

## RÉSUMÉ ÉPIDÉMIOLOGIQUE HEBDOMADAIRE

# Surveillance génomique du SRAS-CoV-2 en Ontario, le 21 avril 2025

Ce rapport présente un résumé des résultats du séquençage du génome entier du SRAS-CoV-2 effectué par le Réseau génomique COVID-19 de l'Ontario le 16 avril 2025.

## Contexte

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

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

À mesure que le SRAS-CoV-2 évolue, les lignées se divisent naturellement en sous-lignées descendantes, soit un groupe étroitement lié génétiquement provenant d'une même souche virale ancestrale. Les branches descendantes reçoivent de nouveaux pseudonymes de lignées, comme dans le cas des lignées B.1.1.529 (Omicron) par exemple, BA.2 (pseudonyme de B.1.1.529.2), et JN.1 (pseudonyme de B.1.1.529.2.86.1.1). Lorsqu'un hôte est infecté par deux lignées descendantes ou plus, les lignées peuvent se recombiner pour former une nouvelle lignée recombinante (p. ex., KP.3.3 et KS.1.1 pour former XEC). Les nouvelles désignations représentent des groupes génétiques précis pouvant être suivis séparément. D'autres recherches fourniront peut-être des données probantes sur l'existence d'une importante différence en termes de transmissibilité, de gravité ou d'échappement immunitaire, après quoi l'OMS pourrait attribuer une autre lettre grecque à la lignée.

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

## Faits saillants

- Au total, 88 échantillons ont été séquencés au cours de la plus récente semaine (du 30 mars au 5 avril). La lignée XEC était la plus prévalente (27,3 %), suivie des lignées LP.8.1.1 (21,6 %) et XEC.9 (11,4 %).
- La proportion d'échantillons de XEC a augmenté, passant de 9,6 % (du 23 au 29 mars) à 27,3 % (du 30 mars au 5 avril).
  - En se fondant sur le modèle d'estimation rapide, on s'attend à ce que la lignée XEC diminue pour s'établir à 22,5 % (IC à 95 % : 13,7 % à 34,6 %) d'ici le 23 avril 2025.
- La proportion d'échantillons de LP.8.1.1 a diminué, passant de 34,2 % (du 23 au 29 mars) à 21,6 % (du 30 mars au 5 avril).
  - En se fondant sur le modèle d'estimation rapide, on s'attend à ce que la lignée LP.8.1.1 augmente pour s'établir à 33,9 % (IC à 95 % : 23,1 % à 46,8 %) d'ici le 23 avril 2025. Le taux de croissance hebdomadaire de LP.8.1.1 est de 1,02 fois (IC à 95 % : 0,90 à 1,14) celui de XEC.

Les tendances et projections pourraient être instables en raison du faible nombre d'échantillons séquencés cette semaine.

