

RAPPORT DE SURVEILLANCE

Surveillance génomique de l'influenza en Ontario : Début de saison 2023-24

Publication : Janvier 2024

Introduction

Ce rapport présente un résumé des résultats du séquençage du génome entier de l'influenza effectué par Santé publique Ontario (SPO) pour le début de la saison 2023-24.

Faits saillants

- Au total, 43 échantillons ont été séquencés pour la période intersaisonnière (du 1^{er} juin au 26 août 2023) et 72 pour la saison actuelle (du 27 août au 17 novembre 2023).
- Pendant la période intersaisonnière, les sous-clades génétiques de l'influenza A les plus prévalents ont été les sous-clades 6B.1A.5a.2a.1 (73,5 %) et 6B.1A.5a.2a (20,6 %) du virus H1N1pdm09. Tous les sous-clades génétiques de la lignée B/Victoria de l'influenza étaient V1A.3a.2 (100 %).
- Sur les 72 échantillons séquencés à ce jour pendant la saison actuelle, deux sous-clades génétiques du virus H1N1pdm09 et un sous-clade génétique du virus H3N2 ont été identifiés.
 - 28 échantillons (38,9 %) étaient le sous-clade génétique 6B.1A.5a.2a.1 du virus H1N1pdm09 et 20 échantillons (27,8 %), le sous-clade génétique 6B.1A.5a.2a. La composante H1N1 du vaccin antigrippal actuel appartient au sous-clade génétique 6B.1A.5a.2a.1.
 - 24 échantillons (33,3 %) étaient le sous-clade génétique 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 du virus H3N2. La composante H3N2 du vaccin antigrippal actuel appartient au sous-clade génétique 3C.2a1b.2a.2a.
 - Il n'y avait pas d'échantillons de l'influenza B séquencés dans la saison actuelle.
- Au niveau moléculaire, 47,9 % des échantillons de H1N1pdm09 de l'influenza A contenaient une substitution d'acides aminés dans le site antigénique Ca ou Cb relativement à la souche de H1N1pdm09 incluse dans le vaccin. Tous les échantillons de H3N2 de l'influenza A contenaient au moins une substitution d'acides aminés dans les sites antigéniques A à E relativement à la souche de H3N2 incluse dans le vaccin. On ignore toutefois l'incidence des substitutions de sites antigéniques identifiées sur l'immunité induite par le vaccin.
- Sur les échantillons de H1N1pdm09 séquencés, aucune substitution d'acides aminés connue pour être associée à la résistance à l'oseltamivir n'a été décelée.

Contexte

Il y a deux types de virus de l'influenza (influenza A et B) qui sont responsables de la plupart des cas pendant la saison grippale. L'influenza A peut être classée en sous-types (p. ex., H1N1, H3N2) et l'influenza B en lignées (p. ex., Yamagata, Victoria). Des changements peuvent se produire dans le génome du virus à mesure que la grippe se propage parmi les populations. L'accumulation de ces changements ou mutations peut entraîner de nouvelles subdivisions au-delà des sous-types ou lignées, qui sont appelées clades et sous-clades. Bien que de nombreux sous-clades ne feront aucune différence pour ce qui est de la capacité à provoquer la maladie, certains peuvent avoir des mutations qui affectent la virulence et la transmissibilité ou qui permettent au virus d'échapper à l'immunité naturelle ou induite par le vaccin. La surveillance génomique utilise le séquençage du génome entier pour surveiller ces changements dans le génome à mesure qu'un virus évolue dans le temps. Cela permet aux professionnels de la santé publique de fournir un contexte pour la saison en cours, de déterminer si les antiviraux s'attaquent aux virus actuellement en circulation et de donner des conseils sur les souches de vaccins pour les prochaines saisons.¹ Pour la saison grippale 2023-2024, les vaccins financés par les fonds publics disponibles en Ontario sont les vaccins inactivés à base d'œufs trivalents (sous-clade 6B.1A.5a.2a.1 du virus H1N1 de l'influenza A, sous-clade 3C.2a1b.2a.2a du virus H3N2 de l'influenza A et sous-clade V1A.3 de l'influenza B/Victoria) et quadrivalents (ajout du sous-clade Y3 de l'influenza B/Yamagata).²⁻⁴

On estime que SPO effectue environ 31,6 % de tout le dépistage du virus de l'influenza en Ontario qui est déclaré à l'Agence de la santé publique du Canada.⁵ SPO fait un dépistage de routine des virus respiratoires saisonniers pour certains groupes de population, à savoir :

- Résidents symptomatiques (et travailleurs et employés associés du secteur des soins de santé) dans des milieux d'hébergement collectif (p. ex. maisons de retraite, foyers de soins de longue durée, établissements correctionnels, etc.).
- Personnes symptomatiques associées à une enquête sur une écloison.
- Personnes hospitalisées, y compris aux soins intensifs.
- Personnes symptomatiques, âgées de moins de 18 ans, qui reçoivent des soins dans une urgence.⁶
- Personnes qui se rendent dans des cabinets de médecins faisant partie du Réseau canadien de surveillance sentinelle (voir les notes techniques pour plus de renseignements).⁷

Afin de comprendre la diversité des virus qui circulent pendant la saison grippale, SPO a commencé à séquencer des échantillons admissibles ($Ct \leq 30$ et volume restant suffisant) positifs à la grippe pendant la période intersaisonnière et la saison 2023-2024. Cela exclut les échantillons qui sont positifs à plus d'un virus. En outre, seul le premier échantillon positif d'une écloison est sélectionné pour le séquençage du génome entier. Les séquences sont traitées à l'aide d'analyses bio-informatiques et se voient attribuer des sous-types, des lignées, des clades et des sous-clades.

