

RÉSUMÉ ÉPIDÉMIOLOGIQUE HEBDOMADAIRE

Surveillance génomique du SRAS-CoV-2 en Ontario, le 1^{er} avril 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 27 mars 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.¹⁻³

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., BJ.1 et BM.1.1.1 se recombinent pour former XBB). Les sous-lignées de XBB comprennent XBB.1.16, et HV.1 (pseudonyme de XBB.1.9.2.5.1.6.1). 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 Pango⁴ grâce à l'outil Pangolin⁵, ce qui permet d'identifier les lignées.

Faits saillants

- Au total, 400 échantillons ont été séquencés au cours de la plus récente semaine (du 10 au 16 mars). La lignée JN.1 était la plus prévalente (42,8 %), suivie des lignées JN.1.4 (21,0 %), et JN.1.11.1 (8,8 %).
- La proportion de cas de JN.1 est demeurée stable à 42,3 % (du 3 au 9 mars) et 42,8 % (du 10 au 16 mars).
 - En se fondant sur le modèle d'estimation rapide, on s'attend à ce que la lignée JN.1 diminue à 23,7 % (IC à 95 % : 15,5 % à 34,6 %) d'ici le 3 avril 2024.
- La proportion de cas de JN.1.4 a baissé de 25,6 % (du 3 au 9 mars) à 21,0 % (du 10 au 16 mars).
 - En se fondant sur le modèle d'estimation rapide, on s'attend à ce que la lignée JN.1.4 diminue à 17,2 % (IC à 95 % : 11,0 % à 25,9 %) d'ici le 3 avril 2024. Le taux de croissance hebdomadaire de JN.1.4 est 1,05 fois (IC à 95 % : 1,00 % à 1,11 %) plus élevé que celui de JN.1.

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

Representative Surveillance

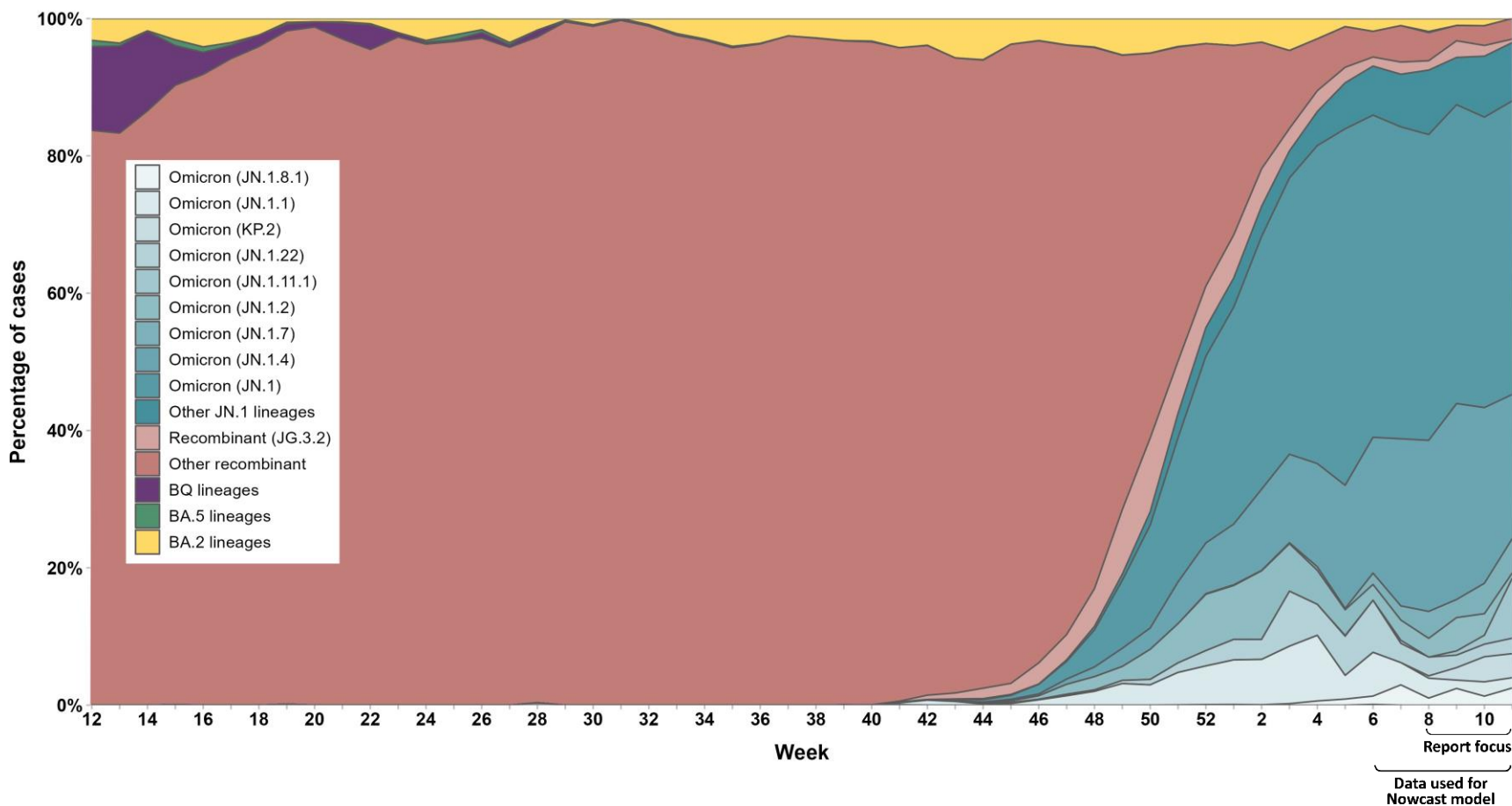
Table 1. Number of SARS-CoV-2 cases, number and percentage of cases sequenced for representative surveillance by week, Ontario, February 18 to March 16, 2024