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

## Representative Surveillance

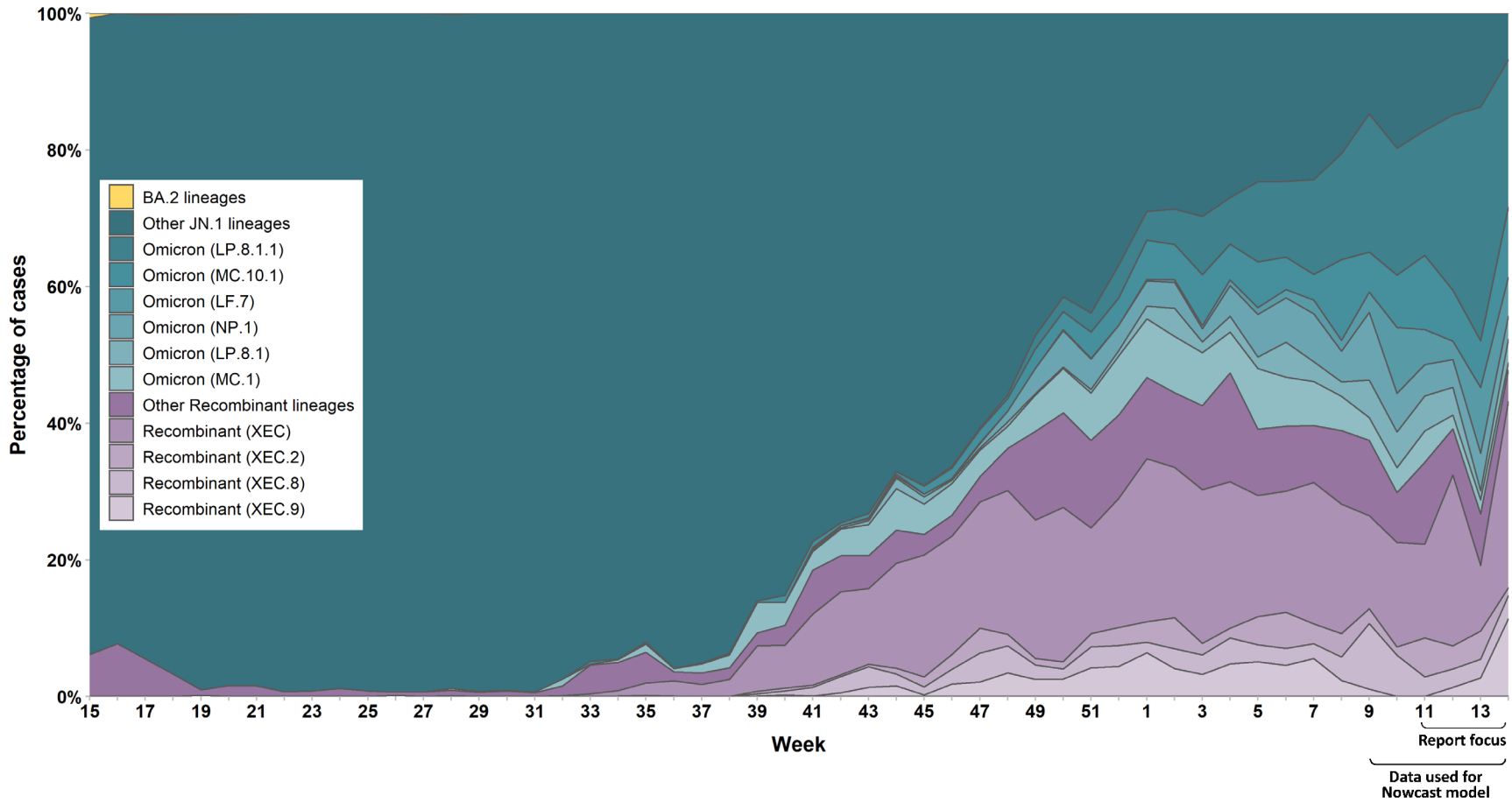
**Table 1: Number of SARS-CoV-2 positive specimens, number and percentage of specimens sequenced for representative surveillance by week, Ontario, March 9 to April 5, 2025**

Week	Number of Positive Specimens	Number of Specimens Sequenced	Percentage of Specimens Sequenced
Week 11 (March 9 - March 15)	383	182	47.5%
Week 12 (March 16 - March 22)	297	152	51.2%
Week 13 (March 23 - March 29)	263	156	59.3%
Week 14 (March 30 - April 5)	238	89	37.4%
<b>Total</b>	<b>1,181</b>	<b>579</b>	<b>49.0%</b>

**Note:** The 579 specimens sequenced were associated with 559 unique cases; in the most recent week, 89 specimens sequenced were associated with 88 unique cases. Unique cases are the denominator for tables throughout the report. 'Number of positive specimens' is the number of tests positive for SARS-CoV-2 in Ontario. Date was assigned to best align with sample collection date, which may differ from other PHO products. 'Number of specimens sequenced' is the number of specimens sequenced for representative surveillance. 'Percentage sequenced' may be lower than the sampling proportion because not all specimens are eligible to be sequenced (i.e. excludes samples with cycle threshold >30 or insufficient volume). Results may not be representative of Ontario overall. For representative surveillance: details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the Technical Notes. Week was assigned based on earliest date available for a sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for the most recent weeks were complete at the time of data extraction. Case counts for these weeks may increase in subsequent reports.

**Data sources:** Ontario Laboratories Information System (OLIS) from the Ontario Respiratory Virus Tool (ORVT), Ontario Health Data Platform - Public Health Analytic Environment (OHDP-PHAE)

**Figure 1: Percentage of SARS-CoV-2 cases by the most prevalent lineages and week, representative surveillance, Ontario, April 7, 2024 to April 5, 2025**



