

RAPPORT DE SURVEILLANCE

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

Date de publication : Août 2025

Introduction

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

Faits saillants

- Au total, 374 échantillons ont été inclus aux fins du rapport pour la saison visée ici (du 1^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025), ce qui représente 1,8 % des spécimens positifs à l'influenza à la suite des analyses effectuées par SPO.
- Sur les 368 échantillons d'influenza A séquencés pendant la saison visée, 74,2 % présentaient le sous-type H1N1pdm09 et 25,8 % le sous-type H3N2 saisonnier.
 - De plus, 175 échantillons (47,6 %) présentaient le sous-clade génétique 6B.1A.5a.2a du sous-type H1N1pdm09 et 98 échantillons (26,6 %), le sous-clade génétique 6B.1A.5a.2a.1. La composante H1N1pdm09 du vaccin antigrippal actuellement utilisé dans l'hémisphère Nord appartient au sous-clade génétique 6B.1A.5a.2a.1.
 - 95 échantillons (25,8 %) présentaient le sous-clade génétique 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 du virus H3N2. La composante H3N2 du vaccin antigrippal actuel utilisé dans l'hémisphère Nord appartient au même sous-clade génétique 3C.2a1b.2a.2a.3a.1.
- Les six échantillons d'influenza B séquencés au cours de la saison actuelle appartenaient tous au sous-clade génétique Victoria V1A.3a.2. La composante Victoria du vaccin antigrippal actuel utilisé dans l'hémisphère Nord appartient à ce même sous-clade génétique.
- Sur les échantillons de H1N1pdm09 séquencés, un échantillon (0,4 %) du sous-clade génétique 6B.1A.5a.2a présentait la substitution d'acide aminé H275Y dans le gène de la neuraminidase (NA), qui est associée à la résistance à l'oseltamivir.
- Des 249 échantillons séquencés conformes aux critères de contrôle de la qualité pour le gène de la polymérase acide (PA), aucun ne présentait la substitution d'acide aminé I38T dans le gène de la PA associée à la résistance à l'oseltamivir.

Généralités

Il y a deux types de virus de l'influenza (influenza A et B) à l'origine de la plupart des cas humains pendant la saison grippale. L'influenza A peut être classée en sous-types (p. ex., H1N1pdm09, H3N2 saisonnier) 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 peuvent entraîner de nouvelles subdivisions des sous-types ou lignées, qui sont appelées clades et sous-clades. De nombreux sous-clades ne modifient 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 en circulation et de se prononcer sur les souches de vaccins en circulation au cours des saisons à venir¹. Pour la saison grippale 2024-2025, le programme ontarien de vaccination financé par les deniers publics comprend 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.

SPO effectue un dépistage régulier des virus respiratoires saisonniers chez certains groupes de population, soit :

- les résidents symptomatiques (et le personnel concerné du milieu de la santé) des lieux 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 urgences⁶;
- 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)⁷.

SPO classe également en sous-types les échantillons testés initialement par d'autres laboratoires, que ce soit sur demande ou pour renforcer la surveillance du virus H5N1. SPO a pu ainsi réunir 52 % de tous les échantillons positifs à l'influenza A en Ontario et effectuer une sélection pour le présent rapport.

Afin de comprendre la diversité des virus en circulation pendant la saison grippale 2024-2025, SPO a séquencé des échantillons admissibles (Ct ≤ 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 sont classées dans des sous-types, des lignées, des clades et des sous-clades.

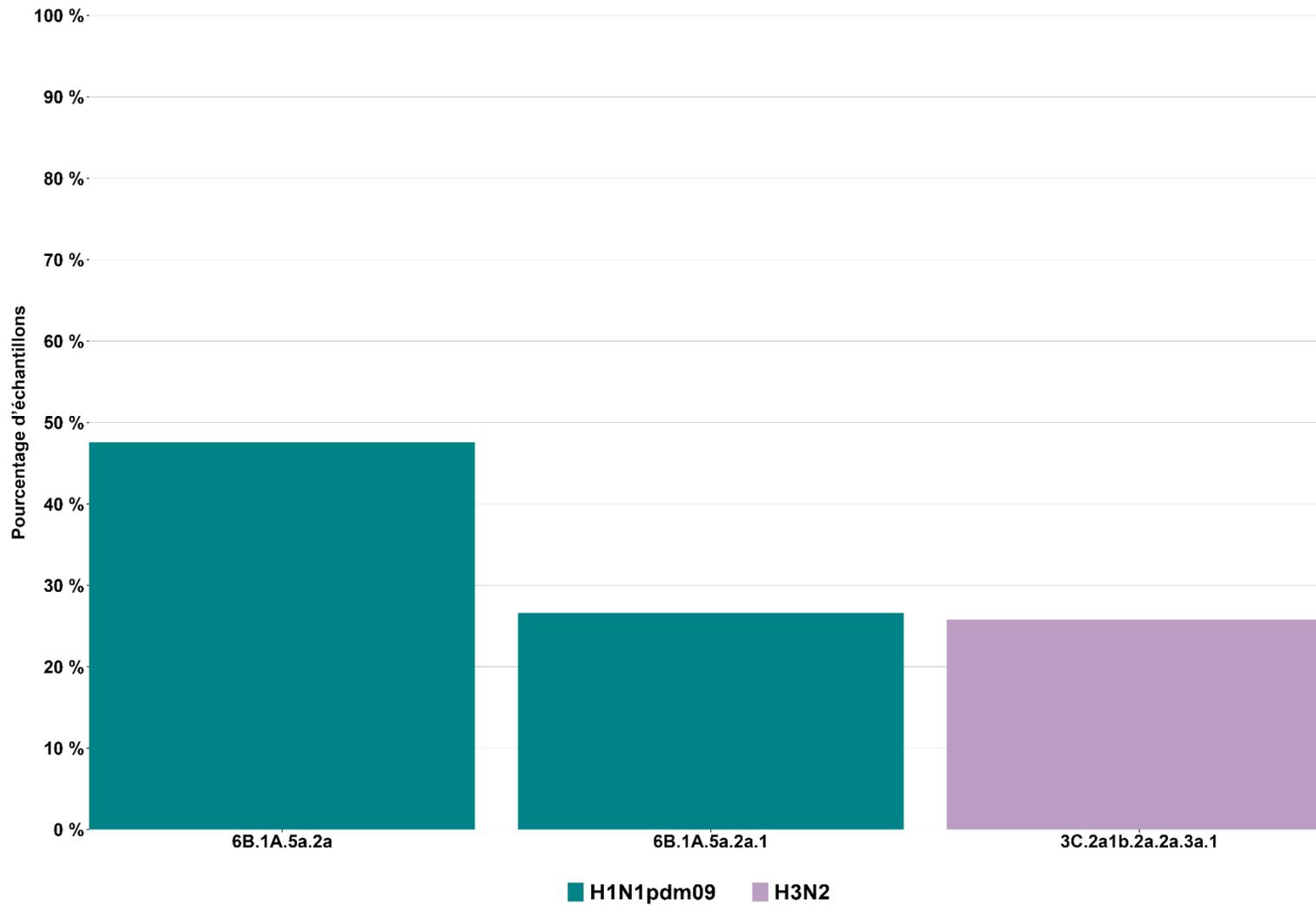
Résultats

Tableau 1a : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025

Caractérisation génétique	Saison 2024-2025 (du 1 ^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025)
H1N1pdm09	273 (74,2 %)
6B.1A.5a.2a	175 (47,6 %)
6B.1A.5a.2a.1	98 (26,6 %)
H3N2	95 (25,8 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	95 (25,8 %)
Total d'échantillons séquencés	368 (100 %)

Remarques : Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. La date a été assignée en fonction de la date connue la plus proche du prélèvement de l'échantillon. Le vaccin antigrippal de cette saison inclut 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.