Week	Number of cases	Number sequenced	Percentage sequenced
Week 8 (February 18 - February 24)	1,016	586	57.7%
Week 9 (February 25 – March 2)	876	494	56.4%
Week 10 (March 3 – March 9)	736	383	52.0%
Week 11 (March 10 – March 16)	640	400	62.5%
Total	3,268	1,863	57.0%

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, March 19, 2023 to March 16, 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)

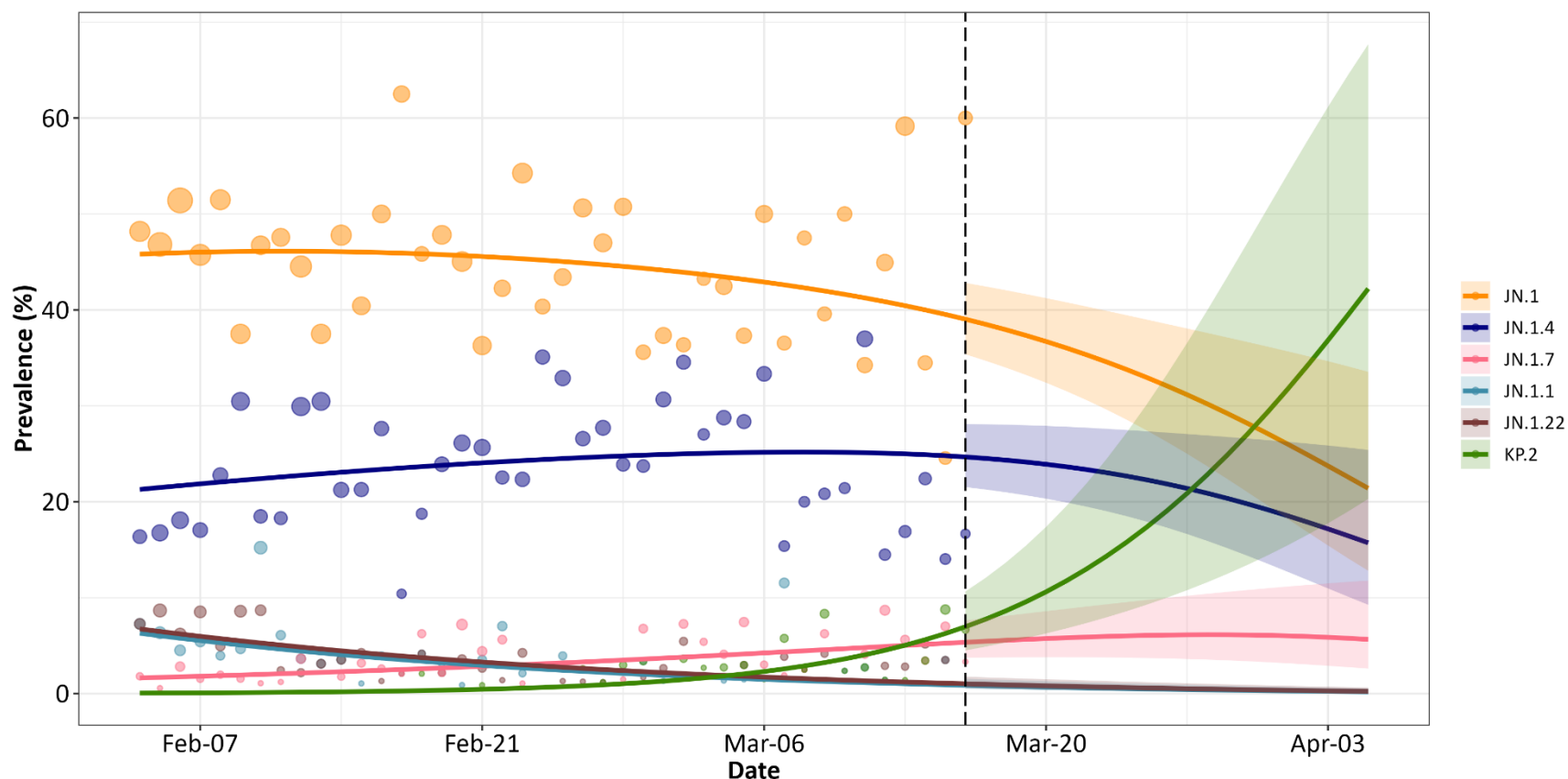
Table 2. Number and percentage of SARS-CoV-2 cases by Pango lineage and week, representative surveillance, Ontario, February 18 to March 16, 2024