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

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

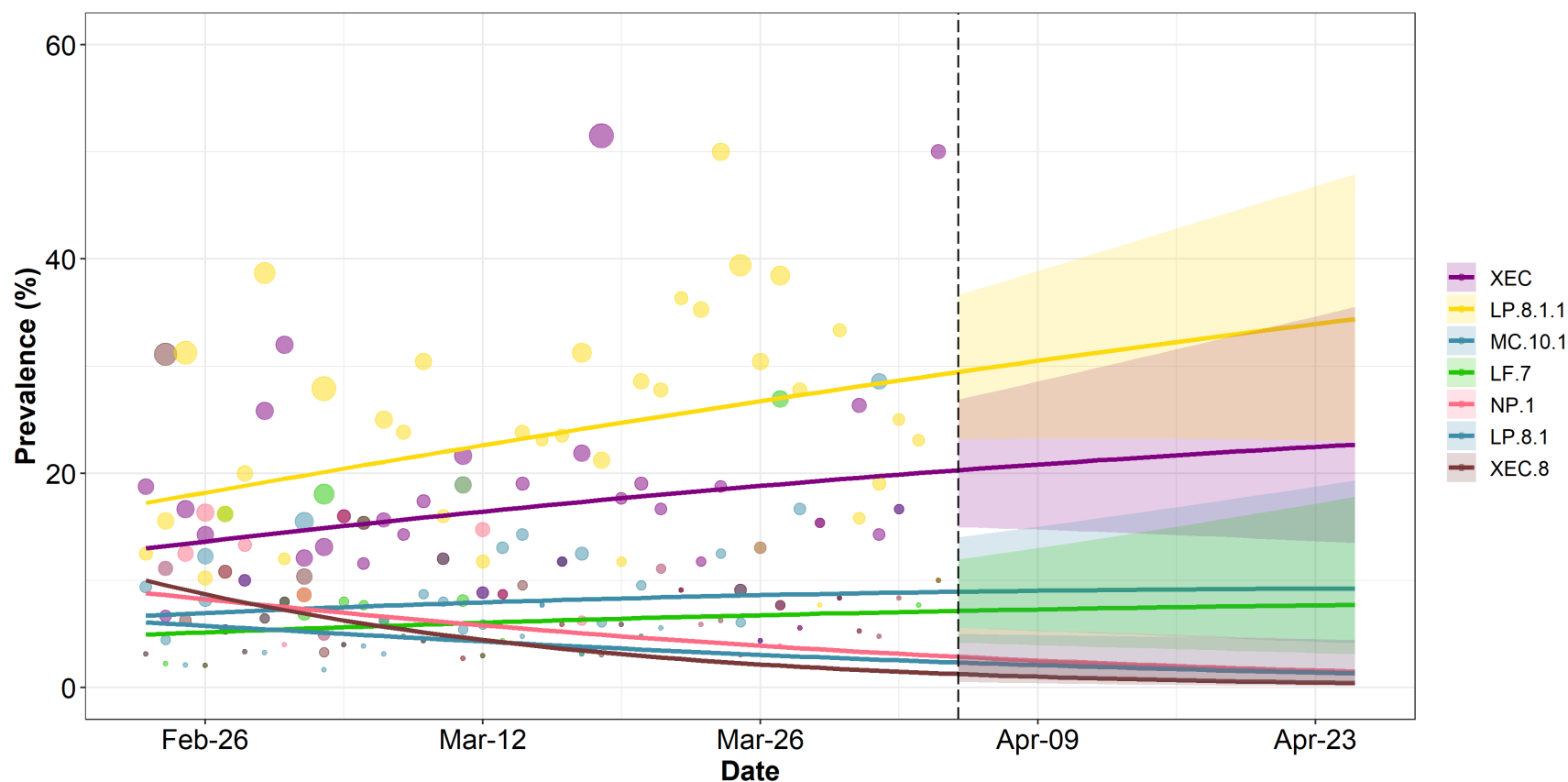
**Table 2: Number and percentage of SARS-CoV-2 cases by Pango lineage and week, representative surveillance, Ontario, March 9 to April 5, 2025**

