

## RÉSUMÉ ÉPIDÉMIOLOGIQUE HEBDOMADAIRE

# Surveillance génomique du SRAS-CoV-2 en Ontario, le 27 mai 2024

Ce rapport présente un résumé des résultats du séquençage du génome entier du SRAS-CoV-2 effectué par le Réseau génomique COVID-19 de l'Ontario le 22 mai 2024.

## Contexte

La surveillance continue des données génomiques mondiales sur le SRAS-CoV-2 a permis d'identifier des modifications qui se produisent dans le génome du virus à mesure qu'il se propage dans les diverses populations. Ces modifications ou mutations aléatoires se produisent au fil de l'évolution d'un virus. L'accumulation de ces mutations peut communément entraîner l'apparition d'une nouvelle lignée virale. Ces nouvelles lignées de séquence génomique légèrement différente s'appellent des variants. Bien que la capacité de propagation et le pouvoir pathogène d'un grand nombre de ces variants ne diffèrent pas, certains présentent des mutations susceptibles d'accroître la virulence et la transmissibilité du virus ou de lui permettre de déjouer l'immunité naturelle ou induite par un vaccin.

Le séquençage du génome entier (SGE) de certains échantillons permet de détecter les variants et les mutations d'un virus. La séro-surveillance mondiale du génome du SRAS-CoV-2 a permis d'identifier de nombreux variants d'intérêt clinique ou de santé publique, appelés variants préoccupants (VP). Ces variants préoccupants incluent B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta), P.1 (Gamma), B.1.617.2 (Delta) et B.1.1.529 (Omicron), qui ont dans certains cas été rétrogradés en raison de leur prévalence décroissante à l'échelle mondiale<sup>1-3</sup>.

À mesure que le SRAS-CoV-2 évolue, les lignées se divisent naturellement en sous-lignées descendantes, soit un groupe étroitement lié génétiquement provenant d'une même souche virale ancestrale. Les branches descendantes reçoivent de nouveaux pseudonymes de lignées, comme dans le cas des lignées B.1.1.529 (Omicron) par exemple, BA.2 (pseudonyme de B.1.1.529.2), et JN.1 (pseudonyme de B.1.1.529.2.86.1.1). Lorsqu'un hôte est infecté par deux lignées descendantes ou plus, les lignées peuvent se recombiner pour former une nouvelle lignée recombinante (p. ex., JN.1.1.1 et XBB.1.16.11 pour former XDK). Les nouvelles désignations représentent des groupes génétiques précis pouvant être suivis séparément. D'autres recherches fourniront peut-être des données probantes sur l'existence d'une importante différence en termes de transmissibilité, de gravité ou d'échappement immunitaire, après quoi l'OMS attribuera une autre lettre grecque à la nouvelle lignée.

Le Réseau génomique COVID-19 de l'Ontario (RGCO) effectue un séquençage du génome entier (SGE) de tous les échantillons positifs au SRAS-CoV-2 admissibles (voir les Notes techniques pour plus de détail). Les séquençages sont traités par le truchement d'analyses bio-informatiques et se voient attribuer une lignée Pango<sup>4</sup> grâce à l'outil Pangolin<sup>5</sup>, ce qui permet d'identifier les lignées.

## Faits saillants

- Au total, 502 échantillons ont été séquencés au cours de la plus récente semaine (du 5 au 11 mai). La lignée KP.3 était la plus prévalente (29,5 %), suivie des lignées KP.1.1.1 (9,2 %), KP.2 (8,8 %), KS.1 (8,4 %) et LB.1 (8,4 %).
- La proportion d'échantillons de KP.3 est demeurée stable, s'élevant à 28,6 % (du 28 avril au 4 mai) et à 29,5 % (du 5 au 11 mai).
  - En se fondant sur le modèle d'estimation rapide, on s'attend à ce que la lignée KP.3 demeure stable à 29,7 % (IC à 95 % : 21,8 % à 39,1 %) d'ici le 29 mai 2024.
- La proportion d'échantillons de KP.1.1.1 a augmenté, passant de 4,8 % (du 28 avril au 4 mai) à 9,2 % (du 5 au 11 mai).
  - En se fondant sur le modèle d'estimation rapide, on s'attend à ce que la lignée KP.1.1.1 augmente pour s'établir à 27,5 % (IC à 95 % : 15,4 % à 44,0 %) d'ici le 29 mai 2024. Le taux de croissance hebdomadaire de KP.2 est de 1,49 fois (IC à 95 % : 1,24 % à 1,79 %) celui de KP.3.

La lignée JN.1 a été remplacée par la lignée KP.3 comme lignée de référence pour le modèle d'estimation rapide.

Le nombre de lignées et les attributions peuvent changer entre les rapports, car des éléments des modèles d'attribution de la lignée Pango sont mis à jour (voir les Notes techniques pour plus de détails).