Pango lineage	Week 8 (February 18- February 24)	Week 9 (February 25- March 2)	Week 10 (March 3- March 9)	Week 11 (March 10- March 16)	Total (February 18- March 16)
JN.1	261 (44.5%)	215 (43.5%)	162 (42.3%)	171 (42.8%)	809 (43.4%)
JN.1.4	146 (24.9%)	141 (28.5%)	98 (25.6%)	84 (21.0%)	469 (25.2%)
JN.1.7	23 (3.9%)	13 (2.6%)	17 (4.4%)	20 (5.0%)	73 (3.9%)
JN.1.2	16 (2.7%)	24 (4.9%)	12 (3.1%)	3 (0.8%)	55 (3.0%)
JN.1.11.1	0 (0.0%)	3 (0.6%)	5 (1.3%)	35 (8.8%)	43 (2.3%)
JN.1.22	16 (2.7%)	9 (1.8%)	7 (1.8%)	9 (2.2%)	41 (2.2%)
KP.2	2 (0.3%)	9 (1.8%)	14 (3.7%)	14 (3.5%)	39 (2.1%)
JN.1.1	17 (2.9%)	6 (1.2%)	8 (2.1%)	6 (1.5%)	37 (2.0%)
JN.1.8.1	6 (1.0%)	12 (2.4%)	5 (1.3%)	10 (2.5%)	33 (1.8%)
JG.3.2	8 (1.4%)	12 (2.4%)	6 (1.6%)	2 (0.5%)	28 (1.5%)
Other recombinant	24 (4.1%)	11 (2.2%)	11 (2.9%)	12 (3.0%)	58 (3.1%)
Other Omicron	67 (11.4%)	39 (7.9%)	38 (9.9%)	34 (8.5%)	178 (9.6%)
Total sequenced	586 (100%)	494 (100%)	383 (100%)	400 (100%)	1,863 (100%)

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, February 4 to April 6, 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, February 4 to April 6, 2024

Pango lineage	Week 10 (March 6): Estimated	Week 11 (March 13): Estimated	Week 12 (March 20): Projected	Week 13 (March 27): Projected	Week 14 (April 3): Projected	Weekly relative growth rate
JN.1	42.9 (40.4 - 45.5)	40.4 (37.2 - 43.8)	36.7 (32.4 - 41.2)	31.2 (25.0 - 38.1)	23.7 (15.5 - 34.6)	1.00 (reference)
JN.1.4	25.2 (23.0 - 27.5)	25.0 (22.2 - 28.1)	23.9 (20.3 - 27.9)	21.4 (16.6 - 27.1)	17.2 (11.0 - 25.9)	1.05 (1.00 - 1.11)
JN.1.7	4.2 (3.3 - 5.4)	5.0 (3.6 - 6.9)	5.7 (3.8 - 8.6)	6.1 (3.6 - 10.2)	5.9 (2.9 - 11.5)	1.26 (1.12 - 1.41)
JN.1.22	1.7 (1.2 - 2.5)	1.2 (0.7 - 2.0)	0.8 (0.5 - 1.5)	0.5 (0.3 - 1.1)	0.3 (0.1 - 0.7)	0.75 (0.66 - 0.84)
KP.2	2.3 (1.7 - 3.2)	5.0 (3.5 - 7.3)	10.6 (6.3 - 17.4)	20.9 (10.8 - 36.5)	36.8 (17.8 - 61.1)	2.32 (1.80 - 2.98)
JN.1.1	1.5 (1.0 - 2.2)	1.0 (0.6 - 1.7)	0.7 (0.4 - 1.3)	0.4 (0.2 - 0.9)	0.2 (0.1 - 0.6)	0.73 (0.64 - 0.84)
Other lineages	15.9 (14.1 - 17.9)	16.2 (13.8 - 18.9)	15.8 (12.8 - 19.3)	14.5 (10.8 - 19.1)	11.9 (7.3 - 18.6)	1.08 (1.02 - 1.14)