Pango Lineage	Week 11 (March 9 - March 15)	Week 12 (March 16 - March 22)	Week 13 (March 23 - March 29)	Week 14 (March 30 - April 5)	Total (March 9 - April 5)
LP.8.1.1	32 (18.2%)	38 (25.5%)	50 (34.2%)	19 (21.6%)	139 (24.9%)
XEC	24 (13.6%)	37 (24.8%)	14 (9.6%)	24 (27.3%)	99 (17.7%)
MC.10.1	19 (10.8%)	11 (7.4%)	10 (6.8%)	9 (10.2%)	49 (8.8%)
LF.7	9 (5.1%)	4 (2.7%)	14 (9.6%)	5 (5.7%)	32 (5.7%)
NP.1	8 (4.5%)	6 (4.0%)	8 (5.5%)	3 (3.4%)	25 (4.5%)
XEC.2	10 (5.7%)	5 (3.4%)	6 (4.1%)	1 (1.1%)	22 (3.9%)
LP.8.1	9 (5.1%)	6 (4.0%)	2 (1.4%)	3 (3.4%)	20 (3.6%)
XEC.8	5 (2.8%)	4 (2.7%)	4 (2.7%)	3 (3.4%)	16 (2.9%)
XEC.9	0 (0.0%)	2 (1.3%)	4 (2.7%)	10 (11.4%)	16 (2.9%)
MC.1	8 (4.5%)	3 (2.0%)	3 (2.1%)	1 (1.1%)	15 (2.7%)
Other recombinant	21 (11.9%)	10 (6.7%)	11 (7.5%)	4 (4.5%)	46 (8.2%)
Other Omicron	31 (17.6%)	23 (15.4%)	20 (13.7%)	6 (6.8%)	80 (14.3%)
<b>Total sequenced</b>	<b>176 (100%)</b>	<b>149 (100%)</b>	<b>146 (100%)</b>	<b>88 (100%)</b>	<b>559 (100%)</b>

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

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

Figure 2: Estimated daily SARS-CoV-2 prevalence (%) by Pango lineage, using Nowcast model, Ontario, February 23 to April 26, 2025



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

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

**Table 3: Estimated SARS-CoV-2 prevalence (%), projected prevalence (%), and weekly relative growth rate (with 95% confidence intervals) by Pango lineage, using Nowcast model, Ontario, February 23 to April 26, 2025**

Pango Lineage	Week 13 (March 26): Estimated	Week 14 (April 2): Estimated	Week 15 (April 9): Projected	Week 16 (April 16): Projected	Week 17 (April 23): Projected	Weekly Relative Growth Rate
XEC	18.8 (15.3 - 22.9)	19.9 (15.1 - 25.7)	20.8 (14.7 - 28.6)	21.7 (14.2 - 31.6)	22.5 (13.7 - 34.6)	1.00 (reference)
LP.8.1.1	26.7 (22.6 - 31.3)	28.7 (23.1 - 35.0)	30.5 (23.2 - 38.9)	32.3 (23.2 - 42.8)	33.9 (23.1 - 46.8)	1.02 (0.90 - 1.14)
MC.10.1	8.6 (6.2 - 11.8)	8.8 (5.8 - 13.3)	9.0 (5.3 - 15.0)	9.1 (4.8 - 16.8)	9.2 (4.3 - 18.7)	0.97 (0.83 - 1.14)
LF.7	6.8 (4.7 - 9.7)	7.0 (4.3 - 11.2)	7.3 (4.0 - 13.0)	7.5 (3.6 - 15.0)	7.7 (3.2 - 17.2)	0.99 (0.83 - 1.17)
NP.1	3.9 (2.4 - 6.2)	3.1 (1.7 - 5.8)	2.5 (1.2 - 5.3)	2.0 (0.8 - 4.9)	1.6 (0.5 - 4.5)	0.76 (0.64 - 0.92)
LP.8.1	3.0 (1.8 - 5.2)	2.5 (1.3 - 5.0)	2.1 (0.9 - 4.9)	1.7 (0.6 - 4.7)	1.4 (0.4 - 4.5)	0.79 (0.64 - 0.97)
XEC.8	2.1 (1.2 - 3.9)	1.5 (0.7 - 3.2)	1.0 (0.4 - 2.6)	0.7 (0.2 - 2.1)	0.5 (0.1 - 1.7)	0.65 (0.52 - 0.81)
Other lineages	30.0 (25.7 - 34.7)	28.4 (23.1 - 34.5)	26.8 (20.4 - 34.2)	25.0 (17.9 - 33.9)	23.3 (15.5 - 33.5)	0.90 (0.80 - 1.00)

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

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

**Table 4: Number and percentage of SARS-CoV-2 cases by Pango lineage and age group, representative surveillance, Ontario, March 9 to April 5, 2025**

