

RAPPORT DE SURVEILLANCE

Surveillance génomique de l'influenza en Ontario : début de saison 2024-2025

Date de publication : janvier 2025

Introduction

Le présent rapport résume les résultats du séquençage du génome entier de l'influenza effectué par Santé publique Ontario (SPO) pour le début de la saison d'influenza 2024-2025. Le rapport de la [saison 2023-2024](#) est accessible dans notre site Web.

Faits saillants

- Au total, 105 échantillons ont été séquencés pour la saison actuelle (du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024), ce qui représente 44,9 % des échantillons que SPO a analysés et qui étaient positifs pour l'influenza.
- Sur les 102 échantillons d'influenza A séquencés pendant la saison actuelle, 77,5 % présentaient le virus H1N1pdm09 et 22,5 % le virus H3N2 saisonnier.
 - 67 échantillons (65,7 %) présentaient le sous-clade génétique 6B.1A.5a.2a du virus H1N1pdm09 et 12 échantillons (11,8 %), le sous-clade génétique 6B.1A.5a.2a.1. La composante H1N1pdm09 du vaccin antigrippal actuel pour l'hémisphère Nord appartient au sous-clade génétique 6B.1A.5a.2a.1.
 - 23 échantillons (22,5 %) présentaient le sous-clade génétique 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 du virus H3N2. La composante H3N2 du vaccin antigrippal actuel pour l'hémisphère Nord appartient au même sous-clade génétique 3C.2a1b.2a.2a.3a.1.
- Les trois échantillons d'influenza B séquencés au cours de la saison actuelle appartenaient au sous-clade génétique Victoria V1A.3a.2. La composante Victoria du vaccin antigrippal actuel pour l'hémisphère Nord appartient à ce même sous-clade génétique.
- La proportion du virus H1N1pdm09 a augmenté, passant de 46,7 % en septembre à 87,0 % en novembre.
- Au niveau moléculaire, 98,7 % des échantillons d'influenza A/H1N1pdm09, tous les échantillons d'influenza A/H3N2 et tous les échantillons d'influenza B/Victoria présentaient au moins une substitution d'acide aminé dans un site antigénique comparativement à la souche pertinente 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, aucun ne présentait la substitution d'acide aminé H275Y dont on sait qu'elle est associée à la résistance à l'oseltamivir.

Contexte

Il y a deux types de virus de l'influenza (influenza A et B) qui causent la plupart des cas pendant la saison grippale. L'influenza A peut être classée en sous-types (p. ex., H1N1pdm09, 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. Ces changements ou mutations peuvent entraîner de nouvelles subdivisions au-delà des sous-types ou lignées, qui sont appelées clades et sous-clades. De nombreux sous-clades ne changent pas la capacité du virus à provoquer la maladie, mais certains peuvent présenter des mutations qui influent sur la virulence et la transmissibilité ou qui permettent au virus d'échapper à l'immunité naturelle ou induite par le vaccin. La surveillance génomique recourt au séquençage du génome entier pour surveiller ces changements dans le génome à mesure que le virus évolue dans le temps. Cela permet aux professionnels de la santé publique de mettre en contexte la saison en cours, de déterminer si les antiviraux sont efficaces contre les virus actuellement en circulation et de donner des conseils sur les souches de vaccins pour les prochaines saisons¹. Pour la saison grippale 2024-2025, les vaccins financés par les fonds publics disponibles en Ontario sont des vaccins inactivés trivalents (sous-clade 6B.1A.5a.2a.1 de l'influenza A/H1N1pdm09, sous-clade 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 de l'influenza A/H3N2 et sous-clade V1A.3a.2 de l'influenza B/Victoria) et quadrivalents (ajout du sous-clade Y3 de l'influenza B/Yamagata)²⁻⁵.

On estime que SPO effectue environ 31 % des tests de dépistage du virus de l'influenza en Ontario qui sont déclarés à l'Agence de la santé publique du Canada⁶. SPO fait un dépistage de routine des virus respiratoires saisonniers pour certains groupes de population, à savoir :

- les résidents symptomatiques (et travailleurs et employés associés de la santé) des milieux d'hébergement collectif (p. ex., maisons de retraite, foyers de soins de longue durée, établissements correctionnels, etc.);
- les personnes symptomatiques associées à une enquête sur une éclosion;
- les personnes hospitalisées, y compris aux soins intensifs;
- les personnes symptomatiques, âgées de moins de 18 ans, qui reçoivent des soins dans un service des urgences⁷;
- les personnes qui se rendent dans des cabinets de médecins faisant partie du Réseau canadien de surveillance sentinelle (voir les notes techniques pour des précisions)⁸.

Afin de comprendre la diversité des virus qui circulent pendant la saison grippale 2024-2025, SPO a séquençé des échantillons admissibles (Ct \leq 27 et volume restant suffisant) positifs à la grippe au début de la saison. Les échantillons positifs à plus d'un virus ont été exclus. En outre, seul le premier échantillon positif d'une éclosion est sélectionné pour le séquençage du génome entier. Les séquences font l'objet d'analyses bioinformatiques et se voient attribuer des sous-types, des lignées, des clades et des sous-clades.