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, February 18 to March 16, 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
JN.1	31 (36.0%)	6 (54.5%)	6 (66.7%)	58 (37.7%)	75 (38.5%)	239 (43.2%)	393 (46.1%)	808 (43.4%)
JN.1.4	22 (25.6%)	4 (36.4%)	0 (0.0%)	39 (25.3%)	50 (25.6%)	117 (21.2%)	237 (27.8%)	469 (25.2%)
JN.1.7	5 (5.8%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	5 (3.2%)	10 (5.1%)	19 (3.4%)	33 (3.9%)	72 (3.9%)
JN.1.2	1 (1.2%)	0 (0.0%)	1 (11.1%)	6 (3.9%)	2 (1.0%)	12 (2.2%)	33 (3.9%)	55 (3.0%)
JN.1.11.1	1 (1.2%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	1 (0.6%)	1 (0.5%)	20 (3.6%)	20 (2.3%)	43 (2.3%)
JN.1.22	1 (1.2%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	5 (3.2%)	6 (3.1%)	16 (2.9%)	13 (1.5%)	41 (2.2%)
KP.2	5 (5.8%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	5 (3.2%)	10 (5.1%)	9 (1.6%)	10 (1.2%)	39 (2.1%)
JN.1.1	5 (5.8%)	1 (9.1%)	0 (0.0%)	3 (1.9%)	5 (2.6%)	10 (1.8%)	13 (1.5%)	37 (2.0%)
JN.1.8.1	1 (1.2%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	4 (2.6%)	4 (2.1%)	17 (3.1%)	7 (0.8%)	33 (1.8%)
JG.3.2	0 (0.0%)	0 (0.0%)	1 (11.1%)	7 (4.5%)	5 (2.6%)	9 (1.6%)	6 (0.7%)	28 (1.5%)
Other recombinant	2 (2.3%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	3 (1.9%)	8 (4.1%)	26 (4.7%)	19 (2.2%)	58 (3.1%)
Other Omicron	12 (14.0%)	0 (0.0%)	1 (11.1%)	18 (11.7%)	19 (9.7%)	59 (10.7%)	69 (8.1%)	178 (9.6%)
Total sequenced	86 (100%)	11 (100%)	9 (100%)	154 (100%)	195 (100%)	553 (100%)	853 (100%)	1,861 (100%)

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, February 18 to March 16, 2024