Pango Lineage	Ages: 0-4	Ages: 5-11	Ages: 12-19	Ages: 20-39	Ages: 40-59	Ages: 60-79	Ages: 80 and over	Total
LP.8.1.1	13 (40.6%)	3 (42.9%)	1 (20.0%)	8 (18.6%)	14 (24.1%)	42 (25.1%)	57 (23.2%)	138 (24.7%)
XEC	2 (6.2%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	4 (9.3%)	11 (19.0%)	27 (16.2%)	55 (22.4%)	99 (17.7%)
MC.10.1	2 (6.2%)	1 (14.3%)	0 (0.0%)	1 (2.3%)	3 (5.2%)	8 (4.8%)	34 (13.8%)	49 (8.8%)
LF.7	2 (6.2%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	8 (18.6%)	2 (3.4%)	7 (4.2%)	13 (5.3%)	32 (5.7%)
NP.1	1 (3.1%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	2 (3.4%)	9 (5.4%)	13 (5.3%)	25 (4.5%)
XEC.2	1 (3.1%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	1 (2.3%)	1 (1.7%)	10 (6.0%)	9 (3.7%)	22 (3.9%)
LP.8.1	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	2 (4.7%)	3 (5.2%)	6 (3.6%)	9 (3.7%)	20 (3.6%)
XEC.8	4 (12.5%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	6 (3.6%)	6 (2.4%)	16 (2.9%)
XEC.9	1 (3.1%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	3 (7.0%)	1 (1.7%)	3 (1.8%)	8 (3.3%)	16 (2.9%)
MC.1	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	2 (4.7%)	1 (1.7%)	7 (4.2%)	5 (2.0%)	15 (2.7%)
Other recombinant	2 (6.2%)	2 (28.6%)	2 (40.0%)	2 (4.7%)	10 (17.2%)	14 (8.4%)	14 (5.7%)	46 (8.2%)
Other Omicron	4 (12.5%)	1 (14.3%)	2 (40.0%)	12 (27.9%)	10 (17.2%)	28 (16.8%)	23 (9.3%)	80 (14.3%)
<b>Total sequenced</b>	<b>32 (100%)</b>	<b>7 (100%)</b>	<b>5 (100%)</b>	<b>43 (100%)</b>	<b>58 (100%)</b>	<b>167 (100%)</b>	<b>246 (100%)</b>	<b>558 (100%)</b>

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

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



**Table 5: Number and percentage of SARS-CoV-2 cases by Pango lineage and geographic region, representative surveillance, Ontario, March 9 to April 5, 2025**

Pango Lineage	North West	North East	Eastern	Central East	Toronto	South West	Central West	Unknown	Total
LP.8.1.1	0 (0.0%)	0 (0.0%)	17 (23.9%)	38 (26.2%)	35 (29.4%)	9 (20.0%)	18 (18.8%)	22 (27.5%)	139 (24.9%)
XEC	0 (0.0%)	0 (0.0%)	9 (12.7%)	24 (16.6%)	17 (14.3%)	16 (35.6%)	19 (19.8%)	14 (17.5%)	99 (17.7%)
MC.10.1	0 (0.0%)	0 (0.0%)	10 (14.1%)	8 (5.5%)	19 (16.0%)	0 (0.0%)	6 (6.2%)	6 (7.5%)	49 (8.8%)
LF.7	0 (0.0%)	0 (0.0%)	2 (2.8%)	5 (3.4%)	2 (1.7%)	3 (6.7%)	14 (14.6%)	6 (7.5%)	32 (5.7%)
NP.1	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	13 (9.0%)	5 (4.2%)	2 (4.4%)	4 (4.2%)	1 (1.2%)	25 (4.5%)
XEC.2	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	7 (4.8%)	10 (8.4%)	1 (2.2%)	2 (2.1%)	2 (2.5%)	22 (3.9%)
LP.8.1	0 (0.0%)	1 (33.3%)	2 (2.8%)	10 (6.9%)	2 (1.7%)	1 (2.2%)	3 (3.1%)	1 (1.2%)	20 (3.6%)
XEC.8	0 (0.0%)	1 (33.3%)	0 (0.0%)	5 (3.4%)	1 (0.8%)	1 (2.2%)	6 (6.2%)	2 (2.5%)	16 (2.9%)
XEC.9	0 (0.0%)	0 (0.0%)	1 (1.4%)	9 (6.2%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	1 (1.0%)	5 (6.2%)	16 (2.9%)
MC.1	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	3 (2.1%)	8 (6.7%)	0 (0.0%)	3 (3.1%)	1 (1.2%)	15 (2.7%)
Other recombinant	0 (0.0%)	1 (33.3%)	6 (8.5%)	4 (2.8%)	14 (11.8%)	6 (13.3%)	7 (7.3%)	8 (10.0%)	46 (8.2%)
Other Omicron	0 (0.0%)	0 (0.0%)	24 (33.8%)	19 (13.1%)	6 (5.0%)	6 (13.3%)	13 (13.5%)	12 (15.0%)	80 (14.3%)
<b>Total sequenced</b>	<b>0 (0.0%)</b>	<b>3 (100%)</b>	<b>71 (100%)</b>	<b>145 (100%)</b>	<b>119 (100%)</b>	<b>45 (100%)</b>	<b>96 (100%)</b>	<b>80 (100%)</b>	<b>559 (100%)</b>

