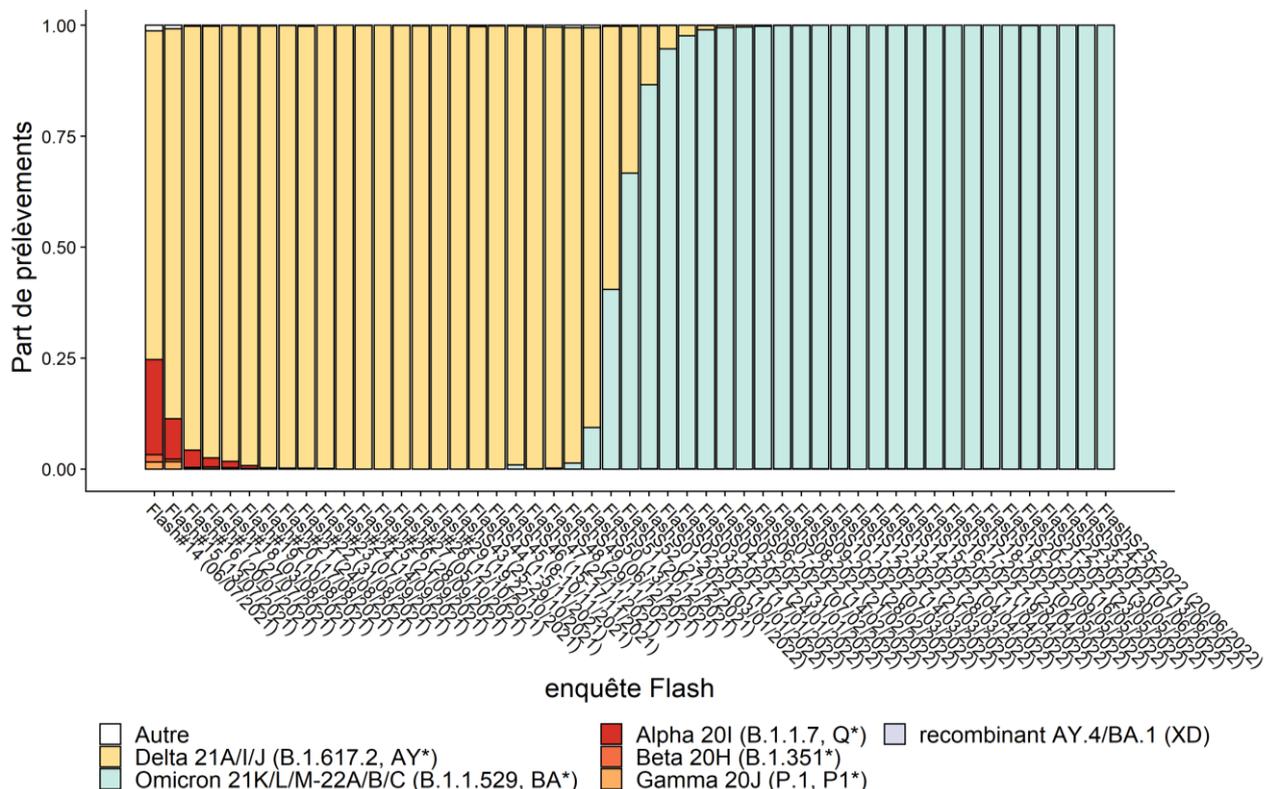


Figure 2 : Evolution de la part de chaque VOC, VOI et VUM par enquête Flash, France métropolitaine (source : EMERGEN, au 04/07/2022). Les données Flash S24-2022 et Flash S25-2022 sont préliminaires.

Tableau 2 : Détection des variants lors des enquêtes Flash S21 - Flash S22-2022, France métropolitaine.
* indique l'inclusion de tous les sous-lignages connus à ce stade.