Résultats

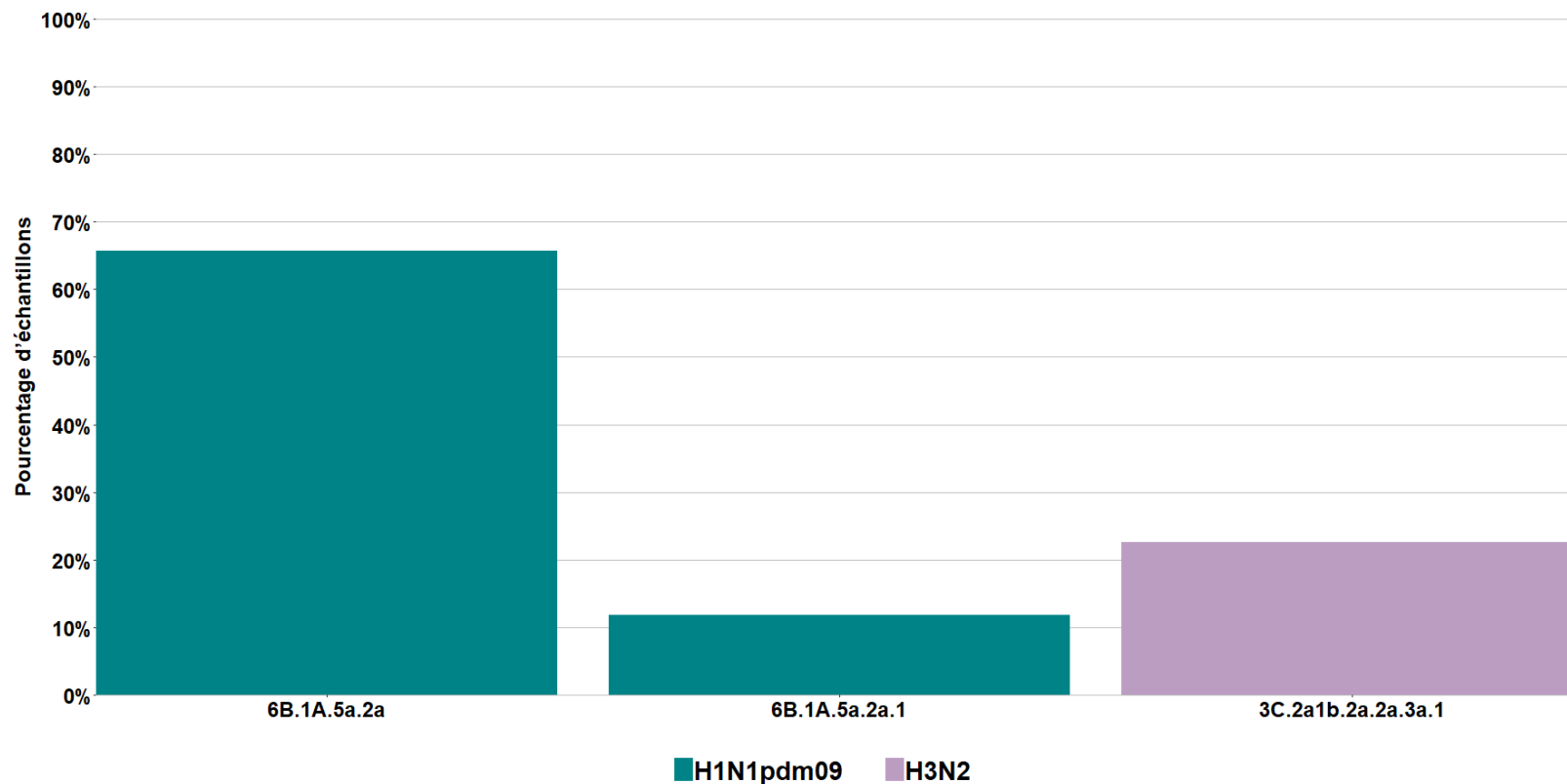
Tableau 1a : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024

Caractérisation génétique	Saison 2024-2025 (du 1 ^{er} septembre au 23 novembre 2024)
H1N1pdm09	79 (77,5 %)
6B.1A.5a.2a	67 (65,7 %)
6B.1A.5a.2a.1	12 (11,8 %)
H3N2	23 (22,5 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	23 (22,5 %)
Total séquencé	102 (100 %)

Remarque : Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. La date a été assignée en fonction de la date la plus proche disponible pour l'échantillon. Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade 6B.1A.5a.2a.1 de l'influenza A/H1N1pdm09, le sous-clade 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 de l'influenza A/H3N2, le sous-clade V1A.3a.2 de l'influenza B/Victoria et le sous-clade Y3 de l'influenza B/Yamagata⁴⁻⁵. Il y a eu en tout 230 échantillons positifs à l'influenza A à SPO pendant cette période; 75,7 % étaient positifs à H1N1pdm09, 23,5 % à H3N2, et 0,9 % n'étaient pas sous-typés. Sur ces 230 échantillons positifs à l'influenza A, 44,3 % ont été séquencés et inclus dans le présent rapport.

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

Figure 1 : Pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024



Remarque : Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade 6B.1A.5a.2a.1 de l'influenza A/H1N1pdm09, le sous-clade 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 de l'influenza A/H3N2, le sous-clade V1A.3 a.2 de l'influenza B/Victoria et le sous-clade Y3 de l'influenza B/Yamagata⁴⁻⁵. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario.

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

Tableau 1b : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B selon la caractérisation génétique et la saison, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024

Caractérisation génétique	Saison 2024-2025 (du 1 ^{er} septembre au 23 novembre 2024)
Victoria	3 (100 %)
V1A.3a.2	3 (100 %)
Total séquencé	3 (100 %)

Remarque : Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. La date a été assignée en fonction de la date la plus proche disponible pour l'échantillon. Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade 6B.1A.5a.2a.1 de l'influenza A/H1N1pdm09, le sous-clade 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 de l'influenza A/H3N2, le sous-clade V1A.3a.2 de l'influenza B/Victoria et le sous-clade Y3 de l'influenza B/Yamagata⁴⁻⁵. Au total, quatre échantillons étaient positifs à l'influenza B à SPO au cours de cette période. Sur ces quatre échantillons, trois ont été séquencés et inclus dans le présent rapport.

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

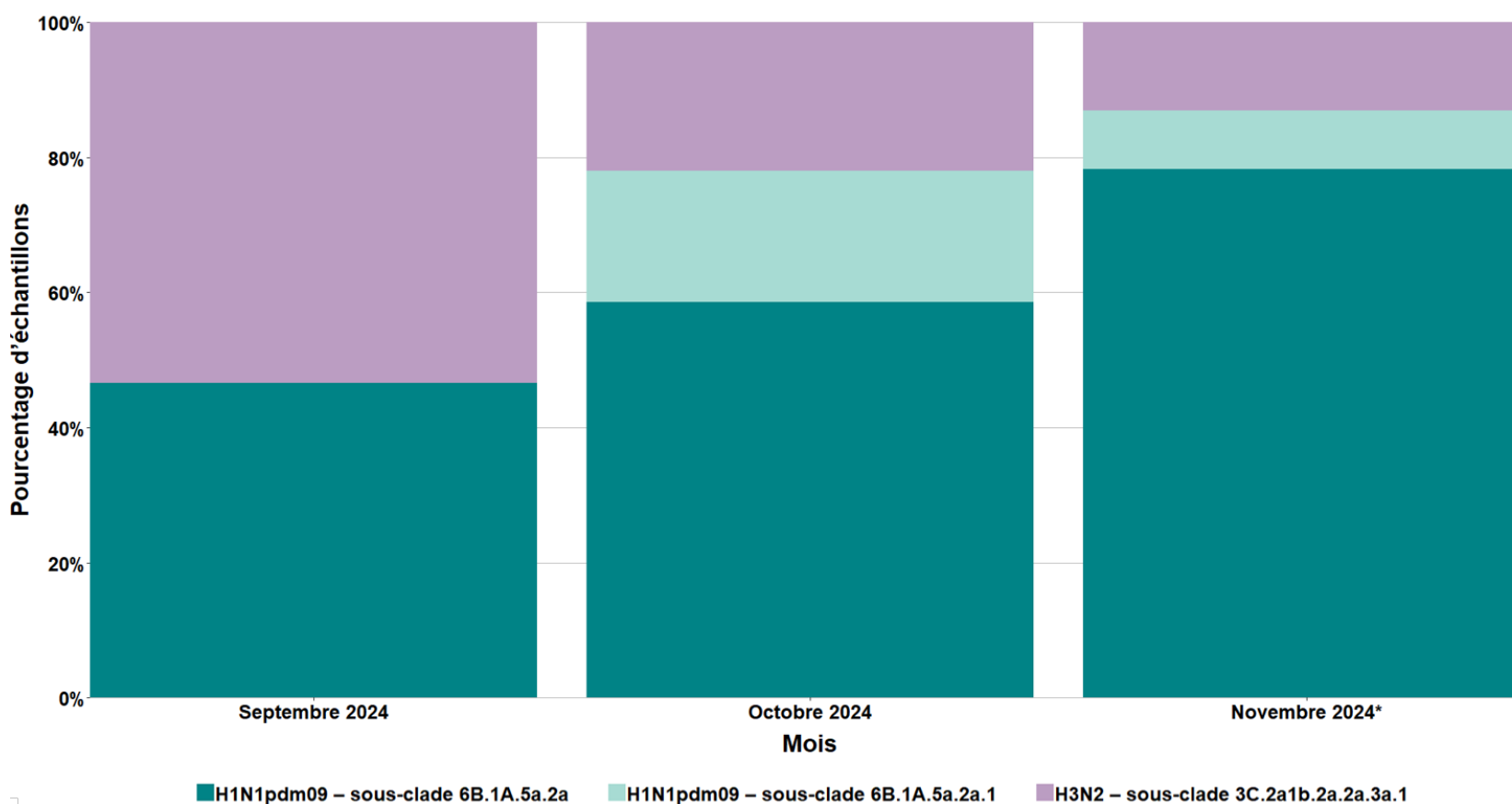
Tableau 2 : Nombre d'échantillons positifs à l'influenza, nombre et pourcentage séquencés, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024