Figure 1 : Pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025



Remarque : Le vaccin antigrippal de cette saison inclut 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. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario.

Tableau 1b : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025

Caractérisation génétique	Saison 2024-2025 (du 1 ^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025)
Victoria	6 (100 %)
V1A.3a.2	6 (100 %)
Total d'échantillons séquencés	6 (100 %)

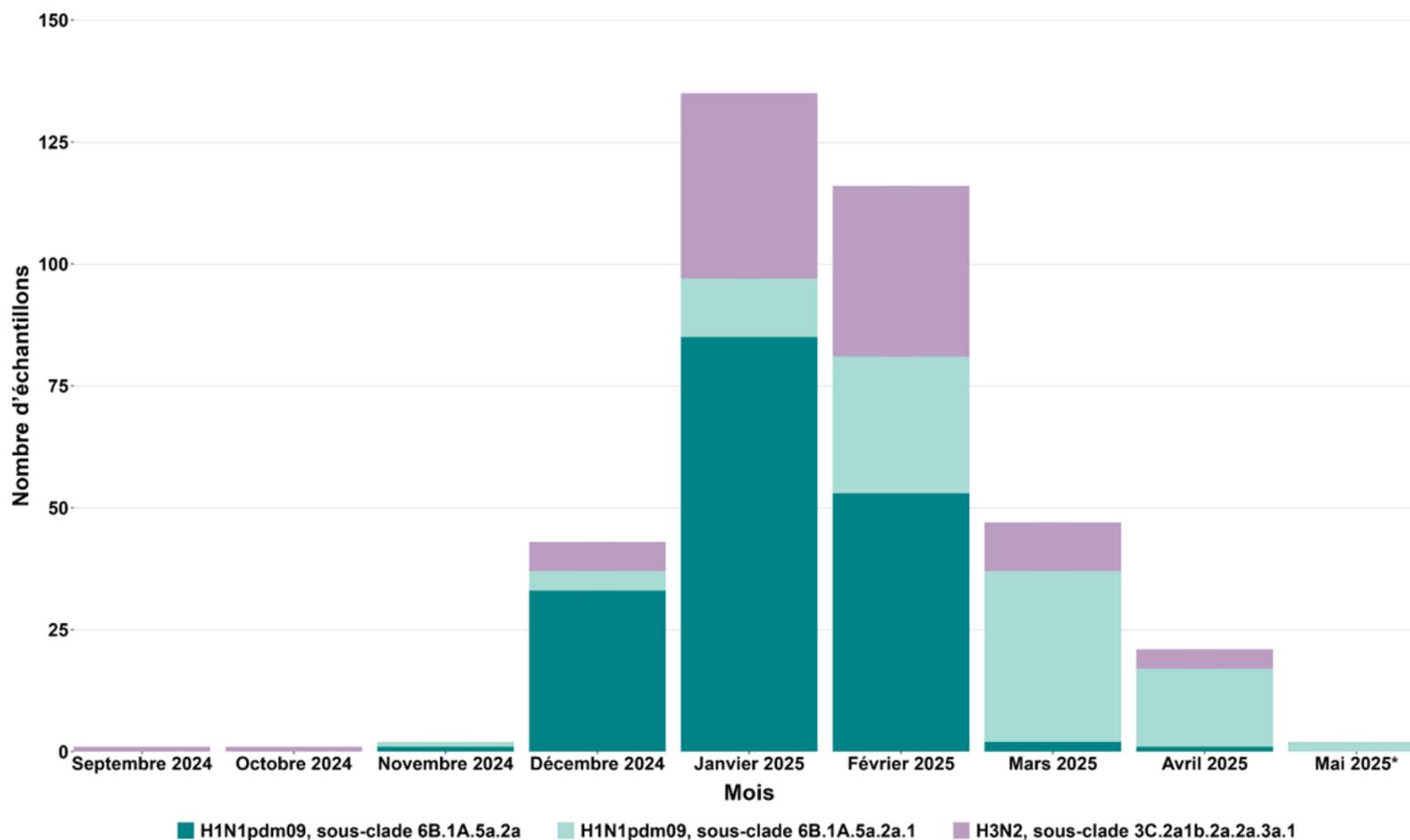
Remarques : Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. La date a été assignée en fonction de la date connue la plus proche du prélèvement de l'échantillon. Le vaccin antigrippal de cette saison inclut le sous-clade 6B.1A.5a.2a.1 de l'influenza A/H1N1pdm09, le 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.

Tableau 2 : Nombre d'échantillons positifs à l'influenza, nombre et pourcentage séquencés, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025

Mois	Nombre d'échantillons positifs	Nombre d'échantillons séquencés	Pourcentage d'échantillons séquencés
Septembre 2024	39	1	2,6 %
Octobre 2024	95	1	1,1 %
Novembre 2024	183	2	1,1 %
Décembre 2024	2 798	43	1,5 %
Janvier 2025	6 616	135	2,0 %
Février 2025	6 275	118	1,9 %
Mars 2025	3 174	49	1,5 %
Avril 2025	1 168	23	2,0 %
Mai 2025*	172	2	1,2 %
Total	20 520	374	1,8 %

Remarques : *Le mois de mai 2025 est incomplet. Sur les 374 échantillons séquencés, 5,6 % (21/374) 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 connue la plus proche du prélèvement de l'échantillon. Voir les notes techniques pour des précisions sur la sélection des échantillons pour le séquençage.

Figure 2 : Nombre d'échantillons positifs à l'influenza A séquencés selon la caractérisation génétique et le mois, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025



Remarques : *Le mois de mai 2025 est incomplet. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. Le vaccin antigrippal de cette saison inclut 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 connue la plus proche du prélèvement de l'échantillon.