Variant	Classement	Flash S21 (23/05/2022)		Flash S22 (30/05/2022)		Flash S23 (07/06/2022)		Flash S24# (13/06/2022)		Flash S25# (20/06/2022)	
		N	N	%	N	%	N	%	N	N	%
Delta 21A/I/J (B.1.617.2, AY.*)	VOC circulant	1	<0,1	0	0	0	0	0	0	0	0
Omicron 21K/L/M-22A/B/C (B.1.1.529, BA.*)	VOC circulant	1895	99,9	2167	100,0	3285	100,0	2704	100,0	1509	100,0
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, 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

Nombre de séquences interprétables : Flash S21 : 1 896; Flash S22 : 2 167; Flash S23 : 3 285; Flash S24 : 2 704; Flash S25 : 1 509

Les données de Flash S24 et Flash S25 sont préliminaires

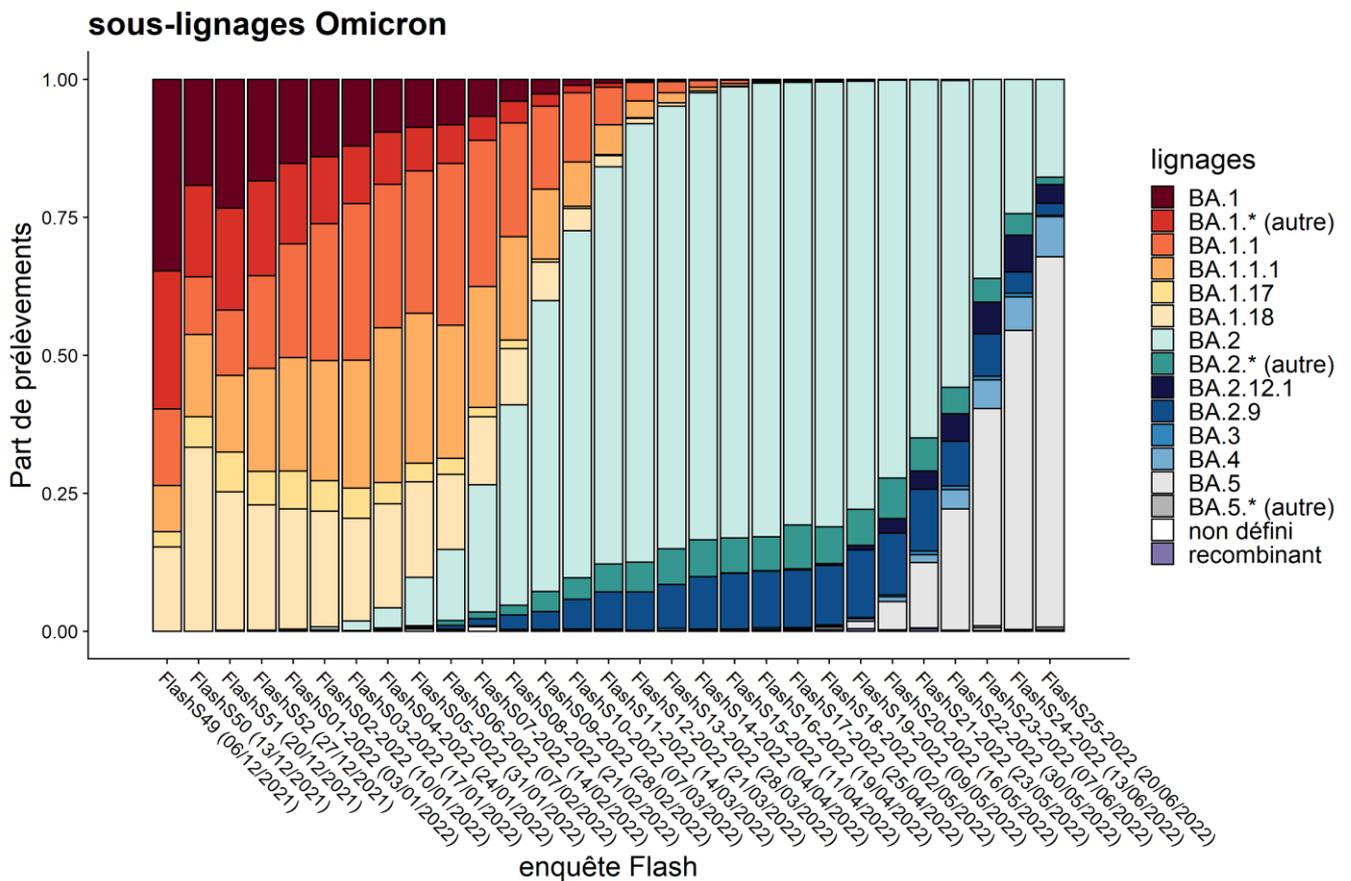


Figure 3 : Sous-lignages du variant Omicron au cours des enquêtes Flash (source : EMERGEN, au 04/07/2022). Les sous-lignages de BA.1 et BA.2 qui n'ont jamais dépassé 5% des séquences interprétables au cours d'une enquête Flash sont regroupés dans les catégories « BA.1.* (autres) » et « BA.2.* (autres) ». Les recombinants BA.1/BA.2 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 651 séquences interprétables). BA.5 continue de remplacer BA.2 et représente 78% des séquences interprétables de l'enquête Flash S24-2022. Un cas de BA.2.12.1 a été détecté dans cette même enquête Flash.
- **En Guadeloupe**, Omicron représente 100% des séquences interprétables depuis l'enquête Flash S05-2022 (sur 356 séquences interprétables). Ces dernières semaines, la proportion de BA.2 et BA.2.9 a diminué alors que la détection de BA.2.12.1 et BA.5 augmentait (29% et 43% pour Flash S24-2022, respectivement). A noter que ces proportions sont basées sur un très faible nombre d'échantillons.
- **En Guyane**, les 471 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 est en augmentation par rapport à BA.2 (35% des séquences interprétables de l'enquête Flash S25-2022). Trois cas de BA.2.12.1 ont été également détectés en S25 et S26-2022.