Mois	Nombre d'échantillons positifs	Nombre séquencé	Pourcentage séquencé
Septembre 2024	39	15	38,5 %
Octobre 2024	95	42	44,2 %
Novembre 2024*	100	48	48,0 %
Total	234	105	44,9 %

Remarque : *Le mois de novembre est incomplet. Sur les 105 échantillons séquencés, 2,9 % (3/105) étaient liés à une éclosion. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. Le mois a été attribué en fonction de la date la plus proche disponible pour un échantillon. Voir les notes techniques pour des précisions sur la sélection des échantillons pour le séquençage.

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

Figure 2 : Pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A séquencés selon la caractérisation génétique et le mois, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024



Remarque : *Le mois de novembre 2024 est incomplet. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade 6B.1A.5a.2a.1 de l'influenza A/H1N1pdm09, le sous-clade 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 de l'influenza A/H3N2, le sous-clade V1A.3a.2 de l'influenza B/Victoria et le sous-clade Y3 de l'influenza B/Yamagata⁴⁻⁵. Le mois a été attribué en fonction de la date la plus proche disponible pour un échantillon.

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

Tableau 3a : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A/H1N1pdm09 avec des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024

Caractérisation génétique	Site antigénique Ca de HA	Site antigénique Cb de HA	Site antigénique Sa de HA	Site antigénique Sb de HA	Total
H1N1pdm09	97,5 % (77/79)	2,5 % (2/79)	5,1 % (4/79)	1,3 % (1/79)	98,7 % (78/79)
6B.1A.5a.2a	98,5 % (66/67)	1,5 % (1/67)	6,0 % (4/67)	1,5 % (1/67)	100 % (67/67)
6B.1A.5a.2a.1	91,7 % (11/12)	8,3 % (1/12)	0,0 % (0/12)	0,0 % (0/12)	91,7 % (11/12)
Total séquencé	97,5 % (77/79)	2,5 % (2/79)	5,1 % (4/79)	1,3 % (1/79)	98,7 % (78/79)

Remarque : On ignore l'incidence des substitutions sur des sites antigéniques identifiés sur l'immunité induite par le vaccin. Ces données sont de nature exploratoire; elles doivent être interprétées avec prudence et ne pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques ou déduire une incidence sur l'immunité induite par le vaccin. Voir les notes techniques pour des précisions. Des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques ont été identifiées relativement à la souche incluse dans le vaccin antigrippal de 2024-2025 (sous-clade 6B.1A.5a.2a.1 de l'influenza A/H1N1pdm09). Les virus séquencés peuvent présenter 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, 178, 223 et 271 de la protéine HA. Le site antigénique Cb inclut des substitutions aux positions 69 et 73 de la protéine HA. Le site antigénique Sa inclut des substitutions à la position 125 de la protéine HA. Le site antigénique Sb inclut des substitutions à la position 195 de la protéine HA.

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

Tableau 3b : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A/H3N2 avec des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024

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	95,7 % (22/23)	0,0 % (0/23)	95,7 % (22/23)	95,7 % (22/23)	21,7 % (5/23)	100 % (23/23)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	95,7 % (22/23)	0,0 % (0/23)	95,7 % (22/23)	95,7 % (22/23)	21,7 % (5/23)	100 % (23/23)
Total séquencé	95,7 % (22/23)	0,0 % (0/23)	95,7 % (22/23)	95,7 % (22/23)	21,7 % (5/23)	100 % (23/23)

Remarque : On ignore l'incidence des substitutions sur des sites antigéniques identifiés sur l'immunité induite par le vaccin. Ces données sont de nature exploratoire; elles doivent être interprétées avec prudence et ne pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques ou déduire une incidence sur l'immunité induite par le vaccin. Voir les notes techniques pour des précisions. Des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques ont été identifiées relativement à la souche incluse dans le vaccin antigrippal de 2024-2025 (sous-clade 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 de l'influenza A/H3N2). Les virus séquencés peuvent présenter des substitutions à plus d'une position à l'intérieur du site antigénique. Le site antigénique A inclut des substitutions aux positions 122, 124, 260 et 262 de la protéine HA. Le site antigénique C inclut des substitutions aux positions 48, 54, 276 et 278 de la protéine HA. Le site antigénique D inclut des substitutions aux positions 96, 182, 207 et 214 de la protéine HA. Le site antigénique E inclut des substitutions aux positions 57, 63, 78 et 94 de la protéine HA.