Résultats intersaisonniers et de la saison actuelle

Tableau 1a. Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A par caractérisation génétique et saison, Santé publique Ontario, du 1^{er} juin au 17 novembre 2023

Caractérisation génétique	Intersaison (du 1 ^{er} juin au 26 août)	Saison 2023-2024 (du 27 août au 17 novembre)
H1N1pdm09	32 (94,1 %)	48 (66,7 %)
6B.1A.5a.2a	7 (20,6 %)	20 (27,8 %)
6B.1A.5a.2a.1	25 (73,5 %)	28 (38,9 %)
H3N2	2 (5,9 %)	24 (33,3 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a	1 (2,9 %)	0 (0,0 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	1 (2,9 %)	24 (33,3 %)
Total séquencé	34 (100 %)	72 (100 %)

Remarque : Les résultats peuvent ne pas être représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. La date a été assignée en fonction de la date la plus proche disponible pour l'échantillon. Il y a eu en tout 384 échantillons positifs à l'influenza A au LSPO pendant cette période, dont 27,6 % ont été séquencés.

Sources des données : Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO

Tableau 1b. Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B par caractérisation génétique et saison, Santé publique Ontario, du 1^{er} juin au 17 novembre 2023

Caractérisation génétique	Intersaison (du 1 ^{er} juin au 26 août)	Saison 2023-2024 (du 27 août au 17 novembre)
Lignée Victoria	9 (100 %)	0 (0,0 %)
V1A.3a.2	9 (100 %)	0 (0,0 %)
Lignée Yamagata	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)
Total séquencé	9 (100 %)	0 (0,0 %)

Remarque : La date a été assignée en fonction de la date la plus proche disponible pour l'échantillon. Il y a eu en tout 29 échantillons positifs à l'influenza B au LSPO (tous pendant la période intersaisonnaire), dont 31,0 % ont été séquencés.

Sources des données : Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO

Résultats de la saison actuelle

Figure 1. Pourcentage d'échantillons d'influenza par caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 27 août au 17 novembre 2023



Remarque : Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade 6B.1A.5a.2a.1 du virus H1N1 de l'influenza A, le sous-clade 3C.2a1b.2a.2a du virus H3N2 de l'influenza A, le sous-clade V1A.3 du virus de l'influenza B/Victoria et le sous-clade Y3 du virus de l'influenza B/Yamagata.⁴ Les résultats peuvent ne pas être représentatifs de l'ensemble de l'Ontario.

Sources des données : Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO

Tableau 2. Nombre d'échantillons positifs à l'influenza, nombre et pourcentage séquencés, Santé publique Ontario, du 27 août au 17 novembre 2023

Semaine	Nombre d'échantillons positifs	Nombre séquencé	Pourcentage séquencé
27 août – 2 septembre	11	0	0,0 %
3 – 9 septembre	12	0	0,0 %
10 – 16 septembre	7	0	0,0 %
17 – 23 septembre	12	0	0,0 %
24 – 30 septembre	10	0	0,0 %
1 ^{er} – 7 octobre	9	0	0,0 %
8 – 14 octobre	12	1	8,3 %
15 – 21 octobre	15	1	6,7 %
22 – 28 octobre	15	4	26,7 %
29 octobre – 4 novembre	17	6	35,3 %
5 – 11 novembre	45	25	55,6 %
12 – 18 novembre*	98	35	35,7 %
Total	263	72	27,4 %

Remarque : *La semaine la plus récente est une semaine partielle. Le nombre d'échantillons positifs est le nombre d'échantillons positifs à la grippe déclarés à SPO. Le « nombre séquencé » est le nombre d'échantillons séquencés pour la surveillance représentative. Les résultats peuvent ne pas être représentatifs de l'ensemble de l'Ontario et ne comprennent pas tous les échantillons testés pour d'autres raisons, notamment les voyages, les enquêtes sur les éclosions, les cas du coroner, la réinfection ou l'évasion possible du vaccin. Le « pourcentage séquencé » peut être inférieur à la proportion d'échantillonnage parce que tous les cas ne sont pas admissibles au séquençage (c.-à-d. que sont exclus les échantillons avec un seuil de cycle >30 ou un volume insuffisant). La semaine a été attribuée en fonction de la date la plus proche disponible pour un échantillon. Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal cette saison sont le sous-clade

6B.1A.5a.2a.1 du virus H1N1 de l'influenza A, le sous-clade 3C.2a1b.2a.2a du virus H3N2 de l'influenza A, le sous-clade V1A.3 du virus de l'influenza B/Victoria et le sous-clade Y3 du virus de l'influenza B/Yamaga.⁴

Sources des données : Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO

Tableau 3a. Nombre et pourcentage d'échantillons du virus H1N1 de l'influenza A avec des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques par caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 27 août au 17 novembre 2023

Caractérisation génétique	Site antigénique Ca de HA	Site antigénique Cb de HA	Total
H1N1pdm09	43,8 % (21/48)	4,2 % (2/48)	47,9 % (23/48)
6B.1A.5a.2a	100 % (20/20)	0,0 % (0/20)	100 % (20/20)
6B.1A.5a.2a.1	3,6 % (1/28)	7,1 % (2/28)	10,7 % (3/28)
Total séquencé	43,8 % (21/48)	4,2 % (2/48)	47,9 % (23/48)