- **A La Réunion**, Omicron est le seul variant détecté au cours d'enquêtes Flash depuis Flash S06-2022 (sur un total de 1 740 séquences interprétables). Le sous-lignage d'Omicron majoritaire est encore BA.2, avec 57% des séquences de Flash S24-2022. Mais la détection de BA.5 est en augmentation avec 22% au cours de Flash S24-2022. Quatre cas de BA.2.12.1 ont été détectés dans les enquêtes Flash S16, S23 et 24-2022.
- **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). La proportion de tests criblés C1 est aussi en augmentation (50% en semaine S25), mais des données de séquençage seront nécessaires pour déterminer quel variant est associé à cette augmentation.

5. Conclusion au 06/07/2022

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.2, majoritaire en France depuis mars 2022 est en cours de remplacement par BA.5. **Ce remplacement de BA.2 par BA.5 est observé en France mais aussi dans la plupart des pays européens**, ce qui souligne la compétitivité plus élevée de BA.5 par rapport à BA.2. Les données très préliminaires disponibles aujourd'hui sont cependant en faveur d'une efficacité vaccinale et d'une sévérité similaire de BA.5 par rapport aux autres sous-lignages d'Omicron.

Si Omicron est associé à des formes cliniques moins sévères, une composante majeure de cette moindre sévérité est l'efficacité de la réponse immunitaire mémoire (post-infectieuse ou post-vaccinale) contre les formes graves. Il est donc important de maintenir des niveaux d'immunité élevés dans la population et en particulier chez les personnes à risque. De plus, même si BA.5 semble partager la sévérité moindre des précédents sous-lignages d'Omicron, un nombre de cas très élevé serait associé à un nombre d'hospitalisations important. **Dans le contexte actuel d'accélération de la circulation du SARS-CoV-2, il reste essentiel de se protéger et de protéger les autres en respectant les gestes barrières, en suivant les recommandations en cas de diagnostic d'infection ou de contact étroit avec un cas et en recevant une dose de rappel dès que nécessaire.**