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

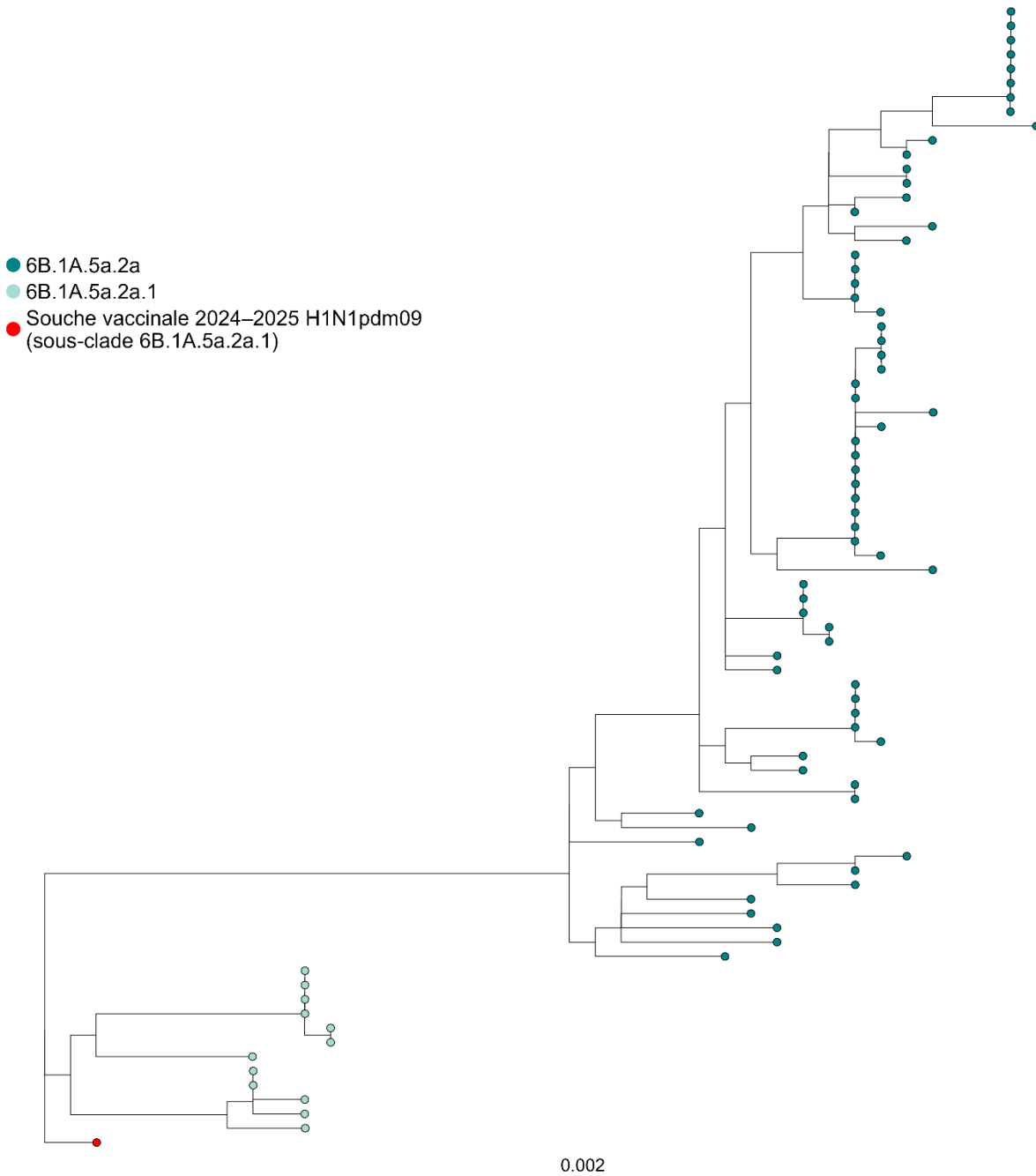
Tableau 3c : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B/Victoria avec des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024

Caractérisation génétique	Boucle 120	Boucle 150	Boucle 160	Hélice 190	Total
Victoria	100 % (3/3)	0,0 % (0/3)	0,0 % (0/3)	100 % (3/3)	100 % (3/3)
V1A.3a.2	100 % (3/3)	0,0 % (0/3)	0,0 % (0/3)	100 % (3/3)	100 % (3/3)
Total séquencé	100 % (3/3)	0,0 % (0/3)	0,0 % (0/3)	100 % (3/3)	100 % (3/3)

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; elles doivent être interprétées avec prudence et ne pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques. Voir les notes techniques pour des précisions. Des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques ont été identifiées relativement à la souche incluse dans le vaccin antigrippal de 2024-2025 (sous-clade V1A.3a.2 de l'influenza B/Victoria). Les échantillons peuvent avoir des substitutions à plus d'une position à l'intérieur du site antigénique. Le site antigénique de la boucle 120 inclut des substitutions aux positions 128 et 129 de la protéine HA. Le site antigénique de l'hélice 190 inclut des substitutions aux positions 194, 196 et 199 de la protéine HA.

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

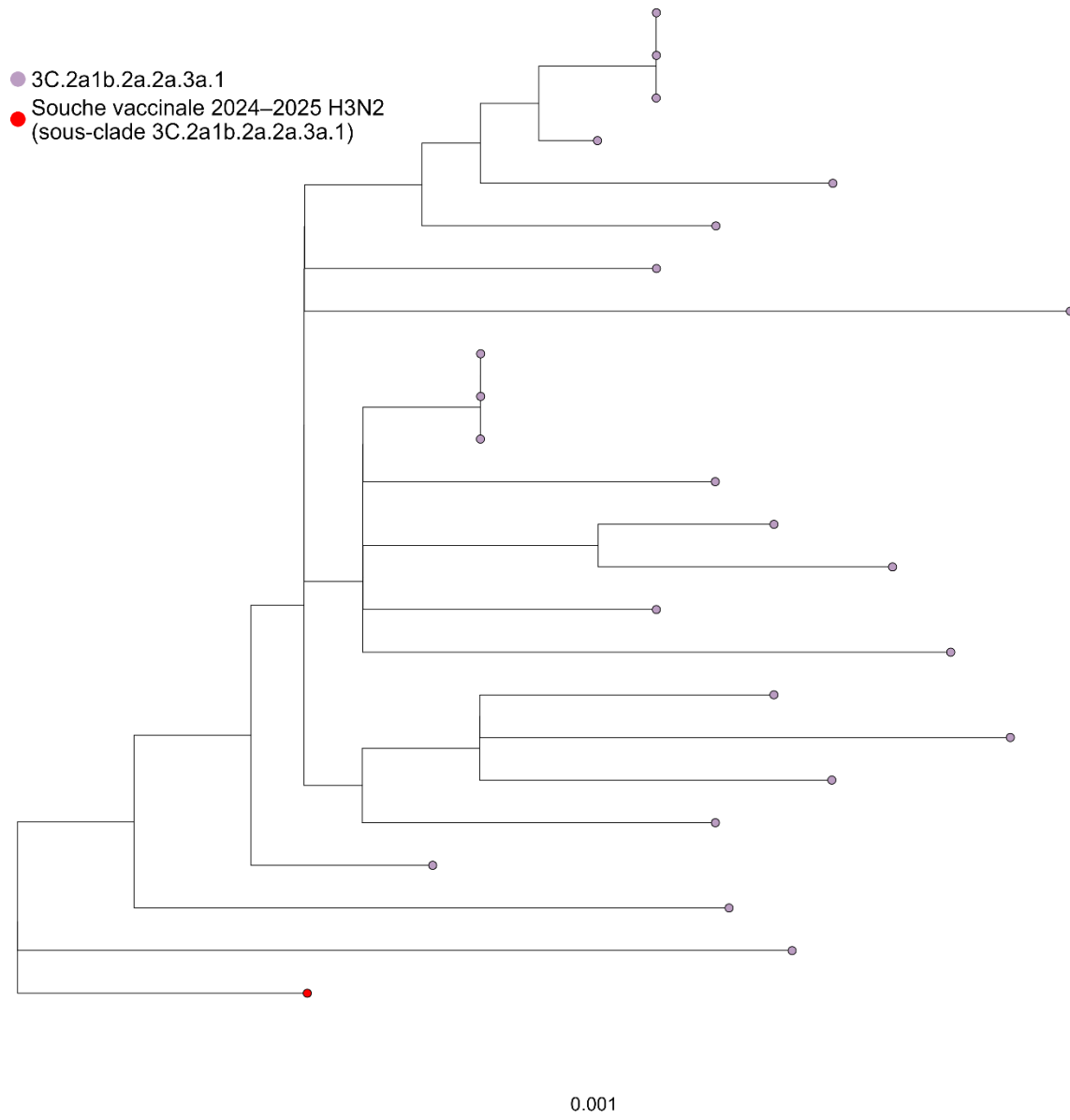
Figure 3a : Arbre phylogénétique d'échantillons positifs à l'influenza A/H1N1pdm09, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024