## Representative Surveillance

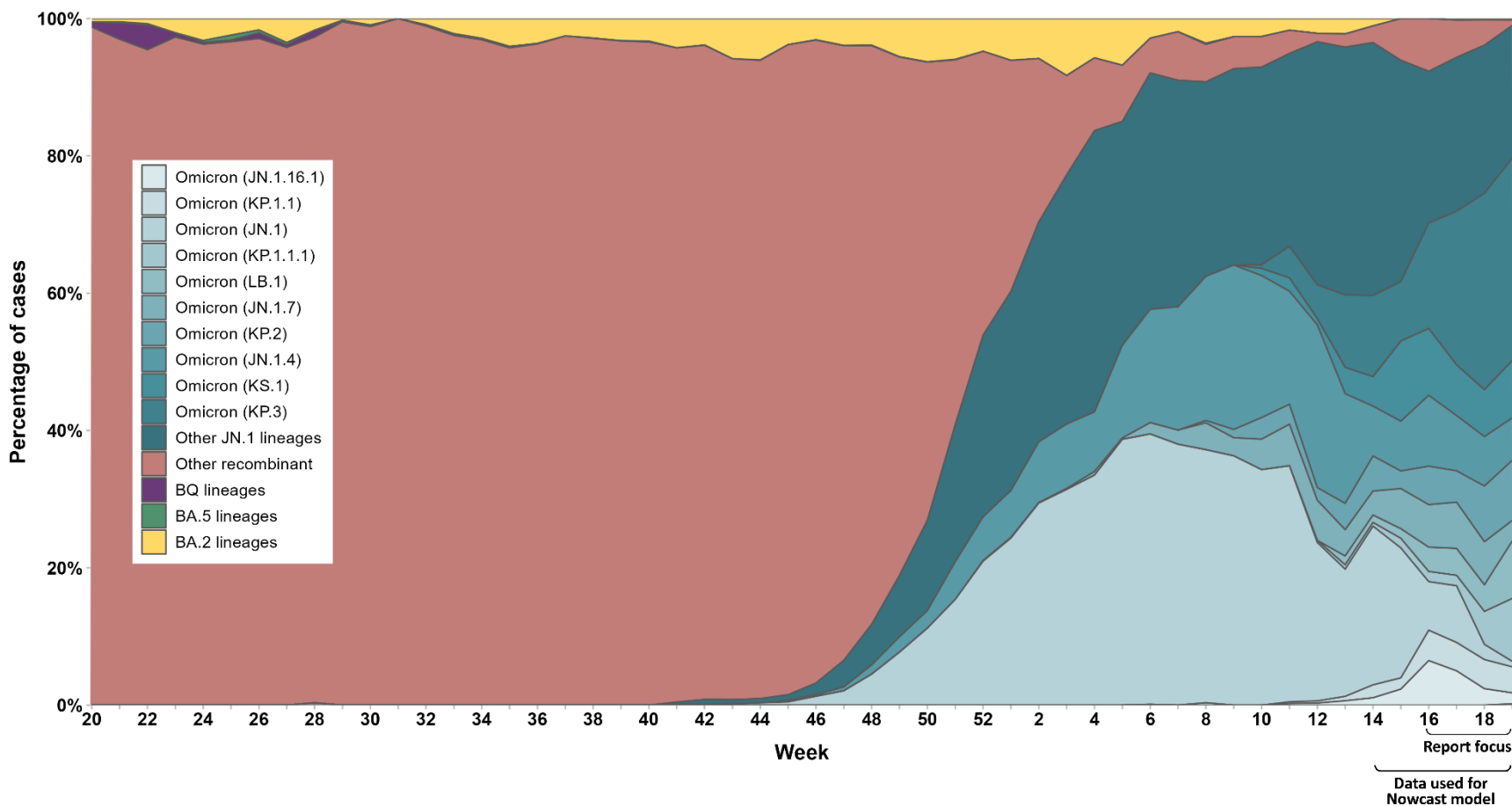
**Table 1. Number of SARS-CoV-2 cases, number and percentage of cases sequenced for representative surveillance by week, Ontario, April 14 to May 11, 2024**

Week	Number of cases	Number sequenced	Percentage sequenced
Week 16 (April 14 - April 20)	643	339	52.7%
Week 17 (April 21 - April 27)	728	460	63.2%
Week 18 (April 28 - May 4)	906	542	59.8%
Week 19 (May 5 - May 11)	976	502	51.4%
<b>Total</b>	<b>3,253</b>	<b>1,843</b>	<b>56.7%</b>

**Note:** ‘Number of cases’ is the number of confirmed positive cases of SARS-CoV-2 in Ontario. Date was assigned to best align with sample collection date, which may differ from other PHO products. ‘Number sequenced’ is the number of cases sequenced for representative surveillance. Results may not be representative of Ontario overall. ‘Percentage sequenced’ may be lower than the sampling proportion because not all cases are eligible to be sequenced (i.e. excludes samples with cycle threshold >30 or insufficient volume). For representative surveillance: details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Week was assigned based on earliest date available for a sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for the most recent weeks were complete at the time of data extraction. Case counts for these weeks may increase in subsequent reports.

**Data sources:** Public Health Case and Contact Management Solution (CCM), Ontario Health Data Platform - Public Health Analytic Environment (OHDP-PHAE)

**Figure 1. Percentage of SARS-CoV-2 cases by the most prevalent lineages and week, representative surveillance, Ontario, May 14, 2023 to May 11, 2024**



**Note:** Results may not be representative of Ontario overall. Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Week was assigned based on earliest date available for a sample. If more than one sample was sequenced for a case, the most recent sample was included. Not all sequencing and bioinformatics analyses for the most recent weeks were complete at the time of data extraction. Case counts for these weeks may increase in subsequent reports.