Remarque : On ignore l'effet des substitutions sur des sites antigéniques identifiés sur l'immunité induite par le vaccin. Ces données sont de nature exploratoire et devraient être interprétées avec prudence. Ces données ne devraient pas être utilisées pour informer directement les décisions cliniques ou inférer des répercussions sur l'immunité induite par le vaccin. Voir les notes techniques pour les détails. Des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques ont été identifiées relativement à la souche incluse dans le vaccin antigrippal de 2023-2024 (sous-clade 6B.1A.5a.2a.1 du virus H1N1 de l'influenza A). Les échantillons peuvent avoir des substitutions à plus d'une position à l'intérieur du site antigénique. Le site antigénique Ca inclut des substitutions aux positions 137, 138, 139, 142, 169 et 204 de la protéine HA. Le site antigénique Cb inclut des substitutions à la position 74 de la protéine HA.

Sources des données : Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO

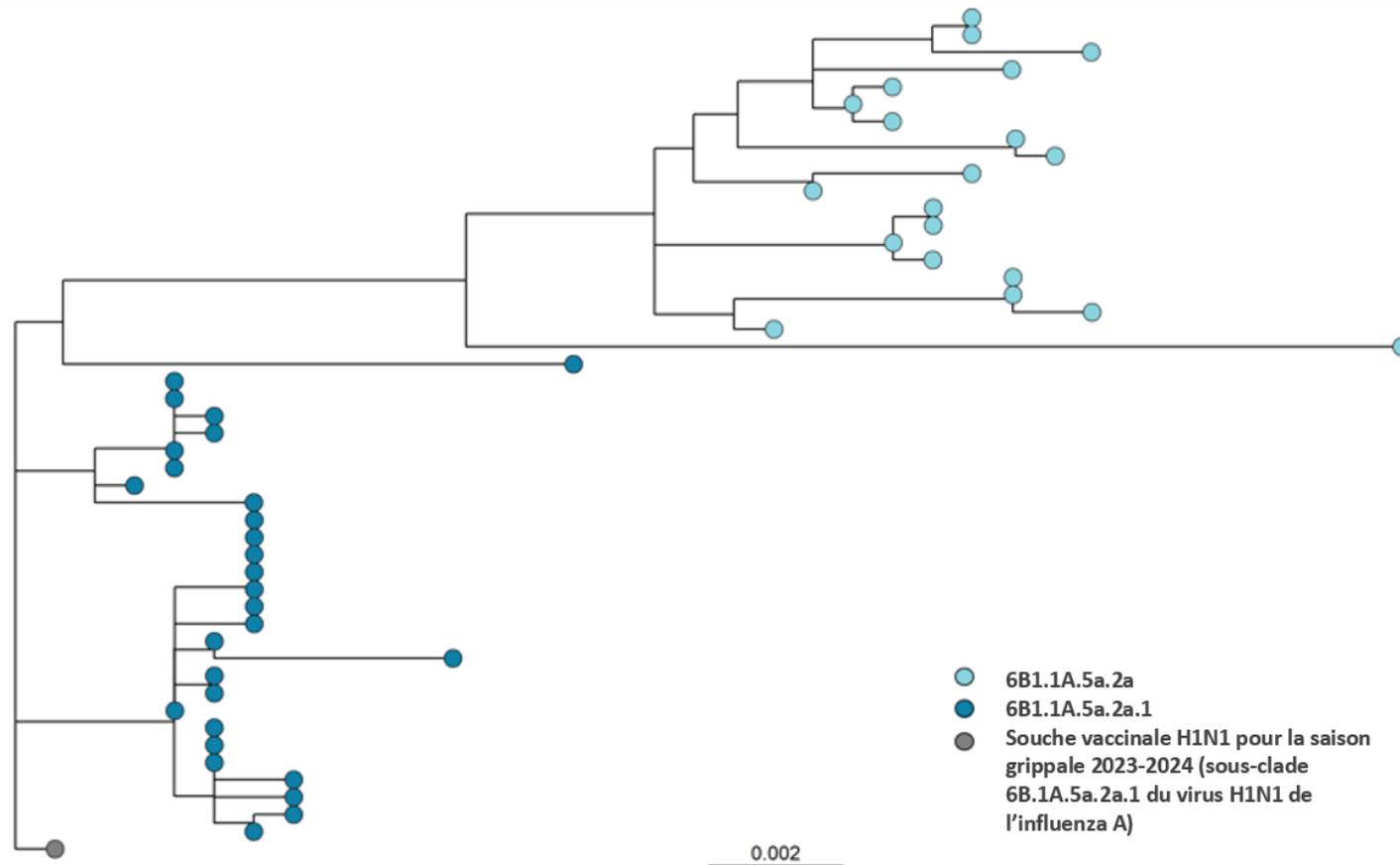
Tableau 3b. Nombre et pourcentage d'échantillons du virus H3N2 de l'influenza A avec des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques par caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 27 août au 17 novembre 2023

Caractérisation génétique	Site antigénique A de HA	Site antigénique B de HA	Site antigénique C de HA	Site antigénique D de HA	Site antigénique E de HA	Total
H3N2	100 % (24/24)	100 % (24/24)	100 % (24/24)	100 % (24/24)	25,0 % (6/24)	100 % (24/24)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	100 % (24/24)	100 % (24/24)	100 % (24/24)	100 % (24/24)	25,0 % (6/24)	100 % (24/24)
Total séquencé	100 % (24/24)	100 % (24/24)	100 % (24/24)	100 % (24/24)	25,0 % (6/24)	100 % (24/24)