Références

1. WHO. Weekly epidemiological update on COVID-19 - 29 June 2022. 2022.
2. WHO. Weekly epidemiological update on COVID-19 - 11 May 2022, edition 91 2022 [Available from: <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---11-may-2022>].
3. Watson OJ, Barnsley G, Toor J, Hogan AB, Winskill P, Ghani AC. Global impact of the first year of COVID-19 vaccination: a mathematical modelling study. *The Lancet Infectious Diseases*. 2022.
4. Cohen-Stavi CJ, Magen O, Barda N, Yaron S, Peretz A, Netzer D, et al. BNT162b2 Vaccine Effectiveness against Omicron in Children 5 to 11 Years of Age. *New England Journal of Medicine*. 2022.
5. Bar-On YM, Goldberg Y, Mandel M, Bodenheimer O, Amir O, Freedman L, et al. Protection by a Fourth Dose of BNT162b2 against Omicron in Israel. *New England Journal of Medicine*. 2022;386(18):1712-20.
6. Kirsebom FCM, Andrews N, Stowe J, Toffa S, Sachdeva R, Gallagher E, et al. COVID-19 vaccine effectiveness against the omicron (BA.2) variant in England. *The Lancet Infectious Diseases*. 2022;22(7):931-3.
7. Andrews N, Stowe J, Kirsebom F, Toffa S, Rickeard T, Gallagher E, et al. Covid-19 Vaccine Effectiveness against the Omicron (B.1.1.529) Variant. *New England Journal of Medicine*. 2022;386(16):1532-46.
8. Hay JA, Kissler SM, Fauver JR, Mack C, Tai CG, Samant RM, et al. The impact of immune history and variant on SARS-CoV-2 viral kinetics and infection rebound. *medRxiv*. 2022:2022.01.13.22269257.
9. Github. BA.2 sublineage with S:K147E, W152R, F157L, I210V, G257S, D339H, G446S, N460K, R493Q (73 seq as of 2022-06-29, mainly India) - issue 773 2022 [Available from: <https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/773>].
10. Lineage List - cov-lineages.org 2022 [Available from: https://cov-lineages.org/lineage_list.html].
11. Chen C, Nadeau S, Yared M, Voinov P, Xie N, Roemer C, et al. CoV-Spectrum: analysis of globally shared SARS-CoV-2 data to identify and characterize new variants. *Bioinformatics*. 2021;38(6):1735-7.
12. Kurhade C, Zou J, Xia H, Liu M, Yang Q, Cutler M, et al. Neutralization of Omicron sublineages and Deltacron SARS-CoV-2 by 3 doses of BNT162b2 vaccine or BA.1 infection. *bioRxiv*. 2022:2022.06.05.494889.
13. Wang Q, Guo Y, Iketani S, Nair MS, Li Z, Mohri H, et al. Antibody evasion by SARS-CoV-2 Omicron subvariants BA.2.12.1, BA.4, and BA.5. *bioRxiv*. 2022:2022.05.26.493517.
14. Arora P, Kempf A, Nehlmeier I, Schulz SR, Cossmann A, Stankov MV, et al. Augmented neutralisation resistance of emerging omicron subvariants BA.2.12.1, BA.4, and BA.5. *The Lancet Infectious Diseases*. 2022.
15. 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].
16. Davies M-A, Morden E, Rosseau P, Arendse J, Bam J-L, Boloko L, et al. Outcomes of laboratory-confirmed SARS-CoV-2 infection during resurgence driven by Omicron lineages BA.4 and BA.5 compared with previous waves in the Western Cape Province, South Africa. *medRxiv*. 2022:2022.06.28.22276983.
17. Yamasoba D, Kosugi Y, Kimura I, Fujita S, Uriu K, Ito J, et al. Sensitivity of novel SARS-CoV-2 Omicron subvariants, BA.2.11, BA.2.12.1, BA.4 and BA.5 to therapeutic monoclonal antibodies. *bioRxiv*. 2022:2022.05.03.490409.