**Data sources:** Ontario Health Data Platform - Public Health Analytic Environment (OHDP-PHAE)

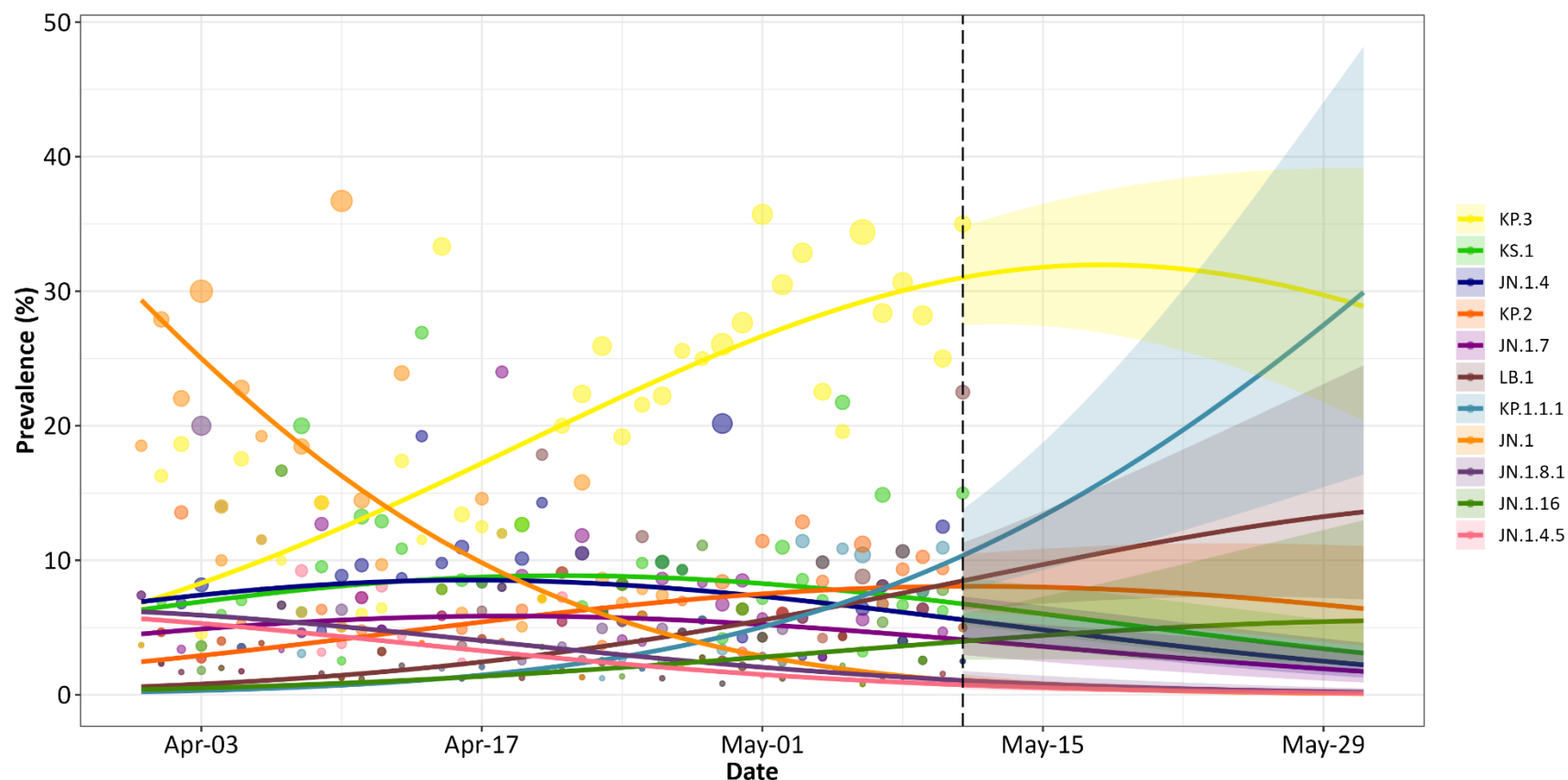
**Table 2. Number and percentage of SARS-CoV-2 cases by Pango lineage and week, representative surveillance, Ontario, April 14 to May 11, 2024**

Pango lineage	Week 16 (April 14 - April 20)	Week 17 (April 21 - April 27)	Week 18 (April 28 - May 4)	Week 19 (May 5 - May 11)	Total (April 14 - May 11)
KP.3	52 (15.3%)	103 (22.4%)	155 (28.6%)	148 (29.5%)	458 (24.9%)
KS.1	33 (9.7%)	34 (7.4%)	37 (6.8%)	42 (8.4%)	146 (7.9%)
JN.1.4	35 (10.3%)	37 (8.0%)	39 (7.2%)	31 (6.2%)	142 (7.7%)
KP.2	19 (5.6%)	21 (4.6%)	44 (8.1%)	44 (8.8%)	128 (6.9%)
JN.1.7	21 (6.2%)	31 (6.7%)	34 (6.3%)	15 (3.0%)	101 (5.5%)
LB.1	12 (3.5%)	18 (3.9%)	21 (3.9%)	42 (8.4%)	93 (5.0%)
KP.1.1.1	5 (1.5%)	7 (1.5%)	26 (4.8%)	46 (9.2%)	84 (4.6%)
JN.1	24 (7.1%)	38 (8.3%)	12 (2.2%)	4 (0.8%)	78 (4.2%)
KP.1.1	15 (4.4%)	19 (4.1%)	23 (4.2%)	19 (3.8%)	76 (4.1%)
JN.1.16.1	22 (6.5%)	23 (5.0%)	13 (2.4%)	8 (1.6%)	66 (3.6%)
Other recombinant	26 (7.7%)	25 (5.4%)	20 (3.7%)	4 (0.8%)	75 (4.1%)
Other Omicron	75 (22.1%)	104 (22.6%)	118 (21.8%)	99 (19.7%)	396 (21.5%)
<b>Total sequenced</b>	<b>339 (100%)</b>	<b>460 (100%)</b>	<b>542 (100%)</b>	<b>502 (100%)</b>	<b>1,843 (100%)</b>

**Note:** Includes the most prevalent lineages detected in the past month. Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Week was assigned based on the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for the most recent weeks were complete at the time of data extraction. Case counts for these weeks may increase in subsequent reports.

**Data sources:** Ontario Health Data Platform - Public Health Analytic Environment (OHDP-PHAE)

**Figure 2. Estimated daily SARS-CoV-2 prevalence (%) by Pango lineage, using Nowcast model, Ontario, March 31 to June 1, 2024**



**Note:** Each curve represents the estimated prevalence of a given lineage from Nowcast modelling, which uses six weeks of daily representative surveillance data in a multinomial logistic regression. Each set of dots represents the observed daily prevalence of a given lineage, while their size represents the relative number of samples. The vertical dashed line indicates the most recent day of data, after which projected Nowcast prevalence estimates are presented with their 95% confidence intervals. The vertical grey lines indicate the mid-point of the week. Lineages with at least 21 days of non-zero case counts were included in the model and lineages that did not have at least 21 days of non-zero case counts were included but not shown. Figure includes all lineages with at least one day of an estimated prevalence of 5% or greater during the 12 week period (six observed and six projected). Only three weeks of projected data are shown. Prevalence projections may be overestimated for emerging lineages.