**Note:** Cases with missing/unassigned patient postal code (13.8%) or out of province postal codes (0.5%) were included in the “Unknown” category. Sample date represents the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for the most recent weeks were complete at the time of data extraction. Case counts for these weeks may increase in subsequent reports. Geographic region was assigned based on OCGN patient postal code.

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

## Cumulative Whole Genome Sequencing Results

**Table 6: Number of SARS-CoV-2 cases by Pango lineage, cumulative counts, Ontario, March 9 to April 5, 2025**

WHO Label / Pango Lineage	March 9 - April 5, 2025
<b>Omicron</b>	<b>360</b>
BA.5.1	1
BQ.1.1.1	1
JN.1.16.1	1
JN.1.16.5	1
JN.1.7	1
KP.3.1.1	10
KP.3.3.2	5
KP.3.3.5	4
LB.1.3.1	10
LF.7	32
LF.7.1	1
LF.7.1.2	2
LF.7.2.1	5
LF.7.3	1
LP.8.1	20
LP.8.1.1	139
LP.8.1.2	2
MC.1	15
MC.1.2	3
MC.10.1	49
MC.10.2	1
MC.13	2
MC.19	5
MC.19.1	5
MC.21.1	2
MC.24	2
MC.26	1
MC.28.1	2
NF.1	2
NL.3	5
NL.4	5

WHO Label / Pango Lineage	March 9 - April 5, 2025
NP.1	25
<b>Recombinant</b>	<b>199</b>
XEC	99
XEC.11	8
XEC.12	1
XEC.14	10
XEC.16	2
XEC.2	22
XEC.2.1	1
XEC.2.2	3
XEC.2.3	1
XEC.4	8
XEC.8	16
XEC.9	16
XEF	1
XEK	7
XEK.1.1	4
<b>Total Sequenced</b>	<b>559</b>

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

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

# Notes techniques

## Sources des données

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

- Les données du Réseau génomique COVID-19 de l'Ontario (RGCO) ont été extraites de la Plateforme ontarienne des données de santé publique – Environnement analytique de santé publique (PODS-EASP) le 18 avril 2025 à 9 h environ.

Santé publique Ontario (SPO)

- Les données ont été soumises à la PODS-EASP le 17 avril 2025 à 11 h 30 environ.

The Hospital for Sick Children (HSC)

- Les données ont été soumises à la PODS-EASP le 8 avril 2025 à 10 h 30 environ.

Centre des sciences de la santé de Kingston (CSSK)

- Les données ont été soumises à la PODS-EASP le 8 avril 2025 à 11 h 45 environ.

Laboratoire hospitalier partagé (LHP)

- Les données ont été soumises à la PODS-EASP le 15 avril 2025 à 9 h 30 environ.

Hamilton Regional Laboratory Medicine Program (HRLMP)

- Les données ont été soumises à la PODS-EASP le 15 avril 2025 à 12 h 30 environ.

Données du Système d'information de laboratoire de l'Ontario (SILO) – Outil de surveillance des virus respiratoires en Ontario (OSVRO)

- Les données du SILO ont été extraites de l'OSVRO de Santé publique Ontario le 21 avril 2025 à 11 h 30 environ.

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

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

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

- Une lignée Pango est attribuée au moyen de l'outil d'attribution phylogénétique des lignées d'épidémies mondiales nommées (PANGOLIN), un logiciel conçu pour prévoir les lignées de SRAS-CoV-2 à partir des séquences du génome et des lignées mondiales. Les lignées ont été rapportées en utilisant la version 4.3.1, la version des données de PANGOLIN 1.32, la version d'attribution de PANGOLIN 1.32, la version scorio 0.3.19 et la version constellations 0.1.12 de PANGOLIN.