Remarque : On ignore l'effet des substitutions sur des sites antigéniques identifiés sur l'immunité induite par le vaccin. Ces données sont de nature exploratoire et devraient être interprétées avec prudence. Ces données ne devraient pas être utilisées pour informer directement les décisions cliniques. Voir les notes techniques pour les détails. Des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques ont été identifiées relativement à la souche incluse dans le vaccin antigrippal de 2023-2024 (sous-clade 3C.2a1b.2a.2a du virus H3N2 de l'influenza A). Les échantillons peuvent avoir des substitutions à plus d'une position à l'intérieur du site antigénique. Le site antigénique A inclut des substitutions aux positions 122 et 140 de la protéine HA. Le site antigénique B inclut des substitutions aux positions 157, 186 et 192 de la protéine HA. Le site antigénique C inclut des substitutions aux positions 50, 53, 54, 276 et 309 de la protéine HA. Le site antigénique D inclut des substitutions aux positions 96 et 182 de la protéine HA. Le site antigénique E inclut des substitutions aux positions 63 et 78 de la protéine HA.

Sources des données : Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO

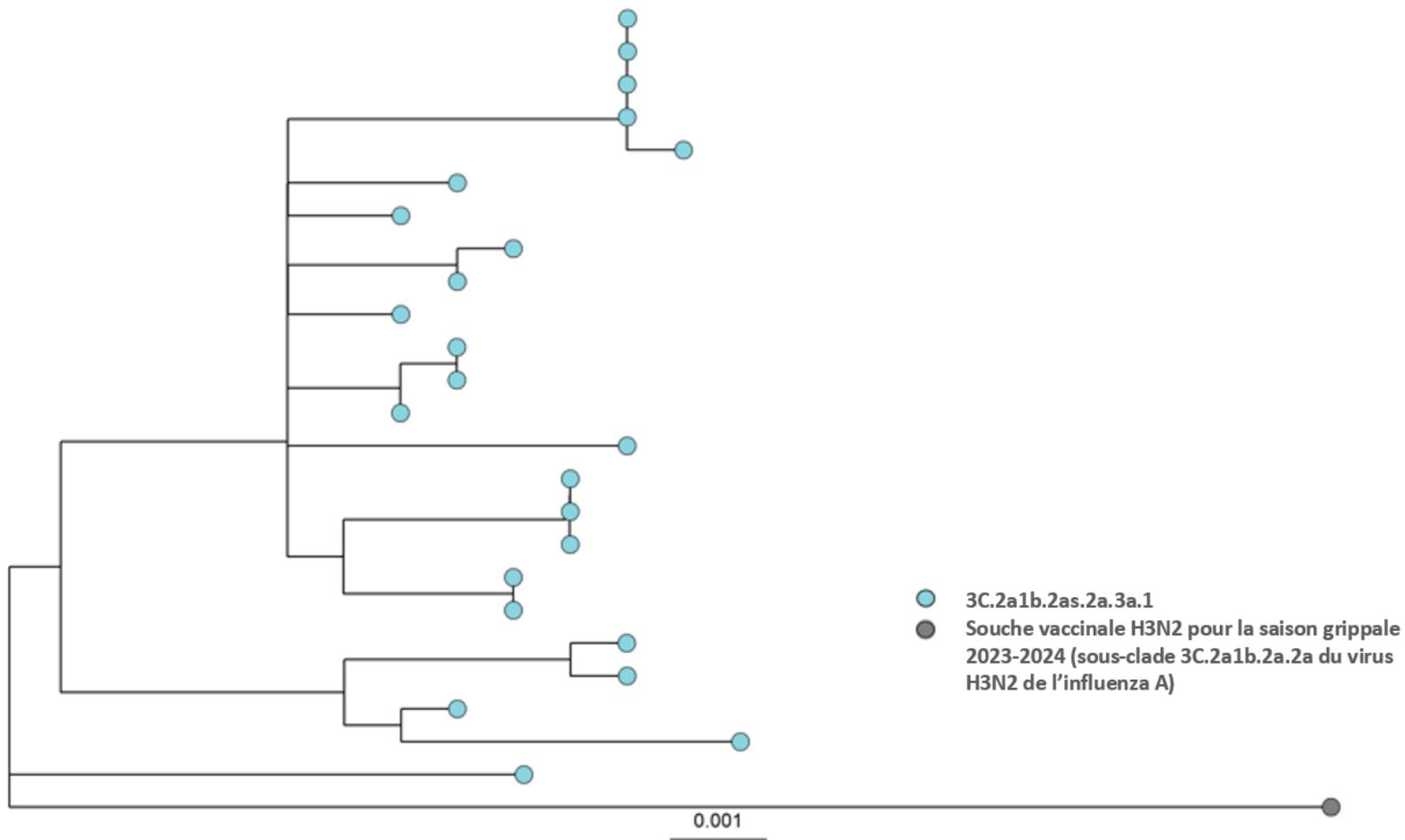
Figure 2a. Arbre phylogénétique d'échantillons positifs au virus H1N1 de l'influenza A, Santé publique Ontario, du 27 août au 17 novembre 2023



Remarque : Chaque cercle représente un échantillon distinct. Les résultats peuvent ne pas être représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. L'arbre phylogénétique de probabilité maximale a été généré en utilisant le modèle IQ-TREE GTR avec 100 répliques de bootstrap. Les séquences identiques sont conservées dans l'arbre. L'arbre est enraciné avec la souche de référence vaccinale du virus de type A/Victoria/4897/2022_H1N1_pdm09 (EPI_ISL_16714268).