Tableau 3a : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A/H1N1pdm09 avec substitutions d'acides aminés sur sites antigéniques selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025

Caractérisation génétique	Site antigénique Ca de la protéine HA	Site antigénique Cb de la protéine HA	Site antigénique Sa de la protéine HA	Site antigénique Sb de la protéine HA	Total
H1N1pdm09	98,9 % (270/273)	5,1 % (14/273)	2,2 % (6/273)	0,4 % (1/273)	99,3 % (271/273)
6B.1A.5a.2a	99,4 % (174/175)	8,0 % (14/175)	2,3 % (4/175)	0,6 % (1/175)	100 % (175/175)
6B.1A.5a.2a.1	98,0 % (96/98)	0,0 % (0/98)	2,0 % (2/98)	0,0 % (0/98)	98,0 % (96/98)
Total d'échantillons séquencés	98,9 % (270/273)	5,1 % (14/273)	2,2 % (6/273)	0,4 % (1/273)	99,3 % (271/273)

Remarques : On ignore toutefois l'incidence des substitutions au niveau des sites antigéniques sur l'immunité induite par le vaccin. Ces données sont de nature exploratoire et doivent être interprétées avec prudence. Ces données ne devraient pas servir de base aux décisions cliniques ni à des suppositions concernant les impacts de l'immunité induite par le vaccin. Voir les notes techniques pour des précisions. On a observé des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques 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 différentes positions sur un site antigénique. Le site antigénique Ca présente des substitutions aux positions 137, 139, 142, 168, 169, 170, 205, 223 et 271 de l'hémagglutinine (HA). Le site antigénique Cb présente des substitutions aux positions 69, 70, 72, 73, 75 et 112 de la protéine HA. Le site antigénique Sa présente des substitutions aux positions 121, 125, 155, 157, 158 et 161 de la protéine HA. Le site antigénique Sb présente des substitutions à la position 190 de la protéine HA.

Tableau 3b : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A/H3N2 avec substitutions d'acides aminés sur sites antigéniques selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025

Caractérisation génétique	Site antigénique HA A	Site antigénique HA B	Site antigénique HA C	Site antigénique HA D	Site antigénique HA E	Total
H3N2	100 % (95/95)	12,6 % (12/95)	98,9 % (94/95)	98,9 % (94/95)	9,5 % (9/95)	100 % (95/95)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	100 % (95/95)	12,6 % (12/95)	98,9 % (94/95)	98,9 % (94/95)	9,5 % (9/95)	100 % (95/95)
Total d'échantillons séquencés	100 % (95/95)	12,6 % (12/95)	98,9 % (94/95)	98,9 % (94/95)	9,5 % (9/95)	100 % (95/95)

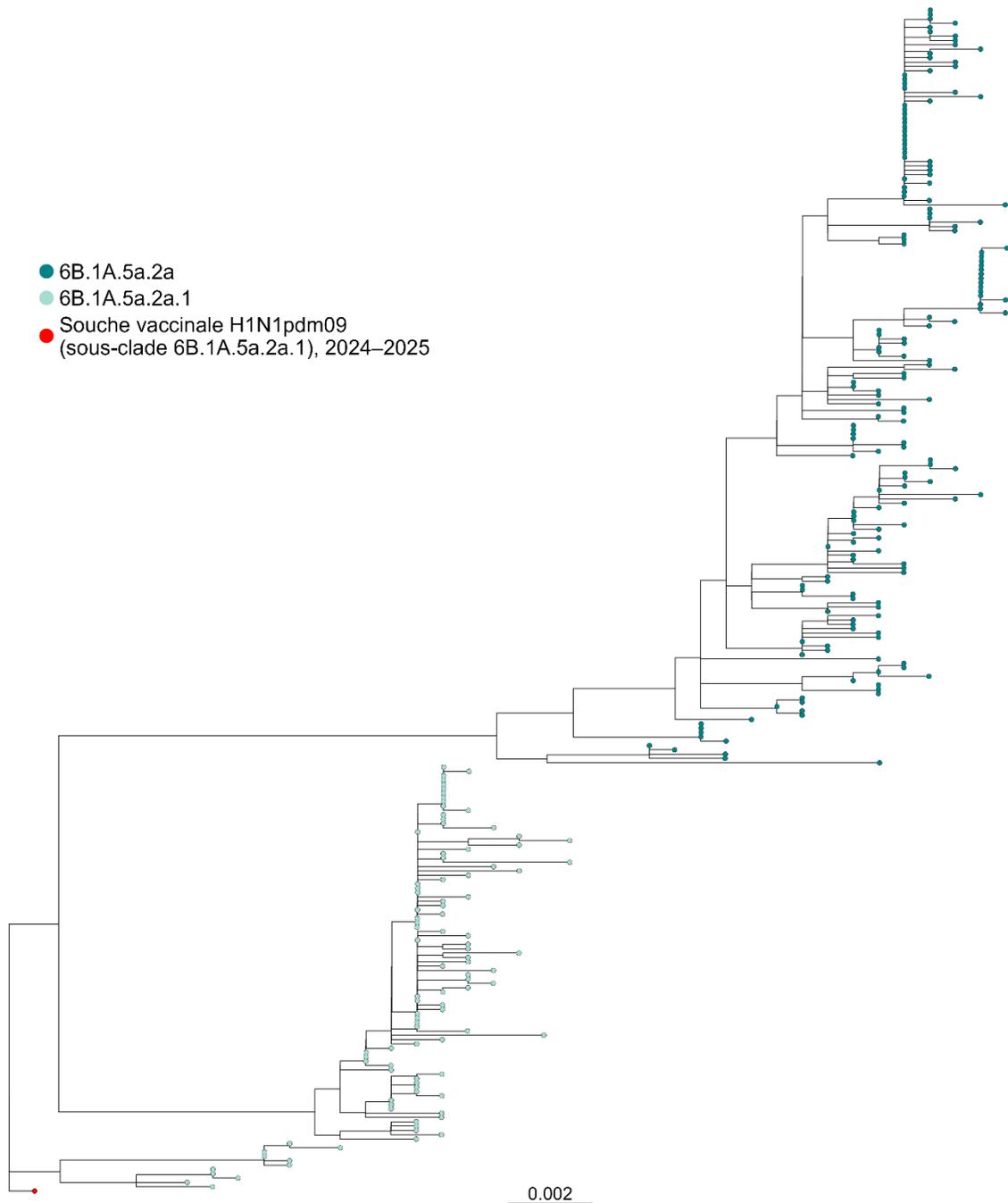
Remarques : On ignore toutefois l'incidence des substitutions au niveau des sites antigéniques sur l'immunité induite par le vaccin. Ces données sont de nature exploratoire et doivent être interprétées avec prudence. Ces données ne devraient pas servir de base aux décisions cliniques. Voir les notes 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 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 de l'influenza A/H3N2). Les virus séquencés peuvent présenter des substitutions à différentes positions sur un site antigénique. Le site antigénique A présente des substitutions aux positions 122, 124, 135, 260, 261 et 265 de la protéine HA. Le site antigénique B présente des substitutions aux positions 158, 159, 160 et 189 de la protéine HA. Le site antigénique C présente des substitutions aux positions 50, 273, 276, 278 et 280 de la protéine HA. Le site antigénique D présente des substitutions aux positions 96, 121, 173, 182, 203, 207, 212, 214 et 242 de la protéine HA. Le site antigénique E présente des substitutions aux positions 63, 78, 83, 91 et 94 de la protéine HA.