Remarque : Chaque cercle représente un échantillon distinct. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. L'arbre phylogénétique de probabilité maximale a été généré sur la base de la région HA du génome de l'influenza en utilisant le modèle IQ-TREE GTR avec 100 répliques 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).

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

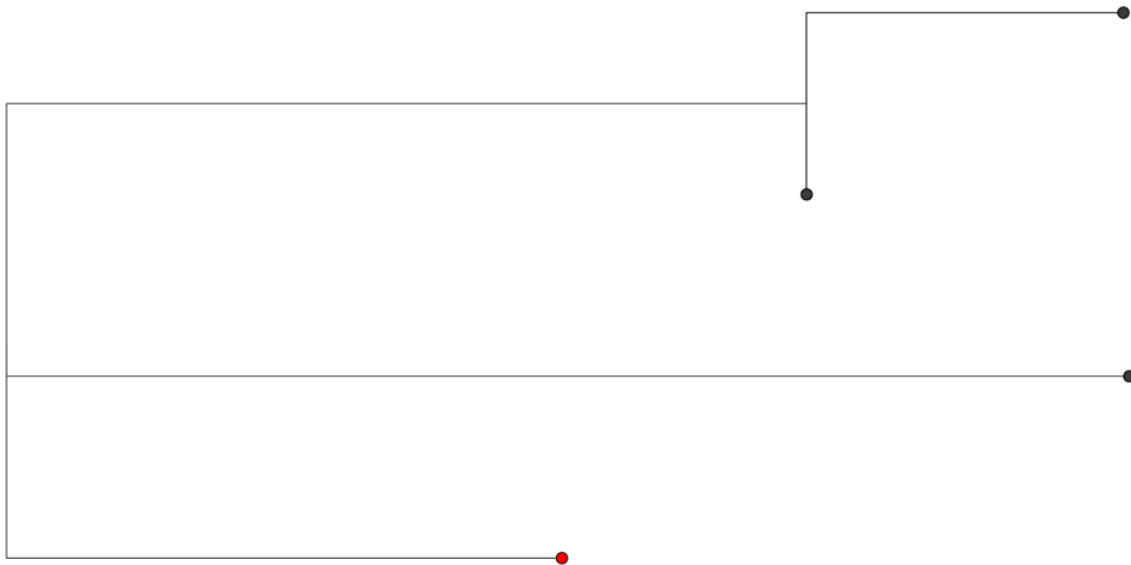
Figure 3b : Arbre phylogénétique d'échantillons positifs à l'influenza A/H3N2, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024



Remarque : Chaque cercle représente un échantillon distinct. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. L'arbre phylogénétique de probabilité maximale a été généré sur la base de la région HA du génome de l'influenza en utilisant le modèle IQ-TREE GTR avec 100 répliques bootstrap. Les séquences identiques sont conservées dans l'arbre. L'arbre est enraciné avec la souche de référence vaccinale du virus de type A/Thailand/8/2022_H3N2 (EPI_ISL_16014504).

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

Figure 3c : Arbre phylogénétique d'échantillons positifs à l'influenza B/Victoria, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024



- V1A.3a.2
- Souche vaccinale 2024–2025 Victoria (sous-clade V1A.3a.2)

0.0008

Remarque : Chaque cercle représente un échantillon distinct. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. L'arbre phylogénétique de probabilité maximale a été généré sur la base de la région HA du génome de l'influenza en utilisant le modèle IQ-TREE GTR avec 100 répliques bootstrap. Les séquences identiques sont conservées dans l'arbre. L'arbre est enraciné avec la souche de référence vaccinale du virus de type B/Austria/1359417/2021_Victoria-like-virus (EPI_ISL_1519459).

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

Tableau 4 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A selon la caractérisation génétique et le groupe d'âge, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024

Caractérisation génétique	Âges : 0-4 ans	Âges : 5-19 ans	Âges : 20-64 ans	Âges : 65 ans et plus	Total
H1N1pdm09	11 (91,7 %)	8 (88,9 %)	19 (67,9 %)	41 (77,4 %)	79 (77,5 %)
6B.1A.5a.2a	10 (83,3 %)	7 (77,8 %)	17 (60,7 %)	33 (62,3 %)	67 (65,7 %)
6B.1A.5a.2a.1	1 (8,3 %)	1 (11,1 %)	2 (7,1 %)	8 (15,1 %)	12 (11,8 %)
H3N2	1 (8,3 %)	1 (11,1 %)	9 (32,1 %)	12 (22,6 %)	23 (22,5 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	1 (8,3 %)	1 (11,1 %)	9 (32,1 %)	12 (22,6 %)	23 (22,5 %)
Total séquencé	12 (100 %)	9 (100 %)	28 (100 %)	53 (100 %)	102 (100 %)

Remarque : Les résultats ne sont pas nécessairement 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 ont été exclus. Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade 6B.1A.5a.2a.1 de l'influenza A/H1N1pdm09, le sous-clade 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 de l'influenza A/H3N2, le sous-clade V1A.3a.2 de l'influenza B/Victoria et le sous-clade Y3 de l'influenza B/Yamagata⁴⁻⁵.