Sources des données : Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO

Figure 2b. Arbre phylogénétique d'échantillons positifs au virus H3N2 de l'influenza A, Santé publique Ontario, du 27 août au 17 novembre 2023



Remarque : Chaque cercle représente un échantillon distinct. Les résultats peuvent ne pas être représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. L'arbre phylogénétique de probabilité maximale a été généré en utilisant le modèle IQ-TREE GTR avec 100 répliques de bootstrap. Les séquences identiques sont conservées dans l'arbre. L'arbre est enraciné avec la souche de référence vaccinale du virus de type A/Darwin/9/2021_H3N2 (EPI_ISL_2233240).

Sources des données : Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO

Tableau 4. Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A par caractérisation génétique et groupe d'âge, Santé publique Ontario, du 27 août au 17 novembre 2023

Caractérisation génétique	Âges : 0-4 ans	Âges : 5-19 ans	Âges : 20-64 ans	Âges : 65 ans et plus	Total
H1N1pdm09	11 (91,7 %)	13 (86,7 %)	15 (55,6 %)	9 (50,0 %)	48 (66,7 %)
6B.1A.5a.2a	4 (33,3 %)	6 (40,0 %)	7 (25,9 %)	3 (16,7 %)	20 (27,8 %)
6B.1A.5a.2a.1	7 (58,3 %)	7 (46,7 %)	8 (29,6 %)	6 (33,3 %)	28 (38,9 %)
H3N2	1 (8,3 %)	2 (13,3 %)	12 (44,4 %)	9 (50,0 %)	24 (33,3 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	1 (8,3 %)	2 (13,3 %)	12 (44,4 %)	9 (50,0 %)	24 (33,3 %)
Total séquencé	12 (100 %)	15 (100 %)	27 (100 %)	18 (100 %)	72 (100 %)

Remarque : Les résultats peuvent ne pas être représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. L'âge a été assigné en fonction de la date de naissance fournie; les échantillons pour lesquels il manque les dates de naissance sont exclus. Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade 6B.1A.5a.2a.1 du virus H1N1 de l'influenza A, le sous-clade 3C.2a1b.2a.2a du virus H3N2 de l'influenza A, le sous-clade V1A.3 du virus B/Victoria et le sous-clade Y3 du virus B/Yamagata.⁴

Sources des données : Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO

Tableau 5. Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A par caractérisation génétique et milieu, Santé publique Ontario, du 27 août au 17 novembre 2023

Caractérisation génétique	Unité de soins intensifs	Hôpital/Urgence	Lieu d'hébergement collectif	Soins ambulatoires ou aucun milieu déclaré	Total
H1N1pdm09	1 (100 %)	34 (79,1 %)	3 (42,9 %)	10 (47,6 %)	48 (66,7 %)
6B.1A.5a.2a	1 (100 %)	17 (39,5 %)	1 (14,3 %)	1 (4,8 %)	20 (27,8 %)
6B.1A.5a.2a.1	0 (0,0 %)	17 (39,5 %)	2 (28,6 %)	9 (42,9 %)	28 (38,9 %)
H3N2	0 (0,0 %)	9 (20,9 %)	4 (57,1 %)	11 (52,4 %)	24 (33,3 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	0 (0,0 %)	9 (20,9 %)	4 (57,1 %)	11 (52,4 %)	24 (33,3 %)
Total séquencé	1 (100 %)	43 (100 %)	7 (100 %)	21 (100 %)	72 (100 %)

Remarque : Les résultats peuvent ne pas être représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. L'établissement représente l'établissement de soins de santé où une personne a reçu des soins. Le lieu d'hébergement collectif inclut les maisons de soins de longue durée, les maisons de retraite, les établissements correctionnels et les institutions non définies (à l'exclusion des hôpitaux). Un seul échantillon par éclosion a été sélectionné pour le séquençage. Environ 26,4 % des échantillons manquent de renseignements sur le milieu et sont regroupés dans la catégorie « Soins ambulatoires ou aucun milieu déclaré ». Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin contre la grippe de cette saison sont le sous-clade 6B.1A.5a.2a.1 du virus H1N1 de l'influenza A, le sous-clade 3C.2a1b.2a.2a du virus H3N2 de l'influenza A, le sous-clade V1A.3 du virus B/Victoria et le sous-clade Y3 du virus B/Yamagata.⁴

Sources des données : Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO

Tableau 6. Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A par caractérisation génétique et région, Santé publique Ontario, du 27 août au 17 novembre 2023