Tableau 3c : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B/Victoria avec substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025

Caractérisation génétique	boucle 120	boucle 150	boucle 160	hélice 190	Total
Victoria	100 % (6/6)	0,0 % (0/6)	0,0 % (0/6)	100 % (6/6)	100 % (6/6)
V1A.3a.2	100 % (6/6)	0,0 % (0/6)	0,0 % (0/6)	100 % (6/6)	100 % (6/6)
Total d'échantillons séquencés	100 % (6/6)	0,0 % (0/6)	0,0 % (0/6)	100 % (6/6)	100 % (6/6)

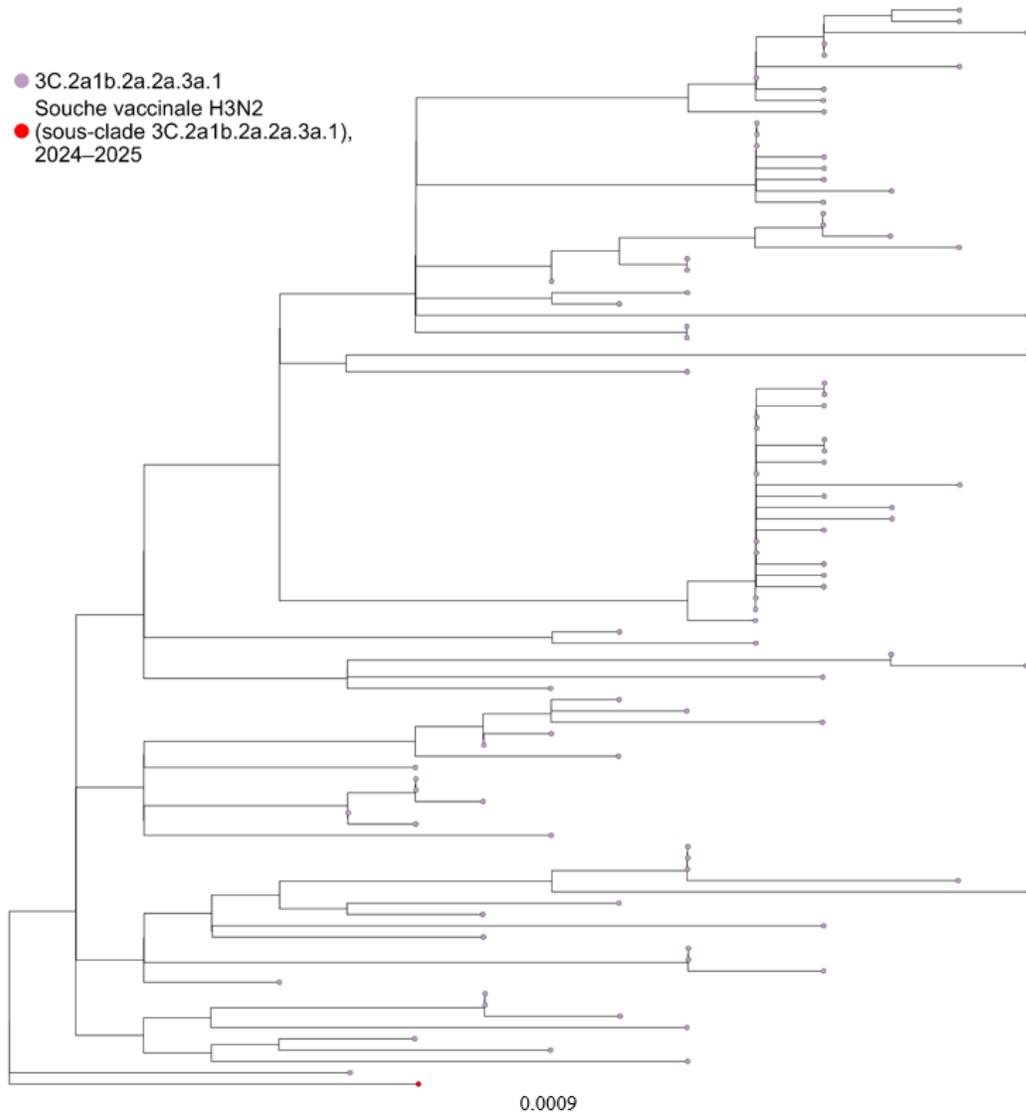
Remarques : On ignore l'incidence des substitutions au niveau des sites antigéniques sur l'immunité induite par le vaccin. Ces données sont de nature exploratoire et doivent être interprétées avec prudence. Ces données ne devraient pas servir de base aux décisions cliniques. Voir les notes techniques pour des précisions. On a observé des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques relativement à la souche incluse dans le vaccin antigrippal de 2024-2025 (sous-clade V1A.3a.2 de l'influenza B/Victoria). Les virus séquencés peuvent présenter des substitutions à différentes positions sur un site antigénique. Le site antigénique boucle 120 présente des substitutions aux positions 128 et 129 de la protéine HA. Le site antigénique hélice 190 présente des substitutions aux positions 194 et 196 de la protéine HA.

Figure 3a : Arbre phylogénétique d'échantillons positifs à l'influenza A/H1N1pdm09, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025