**Data sources:** Ontario Health Data Platform - Public Health Analytic Environment (OHDP-PHAE)

**Table 3. Estimated SARS-CoV-2 prevalence (%), projected prevalence (%), and weekly relative growth rate (with 95% confidence intervals) by Pango lineage, using Nowcast model, Ontario, March 31 to June 1, 2024**

Pango lineage	Week 18 (May 1): Estimated	Week 19 (May 8): Estimated	Week 20 (May 15): Projected	Week 20 (May 22): Projected	Week 21 (May 29): Projected	Weekly relative growth rate
KP.3	26.7 (24.6 - 28.8)	30.0 (27.0 - 33.2)	31.8 (27.4 - 36.5)	31.7 (25.6 - 38.4)	29.7 (21.8 - 39.1)	1.00 (reference)
KS.1	8.3 (7.0 - 9.7)	7.3 (5.8 - 9.1)	6.0 (4.5 - 8.1)	4.7 (3.2 - 6.9)	3.4 (2.1 - 5.6)	0.78 (0.71 - 0.86)
JN.1.4	7.3 (6.1 - 8.7)	6.1 (4.8 - 7.8)	4.8 (3.5 - 6.6)	3.6 (2.4 - 5.4)	2.5 (1.5 - 4.2)	0.74 (0.67 - 0.82)
KP.2	7.5 (6.3 - 8.9)	8.0 (6.4 - 10.0)	8.0 (5.9 - 10.9)	7.5 (5.0 - 11.2)	6.7 (3.9 - 11.2)	0.95 (0.84 - 1.06)
JN.1.7	5.2 (4.2 - 6.4)	4.5 (3.4 - 5.9)	3.6 (2.5 - 5.2)	2.7 (1.7 - 4.4)	1.9 (1.1 - 3.5)	0.76 (0.68 - 0.85)
LB.1	5.6 (4.6 - 6.7)	7.6 (5.9 - 9.7)	9.7 (6.8 - 13.7)	11.7 (7.3 - 18.2)	13.2 (7.2 - 23.1)	1.21 (1.04 - 1.41)
KP.1.1.1	5.1 (4.1 - 6.2)	8.5 (6.6 - 10.8)	13.3 (9.3 - 18.7)	19.7 (12.2 - 30.2)	27.5 (15.4 - 44.0)	1.49 (1.24 - 1.79)
JN.1	2.9 (2.2 - 3.8)	1.4 (1.0 - 2.0)	0.7 (0.4 - 1.0)	0.3 (0.2 - 0.5)	0.1 (0.1 - 0.2)	0.44 (0.39 - 0.49)
JN.1.8.1	2.1 (1.5 - 2.9)	1.3 (0.8 - 2.1)	0.8 (0.5 - 1.4)	0.5 (0.2 - 0.9)	0.2 (0.1 - 0.6)	0.57 (0.50 - 0.66)
JN.1.16	2.8 (2.1 - 3.7)	3.6 (2.5 - 5.2)	4.4 (2.6 - 7.3)	5.0 (2.6 - 9.7)	5.4 (2.3 - 12.3)	1.15 (0.94 - 1.40)
JN.1.4.5	1.5 (1.0 - 2.2)	0.9 (0.6 - 1.6)	0.5 (0.3 - 1.0)	0.3 (0.1 - 0.6)	0.1 (0.1 - 0.4)	0.55 (0.47 - 0.64)
Other lineages	13.4 (11.8 - 15.2)	9.9 (8.3 - 11.8)	6.9 (5.4 - 8.7)	4.5 (3.3 - 6.1)	2.8 (1.8 - 4.2)	0.66 (0.60 - 0.71)

**Note:** The Nowcast model uses six weeks of daily representative surveillance data in a multinomial logistic regression that estimates and projects the prevalence of SARS-CoV-2 lineages. The weekly relative growth rate is a measure of a lineage’s growth rate relative to the reference lineage and is estimated in the Nowcast model. The weekly relative growth rate and projections may be overestimated for emerging lineages. The prevalence estimates and projections presented are from the Wednesday (mid-point) of the specified week. Lineages with at least 21 days of non-zero case counts were included in the model separately. ‘Other lineages’ includes all other lineages combined that did not individually have at least 21 days of non-zero case counts. Lineages that had at least one day with a prevalence of 5% or greater in the 12 week period (six observed and six projected) were included in the table. Only two weeks of observed and three weeks of projected data are shown. Prevalence estimates are based on the model and are not expected to be the same as the observed data (e.g. Table 2). Details on the methodology used to calculate Nowcast prevalence estimates, projections, and the weekly relative growth rates can be found in the technical notes.

**Data sources:** Ontario Health Data Platform - Public Health Analytic Environment (OHDP-PHAE)

**Table 4. Number and percentage of SARS-CoV-2 cases by Pango lineage and age group, representative surveillance, Ontario, April 14 to May 11, 2024**

Pango lineage	Ages: 0-4	Ages: 5-11	Ages: 12-19	Ages: 20-39	Ages: 40-59	Ages: 60-79	Ages: 80 and over	Total
KP.3	14 (30.4%)	1 (33.3%)	2 (20.0%)	27 (20.3%)	39 (21.8%)	133 (25.1%)	242 (25.8%)	458 (24.9%)
KS.1	2 (4.3%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	19 (14.3%)	15 (8.4%)	46 (8.7%)	63 (6.7%)	145 (7.9%)
JN.1.4	1 (2.2%)	1 (33.3%)	0 (0.0%)	14 (10.5%)	19 (10.6%)	33 (6.2%)	74 (7.9%)	142 (7.7%)
KP.2	5 (10.9%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	11 (8.3%)	10 (5.6%)	37 (7.0%)	65 (6.9%)	128 (7.0%)
JN.1.7	2 (4.3%)	0 (0.0%)	1 (10.0%)	1 (0.8%)	9 (5.0%)	29 (5.5%)	59 (6.3%)	101 (5.5%)
LB.1	4 (8.7%)	0 (0.0%)	2 (20.0%)	3 (2.3%)	13 (7.3%)	23 (4.3%)	48 (5.1%)	93 (5.1%)
KP.1.1.1	1 (2.2%)	0 (0.0%)	2 (20.0%)	5 (3.8%)	10 (5.6%)	33 (6.2%)	32 (3.4%)	83 (4.5%)
JN.1	1 (2.2%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	6 (4.5%)	6 (3.4%)	26 (4.9%)	39 (4.2%)	78 (4.2%)
KP.1.1	2 (4.3%)	1 (33.3%)	1 (10.0%)	10 (7.5%)	9 (5.0%)	16 (3.0%)	35 (3.7%)	74 (4.0%)
JN.1.16.1	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	5 (3.8%)	5 (2.8%)	12 (2.3%)	44 (4.7%)	66 (3.6%)
Other recombinant	1 (2.2%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	6 (4.5%)	5 (2.8%)	24 (4.5%)	39 (4.2%)	75 (4.1%)
Other Omicron	13 (28.3%)	0 (0.0%)	2 (20.0%)	26 (19.5%)	39 (21.8%)	118 (22.3%)	197 (21.0%)	395 (21.5%)
<b>Total sequenced</b>	<b>46 (100%)</b>	<b>3 (100%)</b>	<b>10 (100%)</b>	<b>133 (100%)</b>	<b>179 (100%)</b>	<b>530 (100%)</b>	<b>937 (100%)</b>	<b>1,838 (100%)</b>