Caractérisation génétique	Nord	Est	Centre-Est	Toronto	Sud-Ouest	Centre-Ouest	Total
H1N1pdm09	0 (0,0 %)	6 (54,5 %)	24 (88,9 %)	9 (42,9 %)	2 (100 %)	7 (63,6 %)	48 (66,7 %)
6B.1A.5a.2a	0 (0,0 %)	2 (18,2 %)	13 (48,1 %)	1 (4,8 %)	1 (50,0 %)	3 (27,3 %)	20 (27,8 %)
6B.1A.5a.2a.1	0 (0,0 %)	4 (36,4 %)	11 (40,7 %)	8 (38,1 %)	1 (50,0 %)	4 (36,4 %)	28 (38,9 %)
H3N2	0 (0,0 %)	5 (45,5 %)	3 (11,1 %)	12 (57,1 %)	0 (0,0 %)	4 (36,4 %)	24 (33,3 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	0 (0,0 %)	5 (45,5 %)	3 (11,1 %)	12 (57,1 %)	0 (0,0 %)	4 (36,4 %)	24 (33,3 %)
Total séquencé	0 (0,0 %)	11 (100 %)	27 (100 %)	21 (100 %)	2 (100 %)	11 (100 %)	72 (100 %)

Remarque : Les résultats peuvent ne pas être représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. La région a été assignée en utilisant l'adresse du patient lorsque disponible. Si l'adresse manque, la région a été assignée en utilisant l'adresse de l'établissement qui a soumis l'information. Pour plus de renseignements sur les bureaux de soins de santé inclus dans chaque région, voir les notes techniques. Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade 6B.1A.5a.2a.1 du virus H1N1 de l'influenza A, le sous-clade 3C.2a1b.2a.2a du virus H3N2 de l'influenza A, le sous-clade V1A.3 du virus B/Victoria et le sous-clade Y3 du virus B/Yamagata.⁴

Sources des données : Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO

Tableau 7. Nombre et pourcentage d'échantillons de H1N1pdm09 avec une substitution d'acides aminés H275Y associée à la résistance à l'oseltamivir, parmi des échantillons d'influenza A par caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 27 août au 17 novembre 2023

Caractérisation génétique	Substitution d'acides aminés H275Y
H1N1pdm09	0,0 % (0/48)
6B.1A.5a.2a	0,0 % (0/20)
6B.1A.5a.2a.1	0,0 % (0/28)
Total séquencé	0,0 % (0/48)

Remarque : La substitution H275Y a été associée à la résistance à l'oseltamivir dans les virus H1N1 de l'influenza A.⁸ Voir les notes techniques pour les détails. Ces données sont de nature exploratoire et devraient être interprétées avec prudence. La résistance antivirale est déterminée en enquêtant dans des sites spécifiques identifiés au préalable pour conférer la résistance et elle ne tient pas compte de tous les mécanismes de résistance potentiels. Ces données ne devraient pas être utilisées pour informer directement les décisions cliniques. Voir les notes techniques pour les détails.

Sources des données : Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO

Notes techniques

Sources des données

SANTÉ PUBLIQUE ONTARIO (SPO)

- Les données ont été extraites du Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO le 22 décembre 2023 aux environs de midi.
- Le traitement bio-informatique des données a été effectué par le centre bio-informatique le 21 décembre 2023 aux environs de 16 h.

Stratégie ontarienne de séquençage du génome entier de l'influenza de Santé publique Ontario

- Étant donné le faible nombre de cas au début de la saison, Santé publique Ontario a utilisé un échantillonnage de commodité pour sélectionner tous les échantillons admissibles ($Ct \leq 30$ et volume suffisant restant) pour le séquençage du génome entier. Cela exclut les échantillons qui sont positifs à plus d'un virus.
- Seul le premier échantillon d'une éclosion est sélectionné pour le séquençage du génome entier. Plusieurs échantillons provenant de la même éclosion ne sont pas choisis.

Algorithme de dépistage des virus respiratoires de Santé publique Ontario

- L'[algorithme de dépistage des virus respiratoires des laboratoires de SPO](#) est basé sur le milieu où se trouve le patient.
- Le laboratoire de SPO effectue un test PCR multiplex respiratoire sur les enfants symptomatiques (<18 ans) observés à l'urgence, les patients symptomatiques hospitalisés (salle commune et soins intensifs/critiques), les résidents symptomatiques en établissements institutionnels (non liés à une éclosion), les échantillons provenant des quatre premières personnes symptomatiques (incluant les travailleurs et employés du secteur des soins de santé) lors d'une éclosion qui exige un dépistage des virus respiratoires.
- Le laboratoire de SPO effectue le test FLUVID, qui détecte l'influenza A, l'influenza B, le virus respiratoire syncytial et le SRAS-CoV-2, sur les résidents symptomatiques et les travailleurs et employés du secteur des soins de santé dans des milieux institutionnels pendant une éclosion en plus des quatre premières personnes ayant subi un test de dépistage pour le SRAS-CoV-2 et le PCR multiplexe respiratoire.
- Les personnes qui se rendent dans le cabinet de leur médecin traitant faisant partie du Réseau canadien de surveillance sentinelle (RCSS)⁷ sont soumises au test PCR multiplexe respiratoire et exemptées des restrictions de dépistage des laboratoires.

Méthodes de dépistage

- Le dépistage de l'influenza à SPO est effectué en utilisant :
 - Un dosage d'échantillon-témoin PCR du virus multiplexe respiratoire développé en laboratoire. Le dosage inclut 11 cibles dont l'influenza A, le virus H3N2 de l'influenza A, le virus H1N1pdm09 de l'influenza A et l'influenza B.
 - Un dosage de FLUID inclut l'influenza A et B, ainsi que le virus respiratoire syncytial (VRS A/B), et le SRAS-CoV-2 (COVID-19). Ce dosage peut être utilisé comme test initial avant le PCR multiplexe respiratoire pour fournir des résultats plus tôt pendant les saisons de la grippe et du VRS.