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

Tableau 5 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A selon la caractérisation génétique et le milieu, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024

Caractérisation génétique	Unité de soins intensifs	Hôpital/Service des urgences	Lieu d'hébergement collectif	Soins ambulatoires ou aucun milieu déclaré	Total
H1N1pdm09	0 (0,0 %)	47 (82,5 %)	8 (72,7 %)	24 (70,6 %)	79 (77,5 %)
6B.1A.5a.2a	0 (0,0 %)	40 (70,2 %)	8 (72,7 %)	19 (55,9 %)	67 (65,7 %)
6B.1A.5a.2a.1	0 (0,0 %)	7 (12,3 %)	0 (0,0 %)	5 (14,7 %)	12 (11,8 %)
H3N2	0 (0,0 %)	10 (17,5 %)	3 (27,3 %)	10 (29,4 %)	23 (22,5 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	0 (0,0 %)	10 (17,5 %)	3 (27,3 %)	10 (29,4 %)	23 (22,5 %)
Total séquencé	0 (0,0 %)	57 (100 %)	11 (100 %)	34 (100 %)	102 (100 %)

Remarque : Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. Le milieu représente l'établissement de soins de santé où une personne a reçu des soins. Les lieux d'hébergement collectif comprennent les foyers de soins de longue durée, les maisons de retraite, les établissements correctionnels et les établissements non définis (à l'exclusion des hôpitaux). Un seul échantillon par éclosion a été sélectionné pour le séquençage. Environ 33 % des échantillons d'influenza A sont dépourvus 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 antigrippal de cette saison sont le sous-clade 6B.1A.5a.2a.1 de l'influenza A/H1N1pdm09, le sous-clade 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 de l'influenza A/H3N2, le sous-clade V1A.3a.2 de l'influenza B/Victoria et le sous-clade Y3 de l'influenza B/Yamagata⁴⁻⁵.

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

Tableau 6 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A selon la caractérisation génétique et la région, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024

Caractérisation génétique	Nord	Est	Centre-Est	Toronto	Sud-Ouest	Centre-Ouest	Total
H1N1pdm09	2 (100 %)	3 (75,0 %)	23 (76,7 %)	16 (69,6 %)	7 (63,6 %)	28 (87,5 %)	79 (77,5 %)
6B.1A.5a.2a	2 (100 %)	2 (50,0 %)	18 (60,0 %)	12 (52,2 %)	7 (63,6 %)	26 (81,2 %)	67 (65,7 %)
6B.1A.5a.2a.1	0 (0,0 %)	1 (25,0 %)	5 (16,7 %)	4 (17,4 %)	0 (0,0 %)	2 (6,3 %)	12 (11,8 %)
H3N2	0 (0,0 %)	1 (25,0 %)	7 (23,3 %)	7 (30,4 %)	4 (36,4 %)	4 (12,5 %)	23 (22,5 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	0 (0,0 %)	1 (25,0 %)	7 (23,3 %)	7 (30,4 %)	4 (36,4 %)	4 (12,5 %)	23 (22,5 %)
Total séquencé	2 (100 %)	4 (100 %)	30 (100 %)	23 (100 %)	11 (100 %)	32 (100 %)	102 (100 %)

Remarque : Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. La région a été attribuée selon l'adresse du patient lorsque disponible. Si l'adresse manque, la région a été attribuée selon l'adresse de l'établissement qui a soumis l'information. Pour plus de renseignements sur les bureaux de santé publique 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 de l'influenza A/H1N1pdm09, le sous-clade 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 de l'influenza A/H3N2, le sous-clade V1A.3a.2 de l'influenza B/Victoria et le sous-clade Y3 de l'influenza B/Yamagata⁴⁻⁵.

Source 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'acide aminé H275Y associée à la résistance à l'oseltamivir, parmi des échantillons positifs à l'influenza A selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024

Caractérisation génétique	Substitution d'acide aminé H275Y
H1N1pdm09	0,0 % (0/79)
6B.1A.5a.2a	0,0 % (0/67)
6B.1A.5a.2a.1	0,0 % (0/12)
Total séquencé	0,0 % (0/79)

Remarque : La substitution H275Y a été associée à la résistance à l'oseltamivir de l'influenza A/H1N1pdm09⁹. Ces données sont de nature exploratoire et devraient être interprétées avec prudence. La résistance antivirale est déterminée en enquêtant dans des sites spécifiques dont on a déjà déterminé qu'ils confèrent de la résistance et elle ne tient pas compte de tous les mécanismes de résistance potentiels. Ces données ne devraient pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques. Voir les notes techniques pour des précisions.

Source 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 11 décembre 2024 vers 13 h.
- Le traitement bioinformatique des données a été effectué par le Centre de bioinformatique le 11 décembre 2024 vers 13 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 ($Ct \leq 27$ et volume suffisant restant) aux fins du séquençage du génome entier. Les échantillons positifs à plus d'un virus ont été exclus.
- Seul le premier échantillon d'une éclosion a été sélectionné pour le séquençage du génome entier. Des échantillons multiples provenant de la même éclosion n'ont pas été choisis. Les échantillons analysés provenant du Réseau canadien de surveillance sentinelle (RCSS) ont été exclus.
- Seuls les échantillons des voies respiratoires supérieures (p. ex., écouvillons nasopharyngés ou pharyngés) ont été inclus. Les échantillons de toutes les autres sources ont été exclus.
- La caractérisation génétique des spécimens a été réalisée par séquençage complet du génome suivi de l'analyse par un pipeline bioinformatique utilisant Fastp (0.23.2), CFIA-NCFAD/nf-flu (3.3.6), bwa (0.7.17), bedtools (2.31.0), bcftools (1.10) et emboss (6.6.0)¹⁰⁻¹⁵. Les clades ont été assignés avec l'analyse Nextclade (2.14.0)¹⁶. L'arbre phylogénétique a été créé à l'aide de IQ-TREE (2.2.3)¹⁷.

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 aux services des urgences, les patients symptomatiques hospitalisés (en salle commune et aux soins intensifs/critiques), les résidents symptomatiques en établissement (non liés à une éclosion), et les échantillons provenant des quatre premières personnes symptomatiques (incluant les travailleurs et employés de la 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 épidémie après que les quatre premiers échantillons ont été soumis à un test de dépistage du SRAS-CoV-2 et à un test PCR multiplexe respiratoire. Le test FLUVID est également effectué sur des adultes symptomatiques aux services des urgences qui sont à risque de maladie ou d'issue grave et à l'égard desquels les décisions relatives aux soins ou au traitement pourraient reposer sur les résultats des tests.
- Les personnes qui se rendent à un cabinet de médecin du Réseau canadien de surveillance sentinelle (RCSS)⁸ sont soumises au test de dépistage PCR multiplex des virus respiratoires et exemptées des restrictions de dépistage des laboratoires.