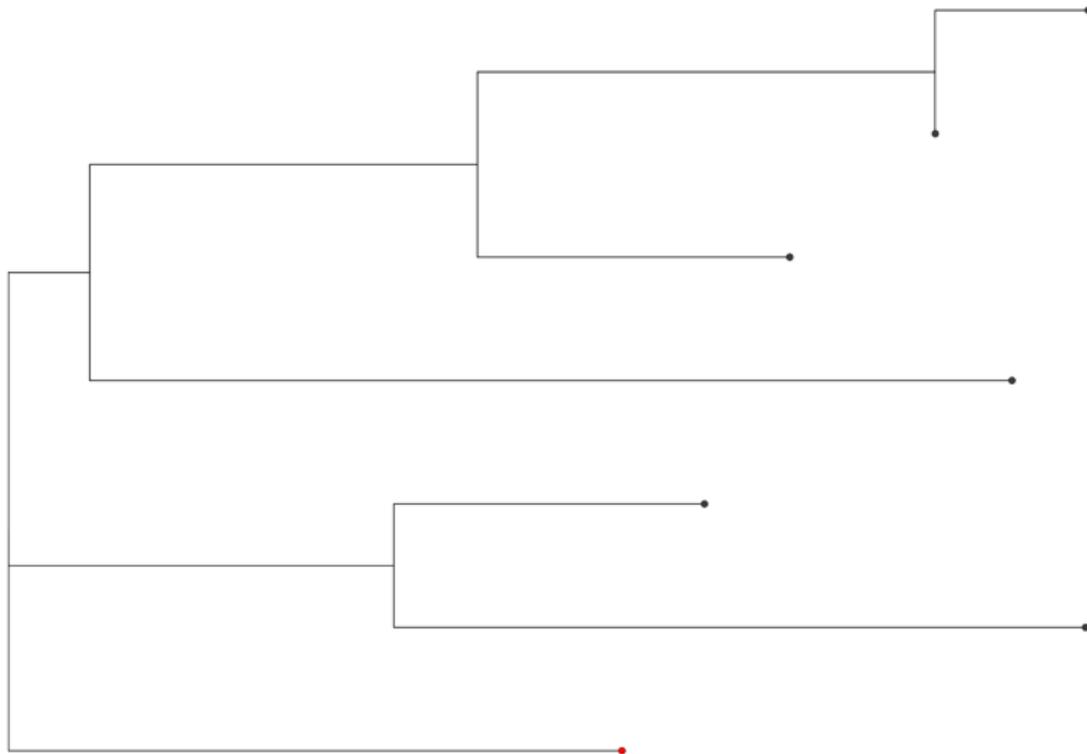
Remarques : Chaque cercle représente un échantillon distinct. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. L'arbre phylogénétique de probabilité maximale a été généré selon la position de l'hémagglutinine par rapport au génome de l'influenza en utilisant le modèle IQ-TREE GTR avec 100 réplifications de type « bootstrap ». Les séquences identiques sont conservées dans l'arbre. L'arbre est construit à partir de la souche vaccinale de référence du virus de type A/Victoria/4897/2022_H1N1_pdm09 (EPI_ISL_16714268).

Figure 3b : Arbre phylogénétique d'échantillons positifs à l'influenza A/H3N2, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025



Remarques : 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 selon la position de l'hémagglutinine par rapport au génome de l'influenza en utilisant le modèle IQ-TREE GTR avec 100 répliquions de type « bootstrap ». Les séquences identiques sont conservées dans l'arbre. L'arbre est construit à partir de la souche vaccinale de référence du virus de type A/Thailand/8/2022_H3N2 (EPI_ISL_16014504).

Figure 3c : Arbre phylogénétique d'échantillons positifs au virus de l'influenza B/Victoria, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025



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

0.0008

Remarques : 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 selon la position de l'hémagglutinine par rapport au génome de l'influenza en utilisant le modèle IQ-TREE GTR avec 100 répliquions de type « bootstrap ». Les séquences identiques sont conservées dans l'arbre. L'arbre est construit à partir de la souche vaccinale de référence du virus de type B/Austria/1359417/2021_Victoria (EPI_ISL_1519459).

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 2024 au 17 mai 2025

Caractérisation génétique	0 à 4 ans	5 à 19 ans	20 à 64 ans	65 ans et plus	Total
H1N1pdm09	49 (79,0 %)	20 (54,1 %)	63 (68,5 %)	141 (79,7 %)	273 (74,2 %)
6B.1A.5a.2a	38 (61,3 %)	17 (45,9 %)	48 (52,2 %)	72 (40,7 %)	175 (47,6 %)
6B.1A.5a.2a.1	11 (17,7 %)	3 (8,1 %)	15 (16,3 %)	69 (39,0 %)	98 (26,6 %)
H3N2	13 (21,0 %)	17 (45,9 %)	29 (31,5 %)	36 (20,3 %)	95 (25,8 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	13 (21,0 %)	17 (45,9 %)	29 (31,5 %)	36 (20,3 %)	95 (25,8 %)
Total d'échantillons séquencés	62 (100 %)	37 (100 %)	92 (100 %)	177 (100 %)	368 (100 %)

Remarques : 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 sans date de naissance ont été exclus. Le vaccin antigrippal de la saison visée ici inclut 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.

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 2024 au 17 mai 2025

Caractérisation génétique	Unité de soins intensifs	Hôpital ou service des urgences	Lieu d'hébergement collectif	Soins ambulatoires ou aucun milieu déclaré	Total
H1N1pdm09	3 (60,0 %)	133 (67,9 %)	42 (85,7 %)	95 (80,5 %)	273 (74,2 %)
6B.1A.5a.2a	2 (40,0 %)	98 (50,0 %)	20 (40,8 %)	55 (46,6 %)	175 (47,6 %)
6B.1A.5a.2a.1	1 (20,0 %)	35 (17,9 %)	22 (44,9 %)	40 (33,9 %)	98 (26,6 %)
H3N2	2 (40,0 %)	63 (32,1 %)	7 (14,3 %)	23 (19,5 %)	95 (25,8 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	2 (40,0 %)	63 (32,1 %)	7 (14,3 %)	23 (19,5 %)	95 (25,8 %)
Total d'échantillons séquencés	5 (100 %)	196 (100 %)	49 (100 %)	118 (100 %)	368 (100 %)

Remarques : Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. Le milieu représente l'établissement ou le service 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 27 % des échantillons d'influenza A ne s'accompagnent d'aucun renseignement sur le milieu et sont regroupés dans la catégorie « Soins ambulatoires ou aucun milieu déclaré ». Le vaccin antigrippal de la saison visée ici inclut 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.

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 2024 au 17 mai 2025

Caractérisation génétique	Nord	Est	Centre-Est	Toronto	Sud-Ouest	Centre-Ouest	Total
H1N1pdm09	13 (92,9 %)	19 (95,0 %)	72 (69,9 %)	41 (68,3 %)	53 (82,8 %)	75 (70,1 %)	273 (74,2 %)
6B.1A.5a.2a	6 (42,9 %)	10 (50,0 %)	51 (49,5 %)	27 (45,0 %)	28 (43,8 %)	53 (49,5 %)	175 (47,6 %)
6B.1A.5a.2a.1	7 (50,0 %)	9 (45,0 %)	21 (20,4 %)	14 (23,3 %)	25 (39,1 %)	22 (20,6 %)	98 (26,6 %)
H3N2	1 (7,1 %)	1 (5,0 %)	31 (30,1 %)	19 (31,7 %)	11 (17,2 %)	32 (29,9 %)	95 (25,8 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	1 (7,1 %)	1 (5,0 %)	31 (30,1 %)	19 (31,7 %)	11 (17,2 %)	32 (29,9 %)	95 (25,8 %)
Total d'échantillons séquencés	14 (100 %)	20 (100 %)	103 (100 %)	60 (100 %)	64 (100 %)	107 (100 %)	368 (100 %)

Remarques : 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. S'il n'y avait pas d'adresse, la région a été attribuée selon l'adresse de l'établissement ayant soumis l'information. Pour plus de renseignements sur les bureaux de santé publique inclus dans chaque région, voir les notes techniques. Le vaccin antigrippal de cette saison inclut 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.