Caractérisation antigénique

- La caractérisation antigénique des virus de l'influenza comprend une étude des principales protéines présentes sur la surface extérieure du virus de l'influenza qui peut stimuler une réponse immunitaire chez l'hôte infecté. Les principaux sites antigéniques sont contenus dans des protéines qui interviennent dans l'entrée et la diffusion de particules virales dans les cellules hôtes (les protéines hémagglutinine (HA) et neuraminidase (NA)). Les anticorps qui sont liés à des régions spécifiques de ces protéines peuvent initier la reconnaissance du virus par les cellules hôtes infectées.⁸
- Pendant une saison respiratoire, la caractérisation antigénique (détermination des types/concordance) des virus de l'influenza en circulation peut être évaluée au moyen d'expériences in vitro en laboratoire qui mesurent la force de la réponse par anticorps et d'une analyse séquentielle du génome viral. La similarité dans la séquence génétique peut servir à déterminer le degré de relation entre les souches grippales actuellement en circulation et celles qui sont incluses dans le vaccin antigrippal annuel recommandé.
- Les données présentées fournissent un résumé des mutations identifiées dans les principaux sites antigéniques reliés aux virus de l'influenza en circulation au moment de la publication du présent rapport. Ces données sont de nature exploratoire et devraient être interprétées avec prudence. Les résultats potentiels des mutations identifiées sur la réponse immunitaire ou antivirale induite par la vaccination sont inconnus. Ces données ne devraient pas servir directement à prendre des décisions cliniques.

Résistance antivirale

- La résistance antivirale était basée sur l'examen de données génomiques pour des marqueurs moléculaires de la résistance plutôt que des tests de susceptibilité.
- La substitution d'acides aminés H275Y, qui est bien documentée comme étant cliniquement pertinente, est associée à la résistance à l'oseltamivir dans les virus H1N1 de l'influenza A.⁹ L'effet des autres substitutions (dont celles dans les virus H3N2) sur la résistance antivirale n'est pas bien décrit.

Mises en garde concernant les données

Le présent rapport est basé sur des échantillons testés à SPO et il peut ne pas être représentatif de l'Ontario, car d'autres hôpitaux et laboratoires privés fournissent également des services de dépistage des pathogènes respiratoires. En outre, la sélection d'échantillons pour la caractérisation génétique peut ne pas représenter entièrement tous les milieux accueillant des patients à l'échelle de l'Ontario.

- SPO effectue environ 31,6 % des tests de dépistage de l'influenza en Ontario. De plus, seulement 27,4 % des échantillons positifs ont été séquencés pendant la saison actuelle. Des biais peuvent être introduits en raison des critères d'admissibilité pour le dépistage diagnostique, la zone couverte par le dépistage de SPO, le volume d'échantillons disponibles, les critères de sélection des échantillons pour le séquençage du génome entier et le fait qu'un échantillon puisse être séquencé avec succès. Par conséquent, les résultats peuvent ne pas représenter l'ensemble de l'Ontario.
- Les nombres basés sur des échantillons ne représentent pas des personnes uniques, car certaines peuvent avoir plus d'un échantillon testé.
- La région a été assignée en fonction de l'adresse du patient, lorsqu'elle était disponible, et celle de l'établissement qui a soumis l'information si elle manquait. Il se pourrait donc que des personnes pour lesquelles l'adresse du patient manque soient mal classifiées.
- La région du Nord inclut le Bureau de santé publique du Nord-Ouest, le Bureau de santé publique du district de Thunder Bay, le Bureau de santé publique Porcupine, le Bureau de santé publique d'Algoma, le Bureau de santé publique de Sudbury et du district, le Bureau de santé publique du Timiskaming et le Bureau de santé publique du district de North-Bay-Parry Sound; la région de l'Est inclut le Bureau de santé publique du comté et du district de Renfrew, Santé publique Ottawa, le Bureau de santé publique de l'Est de l'Ontario, le Bureau de santé publique du district de Leeds, Grenville et Lanark, le Bureau de santé publique de Kingston, Frontenac, Lennox et Addington, et le Bureau de santé publique de Hastings et Prince Edward; la région du Centre inclut le Bureau de santé publique du district d'Haliburton, Kawartha et Pine Ridge, le Bureau de santé publique de Peterborough, le Bureau de santé publique de Durham, le Bureau de santé publique du district de Simcoe Muskoka, le Bureau de santé publique de la région de York, le Bureau de santé publique de Peel; Toronto inclut Santé publique Toronto; la région du Centre Ouest inclut le Bureau de santé publique de la région de Niagara, le Bureau de santé publique de la région de Halton, les Services de santé publique d'Hamilton, le Bureau de santé du comté de Brant, le Bureau de santé publique de Wellington-Dufferin-Guelph, le Bureau de santé publique de la région de Waterloo et services d'urgence, le Bureau de santé publique d'Haldimand-Norfolk; la région du Sud-Ouest inclut le Bureau de santé publique de Grey Bruce, le Bureau de santé publique de Huron et Perth, le Bureau de santé publique du Sud-Ouest, le Bureau de santé de Middlesex-London, le Bureau de santé publique de Lambton, le Bureau de santé publique de Chatham-Kent et le Bureau de santé publique de Windsor-comté d'Essex.
- L'âge a été assigné en fonction de la date de naissance fournie et de la date de prélèvement de l'échantillon ou de l'ouverture de session.
- Il manque le milieu des patients pour près de 26,4 % des échantillons. Par conséquent, les résultats par établissement devraient être interprétés avec prudence.