Méthodes de dépistage

- Le dépistage de l'influenza à SPO est effectué en utilisant ce qui suit :
 - Un test PCR multiplex de dépistage simultané des virus respiratoires élaboré en laboratoire. Il permet de dépister 11 cibles dont l'influenza A, l'influenza A/H3N2, l'influenza A/H1N1pdm09 et l'influenza B.
 - Un test FLUVID permettant de dépister l'influenza A et B, ainsi que le virus respiratoire syncytial (VRS A/B) et le SRAS-CoV-2 (COVID-19). Il peut servir de test initial avant le test de dépistage PCR multiplex des virus respiratoires 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 peuvent provoquer 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 déclencher la reconnaissance du virus par les cellules hôtes infectées¹⁸.
- 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 doivent être interprétées avec prudence. L'incidence possible des mutations identifiées sur la réponse immunitaire ou antivirale induite par la vaccination est inconnue. Ces données ne devraient pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques.

Résistance antivirale

- La résistance antivirale était basée sur l'examen de données génomiques pour des marqueurs moléculaires de la résistance plutôt que sur des tests de susceptibilité.
- La substitution d'acides aminés H275Y est considérée comme une substitution cliniquement pertinente qui est associée à la résistance à l'oseltamivir de l'influenza A/H1N1pdm09⁹. L'effet des autres substitutions (dont celles des virus H3N2) sur la résistance antivirale n'est pas bien décrit.

Mises en garde concernant les données

Le présent rapport est fondé sur des échantillons analysés à SPO et n'est pas nécessairement 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.

- Les nombres et proportions peuvent ne pas correspondre à ceux de l'Outil de surveillance des virus respiratoires en Ontario car les échantillons acheminés à SPO pour sous-typage ont été inclus. De plus, seuls les échantillons admissibles (Ct \leq 27, volume suffisant restant, premier échantillon d'une éclosion) ont été inclus.
- SPO effectue environ 31 % des tests de dépistage de l'influenza en Ontario. La plupart des échantillons que SPO analyse proviennent de personnes de plus de 65 ans qui habitent dans des lieux d'hébergement collectif. De plus, 44,9 % 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, de la zone couverte par le dépistage de SPO, du volume d'échantillons disponibles, des critères de sélection des échantillons pour le séquençage du génome entier et de la possibilité de séquencer un échantillon. Par conséquent, les résultats peuvent ne pas être représentatifs de l'ensemble de l'Ontario.
- Les nombres basés sur des échantillons ne représentent pas des personnes uniques, car plus d'un échantillon provenant de la même personne peut avoir été analysé.
- 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.
- Régions géographiques :
 - La région du Nord comprend le Bureau de santé du Nord-Ouest, le Bureau de santé du district de Thunder Bay, le Bureau de santé Porcupine, Santé publique Algoma, le Service de santé publique de Sudbury et du district, les Services de santé du Timiskaming et le Bureau de santé du district de North Bay-Parry Sound;
 - La région de l'Est comprend le Bureau de santé du comté et du district de Renfrew, Santé publique Ottawa, le Bureau de santé de l'Est de l'Ontario, le Bureau de santé du district de Leeds, Grenville et Lanark, le Bureau de santé de Kingston, Frontenac, Lennox et Addington et le Bureau de santé de Hastings et Prince Edward;
 - La région du Centre-Est comprend le Bureau de santé du district d'Haliburton, Kawartha et Pine Ridge, le Bureau de santé de Peterborough, le Bureau de santé de Durham, le Bureau de santé du district de Simcoe Muskoka, le Service de santé de la région de York et le Bureau de santé de la région de Peel;

- Toronto comprend Santé publique Toronto;
- La région du Centre-Ouest comprend le Bureau de santé de la région de Niagara, le Bureau de santé de la région de Halton, les Services de santé publique de Hamilton, le Bureau de santé du comté de Brant, le Bureau de santé de Wellington-Dufferin-Guelph, les Services de santé publique et d'urgence de la région de Waterloo et le Bureau de santé d'Haldimand-Norfolk;
- La région du Sud-Ouest comprend le Bureau de santé de Grey Bruce, le Bureau de santé de Huron et Perth, le Bureau de santé du Sud-Ouest, le Bureau de santé de Middlesex-London, le Bureau de santé de Lambton, le Bureau de santé de Chatham-Kent et le Bureau de santé 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 environ 33 % des échantillons d'influenza. Par conséquent, les résultats par établissement doivent être interprétés avec prudence.

Références

1. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). *Influenza virus genome sequencing and genetic characterization* [Internet], Atlanta (Géorgie), CDC, 2024 [modifié le 17 sept. 2024; cité le 30 déc. 2024]. Disponible à : <https://www.cdc.gov/flu/php/viruses/genetic-characterization.html>
2. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). *Pleins feux sur : Les vaccins pour la saison grippale 2024-2025* [Internet], Toronto (Ontario), Imprimeur du Roi pour l'Ontario, 2024 [cité le 30 déc. 2024]. 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 2024-2025 northern hemisphere influenza season* [Internet], Genève, OMS, 2024 [cité le 30 déc. 2024]. Disponible à : <https://www.who.int/publications/m/item/recommended-composition-of-influenza-virus-vaccines-for-use-in-the-2024-2025-northern-hemisphere-influenza-season>
4. Agence de la santé publique du Canada. *Rapport canadien de surveillance des virus respiratoires* [Internet], Ottawa (Ontario), gouvernement du Canada, 2024 [modifié le 20 déc. 2024; cité le 30 déc. 2024]. Disponible à : <https://sante-infobase.canada.ca/surveillance-virus-respiratoires/grippe.html>
5. Agence de la santé publique du Canada. *Surveillance de l'influenza : Du 21 juillet 2024 au 24 août 2024 (semaines de déclaration 30-34)* [Internet], Ottawa (Ontario), gouvernement du Canada, 2024 [modifié le 30 août 2024; cité le 30 déc. 2024]. Disponible à : <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/publications/maladies-et-affections/surveillance-influenza/2023-2024/semaine-30-34-juillet-21-juillet-24-2024.html>
6. Agence de la santé publique du Canada. *Tendances des virus respiratoires au Canada* [Internet], Ottawa (Ontario), gouvernement du Canada, 2024 [modifié le 19 déc. 2024; cité le 30 déc. 2024]. Disponible à : <https://sante-infobase.canada.ca/detections-virus-respiratoires/>
7. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). *Respiratory viruses (including influenza)* [Internet], Toronto (Ontario), Imprimeur du Roi pour l'Ontario, 2024 [modifié le 20 oct. 2024; cité le 30 déc. 2024]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/fr/laboratory-services/test-information-index/virus-respiratory>
8. 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 (Ontario), Imprimeur de la Reine pour l'Ontario, 2019 [modifié le 22 nov. 2019; cité le 30 déc. 2024]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/fr/health-topics/immunization/spsn>
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 [cité le 30 déc. 2024]. 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))
10. Chen, S. « Ultrafast one-pass FASTQ data preprocessing, quality control, and deduplication using fastp », *iMeta*, 2023, vol. 2, n° 2, p. e107. Disponible à : <https://doi.org/10.1002/imt2.107>