**Note:** Includes the most prevalent lineages detected in the past month. Age was assigned based on the birth date provided in OCGN, and if missing, based on the birth date from CCM; excludes cases with missing birth dates.

**Data sources:** Ontario Health Data Platform - Public Health Analytic Environment (OHDP-PHAE), Public Health Case and Contact Management Solution (CCM)



**Table 5. Number and percentage of SARS-CoV-2 cases by Pango lineage and geographic region, representative surveillance, Ontario, April 14 to May 11, 2024**

Pango lineage	North West	North East	Eastern	Central East	Toronto	South West	Central West	Total
KP.3	3 (5.4%)	75 (65.8%)	94 (34.3%)	131 (24.3%)	58 (14.2%)	27 (17.5%)	70 (23.5%)	458 (24.9%)
KS.1	0 (0.0%)	2 (1.8%)	3 (1.1%)	61 (11.3%)	52 (12.7%)	22 (14.3%)	6 (2.0%)	146 (7.9%)
JN.1.4	1 (1.8%)	0 (0.0%)	36 (13.1%)	35 (6.5%)	21 (5.1%)	17 (11.0%)	32 (10.7%)	142 (7.7%)
KP.2	0 (0.0%)	4 (3.5%)	6 (2.2%)	34 (6.3%)	40 (9.8%)	24 (15.6%)	20 (6.7%)	128 (6.9%)
JN.1.7	31 (55.4%)	6 (5.3%)	20 (7.3%)	9 (1.7%)	11 (2.7%)	0 (0.0%)	24 (8.1%)	101 (5.5%)
LB.1	0 (0.0%)	8 (7.0%)	5 (1.8%)	42 (7.8%)	23 (5.6%)	9 (5.8%)	6 (2.0%)	93 (5.0%)
KP.1.1.1.1	0 (0.0%)	0 (0.0%)	5 (1.8%)	15 (2.8%)	42 (10.3%)	2 (1.3%)	20 (6.7%)	84 (4.6%)
JN.1	1 (1.8%)	2 (1.8%)	29 (10.6%)	11 (2.0%)	18 (4.4%)	4 (2.6%)	13 (4.4%)	78 (4.2%)
KP.1.1	0 (0.0%)	0 (0.0%)	5 (1.8%)	34 (6.3%)	25 (6.1%)	8 (5.2%)	4 (1.3%)	76 (4.1%)
JN.1.16.1	0 (0.0%)	6 (5.3%)	11 (4.0%)	28 (5.2%)	10 (2.5%)	10 (6.5%)	1 (0.3%)	66 (3.6%)
Other recombinant	0 (0.0%)	2 (1.8%)	3 (1.1%)	33 (6.1%)	18 (4.4%)	8 (5.2%)	11 (3.7%)	75 (4.1%)
Other Omicron	20 (35.7%)	9 (7.9%)	57 (20.8%)	106 (19.7%)	90 (22.1%)	23 (14.9%)	91 (30.5%)	396 (21.5%)
<b>Total sequenced</b>	<b>56 (100%)</b>	<b>114 (100%)</b>	<b>274 (100%)</b>	<b>539 (100%)</b>	<b>408 (100%)</b>	<b>154 (100%)</b>	<b>298 (100%)</b>	<b>1,843 (100%)</b>

**Note:** Sample date represents the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for the most recent weeks were complete at the time of data extraction. Case counts for these weeks may increase in subsequent reports. Geographic region was assigned based on diagnosing health unit in CCM. If a case did not link to CCM (4.5%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

**Data sources:** Ontario Health Data Platform - Public Health Analytic Environment (OHDP-PHAE), Public Health Case and Contact Management Solution (CCM)

**Table 6. Number and percentage (row %) of deceased SARS-CoV-2 cases by Pango lineage, representative surveillance, Ontario, February 18 to May 11, 2024**

Pango lineage	Deceased	Total cases
KP.3	6 (1.0%)	596 (100%)
KS.1	2 (0.9%)	227 (100%)
JN.1.4	8 (1.2%)	695 (100%)
KP.2	1 (0.5%)	200 (100%)
JN.1.7	3 (1.3%)	236 (100%)
LB.1	1 (1.0%)	100 (100%)
KP.1.1.1	0 (0.0%)	87 (100%)
JN.1	15 (1.5%)	1,003 (100%)
KP.1.1	1 (1.1%)	90 (100%)
JN.1.16.1	0 (0.0%)	79 (100%)
Other recombinant	2 (1.0%)	193 (100%)
Other Omicron	22 (1.5%)	1,449 (100%)
<b>Total sequenced</b>	<b>61 (1.2%)</b>	<b>4,955 (100%)</b>

**Note:** Includes the most prevalent lineages detected in the past month. Cases include only those that linked to CCM (96.1%). Deceased cases include cases that reported a “Fatal” outcome and the type of death value in CCM was not ‘DOPHS was unrelated to cause of death’ or ‘Under PHU Review’ at the time of data extraction. Factors, such as age, that may affect the risk of SARS-CoV-2 death are not accounted for in these analyses. Results may not be representative of Ontario overall. Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Sample date represents the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for the most recent weeks were complete at the time of data extraction. Case counts for these weeks may increase in subsequent reports.