Références

1. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Influenza virus genome sequencing and genetic characterization [Internet]. Atlanta, GA : CDC; 2022 [modifié le 2 décembre 2022, cité le 20 novembre 2023]. Disponible à : <https://www.cdc.gov/flu/about/professionals/genetic-characterization.htm>
2. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Pleins feux sur : Les vaccins sur la saison grippale 2023-2024 [Internet]. Toronto, ON : Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2023 [modifié le 29 septembre 2023, cité le 20 novembre 2023]. Disponible à : https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/V/2023/vaccines-influenza-season.pdf?rev=fc6a30901525496c9cb2656e7362069c&sc_lang=fr
3. Organisation mondiale de la Santé (OMS). Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2023-2024 northern hemisphere influenza season [Internet]. Genève : OMS; 2023 [modifié le 24 février 2023, cité le 20 novembre]. Disponible à : <https://www.who.int/publications/m/item/recommended-composition-of-influenza-virus-vaccines-for-use-in-the-2023-2024-northern-hemisphere-influenza-season>
4. Agence de la santé publique du Canada. Rapport Épigrippe : Du 12 au 18 novembre 2023 (semaine 46) [Internet]. Ottawa, ON : Gouvernement du Canada; 2023 [modifié le 27 novembre 2023, cité le 27 novembre 2023]. Disponible à : <https://www.canada.ca/content/dam/phac-aspc/documents/services/publications/diseases-conditions/fluwatch/2023-2024/week-46-november-12-november-18-2023/week-46-november-12-november-18-2023-fr.pdf>
5. Agence de la santé publique du Canada. Rapport de virus des voies respiratoires, semaine 46 : se terminant le 18 novembre 2023 [Internet]. Ottawa, ON : Gouvernement du Canada; 2023 [modifié le 23 novembre 2023, cité le 27 novembre 2023]. Disponible à : <https://www.canada.ca/content/dam/phac-aspc/documents/services/surveillance/respiratory-virus-detections-canada/2023-2024/week-46-ending-november-18-2023/semaine-46-terminant-18-novembre-2023.pdf>
6. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Respiratory viruses (including influenza) [Internet]. Toronto, ON : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2021 [modifié le 11 septembre 2023; cité le 20 novembre 2023]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/fr/laboratory-services/test-information-index/virus-respiratory>
7. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Réseau canadien de surveillance sentinelle— programme de surveillance de l'efficacité des vaccins antigrippaux [Internet]. Toronto, ON : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2021 [modifié le 22 novembre 2019; cité le 20 novembre 2023]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/fr/health-topics/immunization/spsn>
8. Wu NC, Wilson IA. Influenza hemagglutinin structures and antibody recognition. Cold Spring Harb Perspect Med. 2020;10(8):a038778. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a038778>
9. Organisation mondiale de la Santé (OMS). Summary of neuraminidase (NA) amino acid substitutions associated with reduced inhibition by neuraminidase inhibitors (NAIs) [Internet]. Genève : OMS; 2023 [modifié le 7 mars 2023, cité le 20 novembre 2023]. Disponible à : [https://www.who.int/publications/m/item/summary-of-neuraminidase-\(na\)-amino-acid-substitutions-associated-with-reduced-inhibition-by-neuraminidase-inhibitors-\(nais\)](https://www.who.int/publications/m/item/summary-of-neuraminidase-(na)-amino-acid-substitutions-associated-with-reduced-inhibition-by-neuraminidase-inhibitors-(nais))

Annexe A : Comparaison Territoriale

Tableau 1 supplémentaire. Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A par caractérisation génétique et territoire, du 20 août au 18 novembre 2023

Caractérisation génétique	Ontario (27 août – 17 novembre)	Canada (1 ^{er} septembre – 18 novembre)	États-Unis d'Amérique (1 ^{er} octobre – 18 novembre)	Royaume-Uni (20 août – 18 novembre)
H1N1pdm09	48 (66,7 %)	63 (87,5 %)	440 (84,6 %)	20 (47,6 %)
6B.1A.5a.2a	20 (27,8 %)	14 (19,4 %)	141 (27,1 %)	14 (33,3 %)
6B.1A.5a.2a.1	28 (38,9 %)	49 (68,1 %)	299 (57,5 %)	6 (14,3 %)
H3N2	24 (33,3 %)	9 (12,5 %)	80 (15,4 %)	22 (52,4 %)
3C.2a1b.2a.2a.1b	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (0,2 %)	0 (0,0 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	4 (0,8 %)	0 (0,0 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	24 (33,3 %)	9 (12,5 %)	74 (14,2 %)	22 (52,4 %)
3C.2a1b.2a.2a.2b	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (0,2 %)	0 (0,0 %)
Total séquencé	72 (100 %)	72 (100 %)	520 (100 %)	42 (100 %)

Remarques : La prévalence peut ne pas être directement comparable dans l'ensemble des territoires en raison des périodes et des stratégies d'échantillonnage variables.

Sources des données : Santé publique Ontario, [Agence de la santé publique du Canada](#), [UK Health Security Agency](#), [Centres for Disease Control and Prevention](#)

Référence

Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Surveillance génomique de l'influenza en Ontario : Début de saison 2023-24. Toronto, ON: Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2024.

ISSN : 2818-0402

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.

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 de plus amples renseignements sur SPO, visitez www.publichealthontario.ca/fr/.

Imprimeur du Roi pour l'Ontario, 2024

Ontario 