- La nomenclature des lignées évolue. La dénomination et la désignation des lignées Pango peuvent changer à mesure que d'autres échantillons sont séquencés et analysés dans le monde.
- La logistique liée aux échantillons destinés au séquençage du génome entier est complexe, car les échantillons doivent circuler dans un vaste réseau de laboratoires. Nous ne sommes pas en mesure de vérifier que tous les échantillons admissibles sont envoyés aux laboratoires du RGCO pour séquençage.
- Les données soumises à la PODS-EASP par les laboratoires du RGCO n'ont pas fait l'objet d'une vérification indépendante.
- Les dates associées aux échantillons soumis par les laboratoires du réseau varient en raison de la logistique d'échantillonnage et de la différence entre les systèmes de gestion de l'information des laboratoires. Les dates associées aux échantillons de SGE ont été assignées suivant une hiérarchie : date de prélèvement de l'échantillon > date d'obtention du diagnostic de SRAS-CoV-2 > date de déclaration du diagnostic de SRAS-CoV-2 > date de réception du résultat de SGE > date de déclaration du résultat de SGE. Les semaines ont été établies pour correspondre aux semaines de surveillance utilisées par l'Agence de la santé publique du Canada pour la production de rapports sur l'influenza.
- Les échantillons provenant d'un même cas sont reliés s'ils sont associés à un même numéro de carte Santé ou s'ils portent le même prénom, nom de famille et date de naissance. En cas de séquençage de plus d'un échantillon pour un cas, c'est le plus récent qui était utilisé. Cela peut transférer un cas à une semaine plus récente si un échantillon subséquent a été séquencé à partir du même cas. Il se peut que les échantillons de quelques cas ne soient pas liés en raison d'incohérences ou de saisie erronée des données.
- Les résultats pour les récentes semaines sont incomplets, car le séquençage et les analyses bio-informatiques n'étaient pas terminés au moment de l'extraction des données.
- Une région géographique a été attribuée en fonction du code postal du patient figurant dans le RGCO. Le code postal du patient était absent ou non attribué dans 13,8 % des cas, et il correspondait à une adresse située à l'extérieur de la province dans 0,5 % des cas.
- La région du Nord-Ouest comprend le bureau de santé du Nord-Ouest et le bureau de santé du district de Thunder Bay; la région du Nord-Est comprend Santé publique Algoma, le bureau de santé du district de North Bay-Parry Sound, le bureau de santé Porcupine, le Service de santé publique de Sudbury et du district et le bureau de santé de Témiskamingue; la région de l'Est comprend le bureau de santé de l'est de l'Ontario, le bureau de santé de Hastings et Prince Edward, le bureau de santé de Kingston, Frontenac, Lennox et Addington (KFLA), le bureau de santé du district de Leeds, Grenville et Lanark, Santé publique Ottawa et le bureau de santé du comté et du district de Renfrew; la région du Centre-Est comprend le bureau de santé de la Région de Durham, le bureau de santé du district d'Haliburton, Kawartha et Pine Ridge, le bureau de santé de la région de Peel, le bureau de santé de Peterborough, le bureau de santé du district de Simcoe Muskoka et le service de santé de la région de York; la région de Toronto comprend le bureau de santé de Toronto; la région du Sud-Ouest comprend le bureau de santé de Chatham-Kent, le bureau de santé Grey Bruce, la circonscription sanitaire du district de Huron et Perth, le bureau de santé publique de Lambton, le bureau de santé Middlesex-London, le bureau de santé du Sud-Ouest et l'unité sanitaire de Windsor-Essex; la région du Centre-Ouest comprend le bureau de santé du comté de Brant, les services de santé publique de Hamilton, le bureau de santé d'Haldimand-Norfolk, le bureau de santé de la région de Halton, le bureau de santé de la région du Niagara, le bureau de santé et les services d'urgence de la région de Waterloo et le bureau de santé de Wellington-Dufferin-Guelph.

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

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

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

## Méthodologie et mises en garde concernant les données : Données du Système d'information de laboratoire de l'Ontario – Outil de surveillance des virus respiratoires en Ontario