11. Kruczkiewicz, P. *CFIA-NCFAD/nf-flu* [progiciel]. Version 3.3.6. 2023 [mis à jour le 2 nov. 2023; cité le 30 déc. 2024]. Disponible à : <https://github.com/CFIA-NCFAD/nf-flu/releases/tag/3.3.6>
12. Li, H. « Aligning sequence reads, clone sequences and assembly contigs with BWA-MEM », *arXiv*, 2013, 1303.3997v2. Disponible à : <https://doi.org/10.48550/arXiv.1303.3997>
13. Quinlan, A. R., et I. M. Hall. « BEDTools: a flexible suite of utilities for comparing genomic features », *Bioinformatics*, 2010, vol. 26, n° 6, p. 841-842. Disponible à : <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq033>
14. Danecek, P., J. K. Bonfield, J. Liddle, J. Marshall, V. Ohan et coll. *Bcftools* [progiciel]. Version 1.10. 2019 [mis à jour le 6 déc. 2019; cité le 30 déc. 2024]. Disponible à : <https://github.com/samtools/bcftools/releases/tag/1.10>
15. Rice, P., I. Longden, et A. Bleasby. « EMBOSS: the European Molecular Biology Open Software Suite », *Trends Genet*, 2000, vol. 16, n° 6, p. 276-277. Disponible à : [https://doi.org/10.1016/s0168-9525\(00\)02024-2](https://doi.org/10.1016/s0168-9525(00)02024-2)
16. Aksamentov, I., C. Roemer, E. B. Hodcroft et R. A. Neher. *Nextclade* [progiciel]. Version 2.14.0. 2023 [mis à jour le 9 mai 2023; cité le 30 déc. 2024]. Disponible à : <https://github.com/nextstrain/nextclade/releases/tag/2.14.0>
17. Nguyen, L.-T., H. A. Schmidt, A. von Haeseler et B. Q. Minh. *IQ-TREE* [progiciel]. Version 2.2.3. 2023 [mis à jour le 10 août 2023; cité le 30 déc. 2024]. Disponible à : <https://github.com/iqtree/iqtree2/releases/tag/v2.2.3>
18. Wu, N. C., et I. A. Wilson. *Influenza hemagglutinin structures and antibody recognition*. *Cold Spring Harb Perspect Med*, 2020, vol. 10, n° 8, a038778. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a038778>
19. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). *Weekly US Influenza Surveillance Report: Key Updates for Week 47, ending November 23, 2024* [Internet], Atlanta, États-Unis, CDC, 2024 [modifié le 2 déc. 2024; cité le 30 déc. 2024]. Disponible à : <https://www.cdc.gov/fluview/surveillance/2024-week-47.html>
20. UK Health Security Agency. *National flu and COVID-19 surveillance report: 28 November (Week 48)* [Internet], Londres (Royaume-Uni), UK Security Agency, 2024 [modifié le 19 déc. 2024, cité le 30 déc. 2024]. Disponible à : <https://www.gov.uk/government/statistics/national-flu-and-covid-19-surveillance-reports-2024-to-2025-season/national-flu-and-covid-19-surveillance-report-28-november-week-48>

Annexe A : Comparaison territoriale

Tableau 1 supplémentaire : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A selon la caractérisation génétique et le territoire, du 19 mai au 24 novembre 2024

Caractérisation génétique	Ontario (1 ^{er} septembre – 23 novembre)	Canada (1 ^{er} septembre – 23 novembre)	États-Unis d'Amérique (19 mai – 23 novembre)	Royaume-Uni (26 août – 24 novembre)
H1N1pdm09	79 (77,5 %)	54 (79,4 %)	381 (45,0 %)	169 (80,1 %)
6B.1A.5a.2a	67 (65,7 %)	21 (30,9 %)	171 (20,2 %)	160 (75,8 %)
6B.1A.5a.2a.1	12 (11,8 %)	33 (48,5 %)	210 (24,8 %)	9 (4,3 %)
H3N2	23 (22,5 %)	14 (20,6 %)	466 (55,0 %)	42 (19,9 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	3 (0,4 %)	0 (0,0 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	23 (22,5 %)	14 (20,6 %)	463 (54,7 %)	42 (19,9 %)
Total séquencé	102 (100 %)	68 (100 %)	847 (100 %)	211 (100 %)

Remarque : La prévalence dans les différents territoires peut ne pas être directement comparable en raison de variations dans les périodes et les stratégies d'échantillonnage.

Sources des données : Santé publique Ontario, Agence de la santé publique du Canada⁴, Centres for Disease Control and Prevention¹⁹, UK Health Security Agency²⁰.

Tableau 2 supplémentaire : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B selon la caractérisation génétique et le territoire, du 19 mai au 24 novembre 2024

Caractérisation génétique	Ontario (1 ^{er} septembre – 23 novembre)	Canada (1 ^{er} septembre – 23 novembre)	États-Unis d'Amérique (19 mai – 23 novembre)	Royaume-Uni (26 août – 24 novembre)
Victoria	3 (100 %)	1 (100 %)	83 (100 %)	24 (100 %)
V1A.3a.2	3 (100 %)	1 (100 %)	83 (100 %)	24 (100 %)
Total séquencé	3 (100 %)	1 (100 %)	83 (100 %)	24 (100 %)

Remarque : La prévalence dans les différents territoires peut ne pas être directement comparable en raison de variations dans les périodes et les stratégies d'échantillonnage.

Sources des données : Santé publique Ontario, Agence de la santé publique du Canada⁴, Centres for Disease Control and Prevention¹⁹, UK Health Security Agency²⁰.

Modèle proposé pour citer le document

Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). *Surveillance génomique de l'influenza en Ontario : début de saison 2024-2025*, Toronto (Ontario), Imprimeur du Roi pour l'Ontario, 2025.

ISSN : 2818-0402

Avis de non-responsabilité

Santé publique Ontario (SPO) a conçu le présent document. SPO offre des conseils scientifiques et techniques au gouvernement, aux agences de santé publique et aux fournisseurs de soins de santé de l'Ontario. Les travaux de SPO s'appuient sur les meilleures données probantes disponibles au moment de leur publication. L'application et l'utilisation du présent document relèvent de la responsabilité des utilisateurs. 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 ni aucune modification ne peuvent être apportés à ce document sans la permission écrite explicite de Santé publique Ontario.

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.