Pango lineage	North West	North East	Eastern	Central East	Toronto	South West	Central West	Total
JN.1	32 (51.6%)	33 (23.9%)	195 (48.0%)	140 (43.8%)	105 (45.9%)	139 (42.2%)	164 (43.6%)	808 (43.4%)
JN.1.4	18 (29.0%)	72 (52.2%)	87 (21.4%)	79 (24.7%)	45 (19.7%)	70 (21.3%)	98 (26.1%)	469 (25.2%)
JN.1.7	0 (0.0%)	0 (0.0%)	18 (4.4%)	17 (5.3%)	11 (4.8%)	16 (4.9%)	11 (2.9%)	73 (3.9%)
JN.1.2	0 (0.0%)	0 (0.0%)	12 (3.0%)	5 (1.6%)	7 (3.1%)	15 (4.6%)	16 (4.3%)	55 (3.0%)
JN.1.11.1	0 (0.0%)	0 (0.0%)	18 (4.4%)	4 (1.2%)	7 (3.1%)	8 (2.4%)	6 (1.6%)	43 (2.3%)
JN.1.22	2 (3.2%)	7 (5.1%)	8 (2.0%)	6 (1.9%)	5 (2.2%)	11 (3.3%)	2 (0.5%)	41 (2.2%)
KP.2	0 (0.0%)	0 (0.0%)	1 (0.2%)	11 (3.4%)	6 (2.6%)	12 (3.6%)	9 (2.4%)	39 (2.1%)
JN.1.1	2 (3.2%)	2 (1.4%)	9 (2.2%)	7 (2.2%)	1 (0.4%)	11 (3.3%)	4 (1.1%)	36 (1.9%)
JN.1.8.1	0 (0.0%)	0 (0.0%)	14 (3.4%)	10 (3.1%)	2 (0.9%)	4 (1.2%)	3 (0.8%)	33 (1.8%)
JG.3.2	1 (1.6%)	9 (6.5%)	4 (1.0%)	1 (0.3%)	3 (1.3%)	0 (0.0%)	10 (2.7%)	28 (1.5%)
Other recombinant	1 (1.6%)	5 (3.6%)	6 (1.5%)	7 (2.2%)	10 (4.4%)	5 (1.5%)	24 (6.4%)	58 (3.1%)
Other Omicron	6 (9.7%)	10 (7.2%)	34 (8.4%)	33 (10.3%)	27 (11.8%)	38 (11.6%)	29 (7.7%)	177 (9.5%)
Total sequenced	62 (100%)	138 (100%)	406 (100%)	320 (100%)	229 (100%)	329 (100%)	376 (100%)	1,860 (100%)

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 (3.3%), 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, December 24, 2023 to March 16, 2024

Pango lineage	Deceased	Total cases
JN.1	64 (1.3%)	4,791 (100%)
JN.1.4	32 (1.8%)	1,818 (100%)
JN.1.7	2 (1.8%)	112 (100%)
JN.1.2	10 (1.3%)	770 (100%)
JN.1.11.1	3 (6.4%)	47 (100%)
JN.1.22	7 (1.5%)	479 (100%)
KP.2	0 (0.0%)	35 (100%)
JN.1.1	12 (1.7%)	715 (100%)
JN.1.8.1	2 (2.4%)	85 (100%)
JG.3.2	6 (1.2%)	497 (100%)
Other recombinant	40 (2.0%)	2,035 (100%)
Other Omicron	16 (1.6%)	1,032 (100%)
Total sequenced	194 (1.6%)	12,416 (100%)

Note: Includes the most prevalent lineages detected in the past month. Cases include only those that linked to CCM (96.2%). 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, February 18 to March 16, 2024

WHO label / Pango lineage	February 18 - March 16, 2024
Omicron	1,777
BA.2.86.1	5
BA.5.2.1	1
DV.7.1.5	1
JN.1	809
JN.1.1	37
JN.1.1.1	1
JN.1.1.4	1
JN.1.10	1
JN.1.11	1
JN.1.11.1	43
JN.1.13	1
JN.1.13.1	22
JN.1.16	4
JN.1.17	3
JN.1.18	17
JN.1.19	6
JN.1.2	55
JN.1.20	11
JN.1.22	41
JN.1.23	3
JN.1.24	2
JN.1.3	4
JN.1.4	469
JN.1.4.2	8
JN.1.5	23
JN.1.6	7
JN.1.6.1	2
JN.1.7	73
JN.1.7.2	4
JN.1.8	10
JN.1.8.1	33
JN.1.9	15
JN.13.1	1
JN.2	1

WHO label / Pango lineage	February 18 - March 16, 2024
JN.2.5	5
JN.3	1
JQ.2	6
KP.1	8
KP.1.1	1
KP.2	39
KQ.1	2
Recombinant	86
EG.5.1.4	1
EG.5.1.6	1
GE.1.2	1
GK.1.8	1
HK.3	3
HK.3.2.1	1
HV.1	9
HV.1.6	1
JD.1.1	2
JD.1.1.5	1
JG.3	1
JG.3.2	28
KC.1	5
KL.1	2
KL.1.1	1
XBB.1.16	1
XBB.1.16.31	1
XBB.1.5	1
XDK	15
XDK.1	3
XDP	3
XDQ	1
XDR	3
Total sequenced	1,863

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 28 mars 2024 à 9 h approximativement.

Santé publique Ontario (SPO)

- Les données ont été soumises à la PODS-EASP le 26 mars 2024 à 15 h 30 approximativement.

The Hospital for Sick Children (HSC)

- Les données ont été soumises à la PODS-EASP le 26 mars à 16 h 45 approximativement.