Tableau 7 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs au H1N1pdm09 avec substitution d'acide aminé H275Y associée à la résistance à l'oseltamivir selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025

Caractérisation génétique	Substitution d'acide aminé H275Y
H1N1pdm09	0,4 % (1/273)
6B.1A.5a.2a	0,6 % (1/175)
6B.1A.5a.2a.1	0,0 % (0/98)
Total d'échantillons séquencés	0,4 % (1/273)

Remarques : La substitution H275Y est associée à la résistance à l'oseltamivir des virus à l'origine de l'influenza A H1N1pdm09⁸. Ces données sont de nature exploratoire et doivent être interprétées avec prudence. La résistance antivirale est établie par des enquêtes sur des sites spécifiques prédéterminés et ne tient pas compte de tous les mécanismes potentiels de résistance. Ces données ne devraient pas servir de base aux décisions cliniques. Voir les notes techniques pour des précisions.

Tableau 8a : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A avec substitution d'acide aminé I38T associée à la résistance au baloxavir selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025

Caractérisation génétique	Substitution d'acide aminé I38T
H1N1pdm09	0,0 % (0/151)
6B.1A.5a.2a	0,0 % (0/103)
6B.1A.5a.2a.1	0,0 % (0/48)
H3N2	0,0 % (0/92)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	0,0 % (0/92)
Total d'échantillons séquencés	0,0 % (0/243)

Remarques : Comprend des échantillons avec une couverture de séquençage de ≥ 90 % et une profondeur de lecture de 30x pour le gène de la polymérase acide. Par conséquent, le total d'échantillons séquencés ne concorde pas avec celui des autres tableaux de ce rapport. La mutation I38T est associée à la résistance au baloxavir des virus à l'origine de l'influenza A⁹. Ces données sont de nature exploratoire et doivent être interprétées avec prudence. La résistance antivirale est établie par des enquêtes sur des sites spécifiques prédéterminés et ne tient pas compte de tous les mécanismes potentiels de résistance. Ces données ne devraient pas servir de base aux décisions cliniques. Voir les notes techniques pour des précisions.

Tableau 8b : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B avec substitution d'acide aminé I38T associée à la résistance au baloxavir, selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025

Caractérisation génétique	Substitution d'acide aminé I38T
Victoria	0,0 % (0/6)
V1A.3a.2	0,0 % (0/6)
Total d'échantillons séquencés	0,0 % (0/6)

Remarques : Comprend des échantillons avec une couverture de séquençage de ≥ 90 % et une profondeur de lecture de 30x pour le gène de la polymérase acide. La mutation I38T est associée à la résistance au baloxavir des virus à l'origine de l'influenza B⁹. Ces données sont de nature exploratoire et doivent être interprétées avec prudence. La résistance antivirale est établie par des enquêtes sur des sites spécifiques prédéterminés et ne tient pas compte de tous les mécanismes potentiels de résistance. Ces données ne devraient pas servir de base aux décisions cliniques. Voir les notes techniques pour des précisions.

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 mai 2025 vers 9 h.
- Le traitement bioinformatique des données par le Centre d'informatique biologique a été achevé le 8 juillet 2025 vers 14 h.

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

- Pour être admissibles au séquençage du génome entier, les échantillons devaient respecter les critères suivants :
 - PCR en temps réel avec $Ct \leq 27$
 - Prélèvement dans les voies respiratoires supérieures (p. ex., écouvillons nasopharyngés ou pharyngés)
 - Résultat positif pour un seul sous-type de l'influenza A ou B, à l'exclusion de tout autre virus
 - Pour les échantillons liés à une éclosion, seul le premier était admissible.
 - Les échantillons ne devaient pas être analysés dans le cadre du Réseau canadien de surveillance sentinelle (RCSS).
- On a procédé à une sélection aléatoire des échantillons admissibles entre le 24 novembre 2024 et le 17 mai 2025 afin de retenir environ 400 échantillons avec volume suffisant aux fins du séquençage. Des 400 spécimens retenus, 370 ont été séquencés avec succès (couverture de séquençage de ≥ 90 % et profondeur de lecture de 30x, profondeur moyenne de lecture de ≥ 30 pour l'hémagglutinine et la neuraminidase). Cela représente 1,8 % des échantillons positifs à l'influenza de SPO. En début de saison (du 1^{er} septembre au 23 novembre 2024), les échantillons ont été subdivisés pour inclure également une sélection aléatoire de 1,8 % des échantillons. Le présent rapport est basé sur un total de 374 échantillons.
- La caractérisation génétique des échantillons 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. Le clade a été assigné avec l'analyse Nextclade (3.15.0)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 de soins.
- Les laboratoires de SPO utilisent une réaction en chaîne de la polymérase (PCR) multiplexe pour détecter un éventail de virus respiratoires chez des enfants symptomatiques (<18 ans) vus par un service des urgences, les patients symptomatiques hospitalisés (salle commune, chambre, unité de soins intensifs ou critiques) et les quatre premiers patients ou résidents soumis à un test de dépistage des virus respiratoires lors d'une éclosion.
- Les laboratoires de SPO se servent du test FLUVID pour détecter l'influenza A, l'influenza B, le virus respiratoire syncytial et le SRAS-Cov-2 chez les travailleurs de la santé symptomatiques pendant une éclosion dans un établissement qui demande un dépistage de la COVID-19 et des virus respiratoires ou chez les résidents une fois les quatre premières personnes testées pour la COVID-19 et par PCR multiplex. Le test FLUVID est également effectué chez les adultes symptomatiques vus par un service des urgences et à risque de maladie ou d'issue grave lorsque les résultats du dépistage peuvent influencer les décisions relatives aux soins ou au traitement.
- Les personnes qui se rendent à un cabinet de médecin du Réseau canadien de surveillance sentinelle (RCSS)⁷ passent un test de dépistage PCR multiplex et sont exemptées des restrictions des laboratoires relativement au dépistage.

Méthodes de dépistage

- SPO utilise les méthodes suivantes pour le dépistage de l'influenza :
 - Test PCR multiplex de dépistage des virus respiratoires élaboré en laboratoire qui détecte 11 cibles dont l'influenza A, l'influenza A/H1N1pdm09, l'influenza A/H3N2 saisonnière et l'influenza B.
 - Test FLUVID permettant de dépister l'influenza A et B, le virus respiratoire syncytial (VRS A/B) et le SRAS-CoV-2 (COVID-19). Il est possible d'effectuer le FLUVID avant le test de dépistage PCR multiplex des virus respiratoires pour obtenir des résultats plus tôt pendant les saisons de la grippe et du VRS.
 - Test PCR distinct en temps réel pour dépister un sous-type de l'influenza A Surtout utilisé pour le dépistage de sous-type dans les échantillons positifs à l'influenza A

Caractérisation antigénique

- La caractérisation antigénique des virus grippaux comprend une étude des principales protéines présentes sur la surface extérieure du virus de l'influenza et susceptibles de provoquer une réaction immunitaire chez l'hôte infecté. Les principaux sites antigéniques sont des régions présentes sur les protéines [hémagglutinine (HA) et neuraminidase (NA)] d'un virus de la grippe qui interviennent dans l'entrée et la diffusion de particules virales dans les cellules hôtes. Les anticorps qui se fixent à des régions spécifiques de ces protéines peuvent déclencher la reconnaissance du virus par les cellules hôtes infectées¹⁷.