**Data Sources:** Ontario Health Data Platform - Public Health Analytic Environment (OHDP-PHAE), Public Health Case and Contact Management Solution (CCM) - death indicators

## Cumulative Whole Genome Sequencing Results

**Table 7. Number of SARS-CoV-2 cases by Pango lineage, cumulative counts, Ontario, April 14 to May 11, 2024**

WHO label / Pango lineage	April 14 - May 11, 2024
<b>Omicron</b>	<b>1,768</b>
BA.2	1
BA.2.86.1	1
BA.4.6	1
JN.1	78
JN.1.1	6
JN.1.1.6	1
JN.1.10	1
JN.1.11	2
JN.1.11.1	14
JN.1.13	1
JN.1.13.1	27
JN.1.16	45
JN.1.16.1	66
JN.1.18	18
JN.1.18.2	3
JN.1.19	1
JN.1.2	2
JN.1.22	6
JN.1.32	6
JN.1.39	10
JN.1.4	142
JN.1.4.2	1
JN.1.4.3	1
JN.1.4.5	28
JN.1.4.6	2
JN.1.4.7	13
JN.1.40	15
JN.1.42	1
JN.1.47.2	6
JN.1.48	1

WHO label / Pango lineage	April 14 - May 11, 2024
JN.1.48.1	4
JN.1.5	1
JN.1.6	12
JN.1.6.1	1
JN.1.7	101
JN.1.7.2	4
JN.1.8.1	49
JN.1.9	1
JN.1.9.2	3
JQ.2.1	1
KP.1.1	76
KP.1.1.1	84
KP.1.2	2
KP.2	128
KP.2.1	14
KP.2.2	18
KP.2.3	24
KP.3	458
KP.4.1	17
KP.4.2	2
KQ.1	2
KR.1	2
KS.1	146
KU.2	2
KV.2	9
KW.1	7
KW.1.1	3
LA.1	3
LA.2	1
LB.1	93
<b>Recombinant</b>	<b>75</b>
HV.1	1
JD.1.1	2
XDK	21
XDK.1	37

WHO label / Pango lineage	April 14 - May 11, 2024
XDP	3
XDQ.1	2
XDV.1	9
<b>Total sequenced</b>	<b>1,843</b>

**Note:** Results do not represent all Ontario cases. Includes results from the OHDP-PHAE from the past year. Pango lineage assignments may change over time, which may impact cumulative totals. Results should be interpreted with caution as frequencies do not reflect prevalence. Sample date represents the earliest date available for the sample. If more than one sample was sequenced for a case, the most recent sample was included.

**Data sources:** Ontario Health Data Platform - Public Health Analytic Environment (OHDP-PHAE)

# Notes techniques

## Sources des données

Plateforme ontarienne des données de santé publique — Environnement analytique de santé publique (PODS-EASP)

- Les données du Réseau génomique COVID-19 de l'Ontario (RGCO) ont été extraites de la Plateforme ontarienne des données de santé publique – Environnement analytique de santé publique (PODS-EASP) le 23 mai 2024 à 9 h environ.

Santé publique Ontario (SPO)

- Les données ont été soumises à la PODS-EASP le 22 mai 2024 à 10 h 30 environ.

The Hospital for Sick Children (HSC)

- Les données ont été soumises à la PODS-EASP le 21 mai 2024 à 10 h 45 environ.

Centre des sciences de la santé de Kingston (CSSK)

- Les données ont été soumises à la PODS-EASP le 21 mai 2024 à 11 h environ.

Laboratoire hospitalier partagé (LHP)

- Les données ont été soumises à la PODS-EASP le 21 mai 2024 à 14 h environ.

Hamilton Regional Laboratory Medicine Program (HRLMP)

- Les données ont été soumises à la PODS-EASP le 21 mai 2024 à 13 h environ.

Solution de gestion des cas et de contacts pour la santé publique (Solution GCC)

- Les données ont été extraites de la Solution de gestion des cas et de contacts le 21 mai 2024 à 13 h environ.

## Stratégie ontarienne de séquençage du génome entier du SRAS-CoV-2

- La stratégie ontarienne de séquençage du génome entier a débuté au début de l'année 2021 dans le but de confirmer l'identification des variants préoccupants à partir des tests PCR. Depuis le 2 mai 2021, la stratégie a évolué vers une surveillance représentative. Les laboratoires d'analyses diagnostiques envoient actuellement tous les échantillons admissibles (diagnostic PCR avec Ct ≤ 30 et les volumes suffisants restants) à l'un des cinq laboratoires du RGCO pour un séquençage du génome entier.
- Depuis le 31 décembre 2021, les tests diagnostiques par PCR sont réservés aux populations les plus vulnérables. Le ministère de la Santé continue de mettre régulièrement à jour ses [directives pour les tests de dépistage](#), cependant, la surveillance représentative ne s'applique qu'aux populations testées.