Centre des sciences de la santé de Kingston (CSSK)

- Les données ont été soumises à la PODS-EASP le 26 mars 2024 à 12 h 45 approximativement.

Laboratoire hospitalier partagé (LHP)

- Les données ont été soumises à la PODS-EASP le 26 mars 2024 à 11 h approximativement.

Hamilton Regional Laboratory Medicine Program (HRLMP)

- Les données ont été soumises à la PODS-EASP le 27 mars 2024 à 11 h approximativement.

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 26 mars 2024 à 13 h approximativement.

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 $Ct \leq 30$ 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 ont été 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 1.26, la version d'attribution de PANGOLIN 1.26, 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 (3,3 %), 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^{er} janvier 2021 pour SPO, depuis le 21 avril 2021 pour le HSC, depuis le 1^{er} 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 vingt-et-un 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.⁶ 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 relativisés peuvent être calculés par exponentiation du coefficient de sélection tiré du modèle d'estimation rapide.
 - Le coefficient de sélection est la différence qui existe entre les taux de croissance de deux lignées ($\Delta r = r_{\text{lignée}} - r_{\text{référence}}$), 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, le temps.^{6,7}
- Le taux de croissance relatif hebdomadaire et les projections peuvent être surestimés pour les lignées 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 (96,2 % 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 MISP n'est pas liée à la cause du décès » ou « en cours d'examen par le BSP ».

Bibliographie

1. Agence de santé publique du Canada. Variants du SRAS-CoV-2 : Définitions, classifications et mesures de santé publique nationales. [En ligne.] Ottawa, ON : gouvernement du Canada [modifié le 20 décembre 2023; cité le 27 août 2021]. Accessible 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. Tracking SRAS-CoV-2 variants [en ligne]. Genève, Suisse; 2021 [modifié le 16 février 2024; cité le 1^{er} novembre 2021]. Accessible 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. SRAS-CoV-2 variants of concern as of 15 December 2023 [en ligne]. Stockholm, Suède; 2021 [modifié le 20 mars 2024; cité le 1^{er} novembre 2021]. Accessible à : <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>
4. Rambaut A, Holmes EC, O'Toole Á, Hill V, McCrone JT, Ruis C, et coll. A dynamic nomenclature proposal for SRAS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nat Microbiol.* 2020; 5(11):1403-7. Accessible à : <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0770-5>
5. cov-lineages. pangolin [en ligne]. 2020 [cité le 29 mai 2021]. GitHub. Accessible à : <https://github.com/cov-lineages/pangolin>
6. Davies N, Abbott S, Barnard R, Jarvis CI, Kucharski AJ, Munday JD, et coll. Estimated transmissibility and impact of SRAS-CoV-2 lineage B.1.1.7 in England. *Science.* 2021; 372(6538) : eabg3055. Accessible à : <https://doi.org/10.1126/science.abg3055>
7. Campbell F, Archer B, Laurenson-Schafer H, Jinnai Y, Konings F, Batra N, et coll. Increased transmissibility and global spread of SRAS-CoV-2 variants of concern as of June 2021. *Euro Surveill.* 2021; 26(24). Accessible 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 : Séquençage du génome entier du SRAS-CoV-2 en Ontario, 1^{er} avril 2024. Toronto, Ontario : Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2024.

Avis de non-responsabilité

Santé publique Ontario (SPO) a conçu le présent document. SPO fournit des conseils scientifiques et techniques au gouvernement de l'Ontario, aux organismes de santé publique et aux fournisseurs de soins de santé. Les travaux de SPO s'appuient sur les meilleures données probantes disponibles au moment de leur publication. L'application et l'utilisation de ce document relèvent de la responsabilité de l'utilisateur. SPO n'assume aucune responsabilité relativement aux conséquences de l'application ou de l'utilisation du document par quiconque. Le présent document peut être reproduit sans permission à des fins non commerciales seulement, sous réserve d'une mention appropriée de Santé publique Ontario. Aucun changement et/ou modification ne peut être apporté à ce document sans l'autorisation écrite expresse de SPO.

Pour plus de renseignements

Pour obtenir plus de renseignements, envoyez un courriel à communications@oahpp.ca.

Santé publique Ontario

Santé publique Ontario est un organisme du gouvernement de l'Ontario qui a pour mission de protéger et de promouvoir la santé de tous les Ontariens et de réduire les inégalités 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.

Imprimeur du Roi pour l'Ontario, 2024

Ontario 