- Pendant une saison respiratoire, la caractérisation antigénique (détermination des types/parenté) des virus de l'influenza en circulation peut être évaluée au moyen d'expériences in vitro en laboratoire, qui mesurent l'intensité de la réponse immunitaire, et d'une analyse séquentielle du génome viral. La similarité de la séquence génétique aide à déterminer le degré de parenté entre les souches grippales en circulation et celles qui sont incluses dans le vaccin annuel recommandé contre la grippe.
- Les données présentées fournissent un résumé des mutations identifiées sur les principaux sites antigéniques liés aux virus de l'influenza qui étaient en circulation au moment de publier le présent rapport. Ces données sont de nature exploratoire et doivent être interprétées avec prudence. Nous n'avons aucune donnée sur l'incidence possible des mutations identifiées sur la réponse immunitaire ou antivirale induite par la vaccination. Ces données ne devraient pas servir de base aux décisions cliniques.

Résistance antivirale

- Plutôt que d'effectuer des épreuves de sensibilité, on a procédé à un criblage des données génomiques pour détecter les marqueurs moléculaires de la résistance antivirale.
- La mutation H275Y du gène de la neuraminidase est considérée comme une substitution d'acides aminés pertinente sur le plan clinique et est associée à la résistance à l'oseltamivir des virus à l'origine de l'influenza A H1N1pdm09⁸. Il n'existe pas de description approfondie de l'effet d'autres substitutions (y compris celles reliées aux sous-types H3N2) de ce gène sur la résistance à l'oseltamivir.
- La mutation I38T du gène de la polymérase acide (PA) est considérée comme une substitution d'acides aminés pertinente sur le plan clinique et est associée à la résistance au baloxavir des virus à l'origine de l'influenza A et B⁹. Il n'existe pas de description approfondie de l'effet d'autres substitutions de ce gène sur la résistance au baloxavir.

Mises en garde concernant les données

Comme d'autres hôpitaux et laboratoires privés fournissent des services de dépistage des pathogènes respiratoires, le présent rapport est fondé sur des échantillons analysés par Santé publique Ontario et n'est pas nécessairement représentatif de l'ensemble de la province. De même, la sélection d'échantillons aux fins de la caractérisation génétique n'est pas nécessairement représentative de tous les établissements et services de santé en Ontario.

- Les spécimens disponibles aux fins du présent rapport représentaient 52 % de tous les échantillons positifs à l'influenza A en Ontario durant la période à l'étude.
- Les tests de dépistage de SPO sont majoritairement effectués auprès de personnes de plus de 65 ans qui habitent dans des lieux d'hébergement collectif. C'est pourquoi les personnes plus âgées ou vivant dans des lieux d'hébergement collectif peuvent être surreprésentées dans les résultats.
- Au cours de la période des virus respiratoires étudiée, les échantillons prélevés chez des patients hospitalisés et testés initialement par d'autres laboratoires ont été envoyés à SPO aux fins d'un classement par sous-type pour renforcer la surveillance du virus H5N1. Par conséquent, les personnes hospitalisées pourraient être surreprésentées dans les résultats.

- D'autres biais pourraient apparaître en raison des critères d'admissibilité aux tests de diagnostic, 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 réussir à séquencer un échantillon. Par conséquent, les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario.
- Les nombres basés sur des échantillons ne représentent pas des personnes uniques, puisque la même personne peut fournir plusieurs échantillons à des fins d'analyse.
- La région a été assignée en fonction de l'adresse du patient (le cas échéant); si aucune adresse n'a été déclarée, celle de l'établissement soumettant l'échantillon a été utilisée. Il se pourrait donc que les dossiers sans adresse déclarée soient classés dans la mauvaise catégorie.
- Régions géographiques :
 - La région du Nord comprend Santé publique Algoma, la Circonscription sanitaire du Nord-Est, le Bureau de santé du Nord-Ouest, le Bureau de santé du district de North Bay-Parry Sound, le Service de santé publique de Sudbury et du district et le Bureau de santé du district de Thunder Bay.
 - La région de l'Est comprend le Bureau de santé de l'Est de l'Ontario, Santé publique Ottawa, le Bureau de santé du comté et du district de Renfrew et la Circonscription sanitaire du Sud-Est.
 - La région du Centre-Est comprend le Bureau de santé de Durham, la Circonscription sanitaire de Haliburton, Kawartha, Northumberland et Peterborough, le Bureau de santé de la région de Peel, le Bureau de santé du district de Simcoe Muskoka et le Service de santé de la région de York.
 - La région de Toronto est desservie par Santé publique Toronto.
 - La région du Sud-Ouest comprend le Bureau de santé de Chatham-Kent, le Bureau de santé de Grey Bruce, le Bureau de santé de Huron Perth, le Bureau de santé de Lambton, le Bureau de santé de Middlesex-London, le Bureau de santé du Sud-Ouest et l'Unité sanitaire de Windsor-Essex.
 - Le Centre-Ouest comprend les Services de santé publique de Hamilton, la Circonscription sanitaire de Grand Erie, 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.
- 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.
- Le milieu de soins n'est pas indiqué pour environ 27 % 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 [En ligne]. Atlanta, GA: CDC; 2024 [modifié le 17 sept. 2024; cité le 11 juill. 2025]. 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 [En ligne]. Toronto, ON: Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2024 [cité le 11 juill. 2025]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/V/2023/vaccines-influenza-season.pdf>
3. Organisation mondiale de la Santé (OMS). Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2024-2025 northern hemisphere influenza season [En ligne]. Genève: OMS, 2024 [modifié le 23 févr. 2024; cité le 11 juill. 2025]. 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 [En ligne]. Ottawa, ON: Gouvernement du Canada; 2025 [modifié le 4 juill. 2025; cité le 11 juill. 2025]. 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) [En ligne]. Ottawa, ON: Gouvernement du Canada; 2024 [modifié le 30 août 2024; cité le 11 juill. 2025]. 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 ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Respiratory viruses (including influenza) [En ligne]. Toronto, ON: Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2025 [modifié le 29 mai 2025; cité le 11 juill. 2025]. 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 [En ligne]. Toronto, ON: Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2019 [modifié le 22 nov. 2019; cité le 11 juill. 2025]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/fr/health-topics/immunization/spsn>
8. Organisation mondiale de la Santé (OMS). Laboratory methodologies for testing the antiviral susceptibility of influenza viruses: neuraminidase inhibitor (NAI) [En ligne]. Genève: WHO; 2025 [cité le 11 juill. 2025]. Disponible à : <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/laboratory-network/quality-assurance/antiviral-susceptibility-influenza/neuraminidase-inhibitor>
9. Organisation mondiale de la Santé (OMS). Laboratory methodologies for testing the antiviral susceptibility of influenza viruses: Polymerase acidic (PA) inhibitor, Baloxavir [En ligne]. Genève: WHO; 2025 [cité le 11 juill. 2025]. Disponible à : <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/laboratory-network/quality-assurance/antiviral-susceptibility-influenza/polymerase-acidic-protein-inhibitor>
10. Chen, S. Ultrafast one-pass FASTQ data preprocessing, quality control, and deduplication using fastp, iMeta. 2023;2(2): 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 11 juill. 2025]. 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 [progiciel]. arxiv 1303.3997v2. 2013 [cité le 25 juill. 2025]. Disponible à : <https://doi.org/10.48550/arXiv.1303.3997>
13. Quinlan, AR, Hall, IM. Bedtools: a flexible suite of utilities for comparing genomic features. *Bioinformatics*. 2010;26(6):841-2. Disponible à : <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq033>
14. Danecek P, Bonfield JK, Liddle J, Marshall J, Ohan V, Pollard MO, et al. Bcftools [progiciel]. Version 1.10. 2019 [mis à jour le 6 déc. 2019; cité le 11 juill. 2025]. Disponible à : <https://github.com/samtools/bcftools/releases/tag/1.10>
15. Rice P, Longden I, Bleasby A. EMBOSS: the European Molecular Biology Open Software Suite. *Trends Genet*. 2000;16(6):276-7. 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, Roemer C, Hodcroft EB, Neher RA. Nextclade [progiciel]. Version 3.15.0. 2025 [mis à jour le 11 juin 2025; cité le 11 juill. 2025]. Disponible à : <https://github.com/nextstrain/nextclade/releases/tag/3.15.0>
17. Nguyen L-T, Schmidt HA, von Haeseler A, Minh BQ. IQ-TREE [progiciel]. Version 2.2.3. 2023 [mis à jour le 10 août 2023; cité le 11 juill. 2025]. Disponible à : <https://github.com/iqtree/iqtree2/releases/tag/v2.2.3>
18. 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>
19. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Weekly US influenza surveillance report: key updates for Week 20, ending May 17, 2025 [En ligne]. Atlanta, GA: OMS, 2025 [modifié le 23 mai 2025; cité le 11 juill. 2025]. Disponible à : <https://www.cdc.gov/fluview/surveillance/2025-week-20.html>
20. UK Health Security Agency. National flu and COVID-19 surveillance report: 22 May 2025 (Week 21) [En ligne]. London: Crown copyright; 2025 [modifié le 3 juill. 2025; cité le 11 juill. 2025]. 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-22-may-2025-week-21>