## Méthodologie et mises en garde concernant les données : Réseau génomique COVID-19 de l'Ontario (RGCO)

- Une lignée Pango est attribuée au moyen de l'outil d'attribution phylogénétique des lignées d'épidémies mondiales nommées (PANGOLIN), un logiciel conçu pour prévoir les lignées de SRAS-CoV-2 à partir des séquences du génome et des lignées mondiales. Les lignées ont été rapportées en utilisant la version 4.3.1, la version des données de PANGOLIN 1.27, la version d'attribution de PANGOLIN 1.27, la version scorpio 0.3.19 et la version constellations 0.1.12 de PANGOLIN.
- La nomenclature des lignées évolue. La dénomination et la désignation des lignées Pango peuvent changer à mesure que d'autres échantillons sont séquencés et analysés dans le monde.
- La logistique liée aux échantillons destinés au séquençage du génome entier est complexe, car les échantillons doivent circuler dans un vaste réseau de laboratoires. Nous ne sommes pas en mesure de vérifier que tous les échantillons admissibles sont envoyés aux laboratoires du RGCO pour séquençage.
- Les données soumises à la PODS-EASP par les laboratoires du RGCO n'ont pas fait l'objet d'une vérification indépendante.
- Les dates associées aux échantillons soumis par les laboratoires du réseau varient en raison de la logistique d'échantillonnage et de la différence entre les systèmes de gestion de l'information des laboratoires. Les dates associées aux échantillons de SGE ont été assignées suivant une hiérarchie : date de prélèvement de l'échantillon > date d'obtention du diagnostic de SRAS-CoV-2 > date de déclaration du diagnostic de SRAS-CoV-2 > date de réception du résultat du test PCR de dépistage des VP > date de déclaration du résultat du test PCR de dépistage des VP > date de réception du résultat de SGE > date de déclaration du résultat de SGE. Les semaines ont été établies pour correspondre aux semaines de surveillance utilisées par l'Agence de la santé publique du Canada pour la production de rapports sur l'influenza.
- Les échantillons provenant d'un même cas sont reliés s'ils sont associés à un même numéro de carte Santé ou s'ils portent le même prénom, nom de famille et date de naissance. En cas de séquençage de plus d'un échantillon pour un cas, c'est le plus récent qui était utilisé. Cela peut transférer un cas à une semaine plus récente si un échantillon subséquent a été séquencé à partir du même cas. Il se peut que les échantillons de quelques cas ne soient pas liés en raison d'incohérences ou de saisie erronée des données.
- Les résultats pour les récentes semaines sont incomplets, car le séquençage et les analyses bio-informatiques n'étaient pas terminés au moment de l'extraction des données.
- Une région géographique a été attribuée en fonction du bureau de santé ayant posé le diagnostic dans la Solution GCC. En l'absence d'un lien entre le cas et la Solution GCC (4,5 %), le bureau de santé publique était assigné au moyen du code postal du patient figurant dans le RGCO ou, en l'absence de ce dernier, du code postal du fournisseur ayant présenté la demande.
- La région du Nord-Ouest comprend le bureau de santé du Nord-Ouest et le bureau de santé du district de Thunder Bay; la région du Nord-Est comprend Santé publique Algoma, le bureau de santé du district de North Bay-Parry Sound, le bureau de santé Porcupine, le Service de santé publique de Sudbury et du district et le bureau de santé de Témiskamingue; la région de l'Est comprend le bureau de santé de l'est de l'Ontario, le bureau de santé de Hastings et Prince Edward, le bureau de santé de Kingston, Frontenac, Lennox et Addington (KFLA), le bureau de santé du district de Leeds, Grenville et Lanark, Santé publique Ottawa et le bureau de santé du

comté et du district de Renfrew; la région du Centre-Est comprend le bureau de santé de la Région de Durham, le bureau de santé du district d'Haliburton, Kawartha et Pine Ridge, le bureau de santé de la région de Peel, le bureau de santé de Peterborough, le bureau de santé du district de Simcoe Muskoka et le service de santé de la région de York; la région de Toronto comprend le bureau de santé de Toronto; la région du Sud-Ouest comprend le bureau de santé de Chatham-Kent, le bureau de santé Grey Bruce, la circonscription sanitaire du district de Huron et Perth, le bureau de santé publique de Lambton, le bureau de santé Middlesex-London, le bureau de santé du Sud-Ouest et l'unité sanitaire de Windsor-Essex; la région du Centre-Ouest comprend le bureau de santé du comté de Brant, les services de santé publique de Hamilton, le bureau de santé d'Haldimand-Norfolk, le bureau de santé de la région de Halton, le bureau de santé de la région du Niagara, le bureau de santé et les services d'urgence de la région de Waterloo et le bureau de santé de Wellington-Dufferin-Guelph.

- En ce qui concerne la surveillance représentative, il est possible que les résultats ne soient pas représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. Les échantillons sélectionnés incluent une proportion des échantillons admissibles reçus par les laboratoires du RGCO conformément à la stratégie de séquençage du génome entier.
  - Les données provenant des laboratoires du RGCO couvrent différentes périodes, soit depuis le 1<sup>er</sup> janvier 2021 pour SPO, depuis le 21 avril 2021 pour le HSC, depuis le 1<sup>er</sup> janvier 2021 pour le CSSK, depuis le 26 mars 2021 pour le LHP et depuis le 11 avril 2021 pour le HRLMP.

## Méthodologie : estimations rapides, projections et taux de croissance relative hebdomadaire

- Les estimations rapides et les projections sont générées au moyen d'un modèle de régression logistique multinomial. Le modèle d'estimation rapide se fonde sur six semaines de données de surveillance représentative quotidienne allant jusqu'à la date la plus récente, et le temps sert de prédicteur unidimensionnel du modèle. Les lignes pour lesquelles au moins une journée affichait une prévalence estimée ou projetée de 5 % ou plus ont été incluses dans le tableau et la figure. Les lignes pour lesquelles un compte non nul de cas avait été enregistré pendant au moins 21 jours ont été incluses dans le modèle.
- Les estimations rapides projetées sont les prédictions futures de la prévalence après la plus récente date de données observées.
- Le taux de croissance relative hebdomadaire est une mesure de la croissance d'une lignée par rapport à une lignée de référence<sup>6</sup> sur une période de sept jours. Des taux de croissance relative supérieurs à 1 indiquent un taux de croissance accru par rapport à la valeur de référence; des taux de croissance relative inférieurs à 1 indiquent un taux de croissance réduit par rapport à la valeur de référence.
- Ces taux de croissance relative hebdomadaires peuvent être calculés par exponentiation du coefficient de sélection hebdomadaire tiré du modèle d'estimation rapide.
  - Le coefficient de sélection est la différence qui existe entre les taux de croissance de deux lignes ( $\Delta r = r_{\text{lignée}} - r_{\text{référence}}$ ), et il peut être dérivé à partir d'un modèle de régression logistique dans lequel le résultat est la fréquence relative d'une lignée et le prédicteur, la date, mesurée en semaines<sup>6,7</sup>.
  - Le taux de croissance relatif hebdomadaire et les projections peuvent être surestimés pour les lignes émergentes.