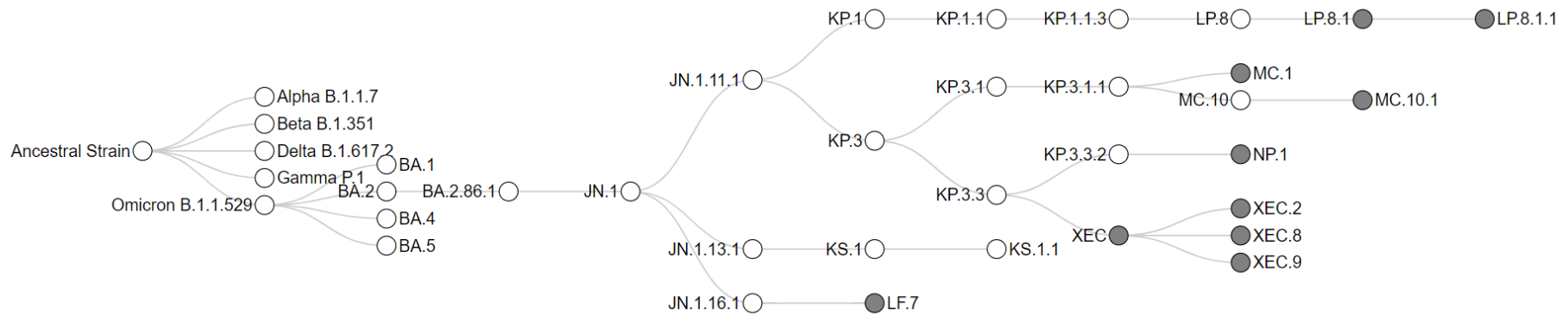
- La date du test est assignée en fonction de la date du prélèvement de l'échantillon.
- Le nombre de tests effectués ne correspond pas au nombre d'échantillons ou de personnes ayant subi un test, car il peut y avoir eu plusieurs tests par échantillon ou par personne. Ainsi, le nombre de tests positifs ne correspond pas nécessairement au nombre d'échantillons positifs ou de personnes ayant subi un test positif. Pour obtenir des précisions sur cette source de données, voir les [Notes techniques de l'OSVRO](#).

## Références

1. Agence de la santé publique du Canada. Variants du SRAS-CoV-2 : Définitions, désignations et mesures de santé publique nationales [Internet]. Ottawa (ON) : gouvernement du Canada; 2021 [modifié le 22 août 2024; cité le 27 août 2021]. Disponible à : <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/maladies/2019-nouveau-coronavirus/professionnels-sante/tests-diagnostic-declaration-cas/variants-SRAS-cov-2-definitions-classifications-mesures-sante-publique-nationales.html>
2. Organisation mondiale de la Santé. Suivi des variants du SARS-CoV-2 [Internet]. Genève, Suisse; 2021 [modifié le 12 mars 2025; cité le 1<sup>er</sup> novembre 2021]. Disponible à : <https://www.who.int/fr/activities/tracking-SRAS-CoV-2-variants/tracking-SRAS-CoV-2-variants>
3. Centre européen de prévention et de contrôle des maladies. SARS-CoV-2 variants of concern as of 20 December 2024 [Internet], Stockholm, Suède; 2021 [modifié le 31 janvier 2025; cité le 1<sup>er</sup> novembre 2021]. Disponible à : <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>
4. Rambaut A, Holmes EC, O’Toole Á, Hill V, McCrone JT, Ruis C, et al. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nat Microbiol.* 2020; 5(11):1403-7. Disponible à : <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0770-5>
5. cov-lineages / pangolin [Internet]. 2020 [cité le 29 mai 2021]. GitHub. Disponible à : <https://github.com/cov-lineages/pangolin>
6. Davies N, Abbott S, Barnard R, Jarvis CI, Kucharski AJ, Munday JD, et al. Estimated transmissibility and impact of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7 in England, *Science.* 2021; 372(6538): eabg3055. Disponible à : <https://doi.org/10.1126/science.abg3055>
7. Campbell F, Archer B, Laurenson-Schafer H, Jinnai Y, Konings F, Batra N, et al. Increased transmissibility and global spread of SARS-CoV-2 variants of concern as at June 2021. *Euro Surveill.* 2021; 26(24). Disponible à : <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.24.2100509>

## Appendix A: Pango Lineages

**Figure 1: Relationship of the most prevalent SARS-CoV-2 Pango lineages in Ontario, March 9 to April 5, 2025**



**Note:** The most prevalent lineages in the report are indicated in grey. Parent SARS-CoV-2 lineages and their respective descendant lineages branch from left to right. Lineages are aligned based on levels of the Pango designation and not on genetic relatedness. XEC is a recombinant of KP.3.3 and KS.1.1.

**Data source:** [cov-lineages.org](https://cov-lineages.org)



## Modèle proposé pour citer le document

Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Surveillance génomique du SRAS-CoV-2 en Ontario, le 21 avril 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](https://santepubliqueontario.ca).