Annexe A : Nombre d'échantillons positifs à l'influenza A et B testés par Santé publique Ontario, par sous-type

Tableau A1 : Nombre d'échantillons positifs à l'influenza A et B, nombre et pourcentage d'échantillons séquencés, par sous-type, Santé publique Ontario, du 1^{er} septembre 2024 au 17 mai 2025

Sous-type	Nombre d'échantillons positifs (pourcentage)	Nombre d'échantillons séquencés (pourcentage)
Influenza A	19 975 (97,3 %)	368 (98,4 %)
H1N1pdm09	13 952 (68,0 %)	273 (73,0 %)
H3N2 saisonnier	5 182 (25,3 %)	95 (25,4 %)
Sous-type inconnu	887 (4,3 %)	0 (0,0 %)
Influenza B	551 (2,7 %)	6 (1,6 %)
Total d'échantillons positifs	20 520 (100 %)*	374 (100 %)

Remarques : *Inclut les échantillons positifs à l'influenza A et B (n=6) et les échantillons positifs au H1N1pdm09 et au H3N2 saisonnier (n=41). La mention « sous-type inconnu » concerne les échantillons ne pouvant être classés dans un sous-type précis ni analysés pour le sous-typage. Le « nombre d'échantillons positifs » inclut les échantillons testés initialement par SPO ou d'autres laboratoires, puis envoyés à SPO pour le sous-typage. « Le nombre d'échantillons séquencés » désigne les échantillons positifs choisis au hasard pour un séquençage du génome entier et inclus dans le présent rapport.

Annexe B : Comparaison entre les provinces et territoires

Tableau B1 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A selon la caractérisation génétique et le territoire, du 26 août 2024 au 18 mai 2025

Caractérisation génétique	Ontario (1 ^{er} sept. - 17 mai)	Canada (1 ^{er} sept.- 17 mai)	États-Unis (29 sept. – 17 mai)	Royaume-Uni (26 août - 18 mai)
H1N1pdm09	273 (74,2 %)	824 (67,9 %)	1 722 (44,0 %)	1 141 (76,6 %)
6B.1A.5a.2a	175 (47,6 %)	325 (26,8 %)	637 (16,3 %)	1 042 (69,9 %)
6B.1A.5a.2a.1	98 (26,6 %)	499 (41,1 %)	1 085 (27,7 %)	99 (6,6 %)
H3N2	95 (25,8 %)	390 (32,1 %)	2 189 (56,0 %)	349 (23,4 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	6 (0,2 %)	2 (0,1 %)
3C.2a1b.2a.2a.3a.1	95 (25,8 %)	390 (32,1 %)	2 183 (55,8 %)	347 (23,3 %)
Total d'échantillons séquencés	368 (100 %)	1 214 (100 %)	3 911 (100 %)	1 490 (100 %)

Remarques : La prévalence peut ne pas être directement comparable entre les provinces et territoires en raison des différentes périodes et stratégies d'échantillonnage utilisées.

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

Tableau B2 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B selon la caractérisation génétique et le territoire, du 26 août 2024 au 18 mai 2025

Caractérisation génétique	Ontario (1 ^{er} sept. - 17 mai)	Canada (1 ^{er} sept. - 17 mai)	États-Unis (29 sept. - 17 mai)	Royaume-Uni (26 août - 18 mai)
Victoria	6 (100 %)	142 (100 %)	656 (100 %)	850 (100 %)
V1A.3a.2	6 (100 %)	142 (100 %)	656 (100 %)	850 (100 %)
Total d'échantillons séquencés	6 (100 %)	142 (100 %)	656 (100 %)	850 (100 %)

Remarques : La prévalence peut ne pas être directement comparable entre les provinces et territoires en raison des différentes périodes et stratégies d'échantillonnage utilisées.

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 : Saison 2024-2025. Toronto, ON: Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2025.

Avis de non-responsabilité

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

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.