## Méthodologie et mises en garde concernant les données : Solution de gestion des cas et de contacts pour la santé publique (Solution GCC)

- La Solution GCC est un système dynamique de déclaration des maladies, qui permet de mettre à jour en continu les données précédemment saisies. Par conséquent, les données extraites de la Solution GCC constituent un instantané au moment de l'extraction et peuvent différer des résumés précédents ou ultérieurs.
- Les méthodes utilisées pour traiter les données sur les cas de la Solution GCC sont décrites à la section [Notes techniques](#) de l'Outil de surveillance des virus respiratoires en Ontario.
- Les corrections ou les mises à jour des données peuvent entraîner le retrait ou la mise à jour de dossiers de cas dans les résumés précédents.
- Les dates associées aux cas de SRAS-CoV-2 en Ontario ont été assignées suivant une hiérarchie afin de mieux correspondre aux dates des échantillons utilisés pour la surveillance représentative : date du prélèvement de l'échantillon > date de déclaration du test > date de déclaration du cas. Par conséquent, le nombre de cas peut différer de celui d'autres résumés fondés sur des dates différentes.
- Les cas étaient reliés à la GCC s'ils étaient associés à un même numéro de carte Santé ou s'ils portaient le même prénom, nom de famille et date de naissance. Il se peut que les échantillons de quelques cas n'aient pas été liés en raison de divergences dans les identifiants des patients ou encore si les patients n'étaient pas des résidents de l'Ontario (le bureau de santé ayant posé le diagnostic était désigné comme étant le ministère de la Santé).
- Les tableaux illustrant les indicateurs relatifs aux décès incluent uniquement les cas liés à la Solution GCC (96,1 % des cas).
- Les données portant sur les décès sont probablement sous-déclarées, car ces événements peuvent se produire après le suivi des cas effectué par la santé publique. Les patients qui sont décédés après le suivi peuvent ne pas apparaître dans la Solution GCC.
- À des fins de surveillance, un décès attribuable au SRAS-CoV-2 est défini comme un décès résultant d'une maladie cliniquement compatible, à moins qu'une autre cause de décès qui ne peut être liée au SRAS-CoV-2 n'ait été clairement identifiée (p. ex., traumatisme, aide médicale à mourir). Il ne devrait y avoir aucune période de rétablissement complet du SRAS-CoV-2 entre la maladie et le signalement du décès.
- Le nombre de décès est déterminé à l'aide des champs de résultat et de type de décès dans la Solution GCC. Les décès attribuables au SRAS-CoV-2 sont pris en compte quand la valeur indiquée dans le champ de résultat est « Fatal » et que le type de décès n'est pas « une MISIP n'est pas liée à la cause du décès » ou « en cours d'examen par le BSP ».

## Bibliographie

1. Agence de la santé publique du Canada. *Variants du SRAS-CoV-2 : Définitions, désignations et mesures de santé publique nationales* [Internet], Ottawa (Ontario), gouvernement du Canada [modifié le 12 avril 2024; cité le 27 août 2021]. Disponible à : <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/maladies/2019-nouveau-coronavirus/professionnels-sante/tests-diagnostic-declaration-cas/variants-sras-cov-2-definitions-classifications-mesures-sante-publique-nationales.html>
2. Organisation mondiale de la Santé. *Suivi des variants du SARS-CoV-2* [Internet], Genève, Suisse, 2021 [modifié le 14 mai 2024; cité le 1<sup>er</sup> novembre 2021]. Disponible à : <https://www.who.int/fr/activities/tracking-SRAS-CoV-2-variants/tracking-SRAS-CoV-2-variants>
3. Centre européen de prévention et de contrôle des maladies. *SARS-CoV-2 variants of concern as of 15 December 2023* [Internet], Stockholm, Suède, 2021 [modifié le 8 mai 2024; cité le 1<sup>er</sup> novembre 2021]. Disponible à : <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>
4. Rambaut, A., E. C. Holmes, Á. O'Toole, V. Hill, J. T. McCrone, C. Ruis et coll. « A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology », *Nat Microbiol*, 2020, vol. 5, n° 11, p. 1403-1407. Disponible à : <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0770-5>
5. *cov-lineages / pangolin* [Internet], 2020 [cité le 29 mai 2021], GitHub. Disponible à : <https://github.com/cov-lineages/pangolin>
6. Davies, N., S. Abbott, R. Barnard, C. I. Jarvis, A. J. Kucharski, J. D. Munday et coll. « Estimated transmissibility and impact of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7 in England », *Science*, 2021, vol. 372, n° 6538, eabg3055. Disponible à : <https://doi.org/10.1126/science.abg3055>
7. Campbell, F, B. Archer, H. Laurenson-Schafer, Y. Jinnai, F. Konings, N. Batra et coll. « Increased transmissibility and global spread of SARS-CoV-2 variants of concern as at June 2021 », *Euro Surveill*, 2021, vol. 26, n° 24. Disponible à : <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.24.2100509>

## Modèle proposé pour citer le document

Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). *Résumé épidémiologique hebdomadaire : Surveillance génomique du SRAS-CoV-2 en Ontario, le 27 mai 2024*, Toronto (Ontario), Imprimeur du Roi pour l'Ontario, 2024.

## Avis de non-responsabilité

Santé publique Ontario (SPO) a élaboré le présent document. SPO fournit des conseils scientifiques et techniques au gouvernement de l'Ontario, aux organisations de santé publique et aux fournisseurs de soins de santé. Son travail est fondé sur les données probantes disponibles au moment de la préparation du présent document. La responsabilité de l'application et de l'utilisation du présent document incombe aux utilisateurs. SPO n'assume aucune responsabilité à l'égard d'une telle application ou utilisation. Le présent document peut être utilisé librement sans autorisation à des fins non commerciales, mais seulement si SPO est mentionnée de façon appropriée. Aucune modification ne peut être apportée au contenu sans l'autorisation explicite écrite de SPO.

## Pour en savoir plus

Pour obtenir plus de renseignements, faites parvenir un courriel à [communications@oahpp.ca](mailto:communications@oahpp.ca).

## Santé publique Ontario

Santé publique Ontario est un organisme du gouvernement de l'Ontario voué à la protection et à la promotion de la santé de l'ensemble de la population ontarienne, ainsi qu'à la réduction des iniquités en matière de santé. Santé publique Ontario met les connaissances et les renseignements scientifiques les plus pointus du monde entier à la portée des professionnels de la santé publique, des travailleurs de la santé de première ligne et des chercheurs.

Pour obtenir plus de renseignements au sujet de SPO, veuillez consulter [santepubliqueontario.ca](http://santepubliqueontario.ca).