

## NOTES TECHNIQUES

# Analyse phylogénétique du SARS-CoV-2 en Ontario (Interface Nextstrain hébergée à Santé publique Ontario)

## Contexte

Santé publique Ontario (SPO) collabore avec le ministère de la Santé et des Soins de longue durée de l'Ontario, Santé Ontario ainsi que des laboratoires cliniques et des partenaires de recherche pour évaluer et surveiller les variants préoccupants (VoC) de la COVID-19 en Ontario.

[Nextstrain](#) est une plateforme libre permettant de visualiser et d'interagir avec des données génomiques<sup>1</sup>. Santé publique Ontario héberge un ensemble de données sur des échantillons de SARS-CoV-2 qui ont fait l'objet d'un séquençage du génome entier (WGS) et d'une analyse bio-informatique chez Santé publique Ontario ainsi que chez ses laboratoires partenaires. Elle devrait ultérieurement servir au partage d'un plus large éventail de résultats de séquençage du génome entier de SARS-CoV-2 dans le cadre du Réseau ontarien de séquençage du génome de la COVID-19.

## Auditoire cible

L'outil est destiné aux chercheurs et aux experts en génomique, aux épidémiologistes, aux virologistes et aux experts en santé publique.

## Finalité de l'outil

La visualisation intègre des données sur le WGS du SARS-CoV-2 à d'autres types de données, notamment des données démographiques et de l'information spatiale et temporelle. Cet outil peut être utilisé pour visualiser l'émergence et les modèles de croissance de différentes lignées d'échantillons positifs pour le SARS-CoV-2, et faciliter le traçage des variants préoccupants et d'autres lignées du virus en Ontario au fil du temps, selon la région sanitaire, le sexe et le groupe d'âge.

## Fréquence de mise à jour des données

Toutes les données sont mises à jour tous les mercredis et incluent des séquences versées dans le référentiel public GISAID.

## Source des données

Cet outil représente des échantillons qui sont positifs pour le SARS-CoV-2 et séquencés par le Laboratoire de SPO. À l'heure actuelle, les données ne sont pas représentatives de l'ensemble de l'Ontario.

## Indicateurs descriptifs

**Date.** La date à laquelle un échantillon a été enregistré la première fois au Laboratoire de SPO aux fins d'analyse (SARS-CoV-2, VoC PCR, ou WGS).

**Pays.** Ceci représente le pays dans lequel l'échantillon de SARS-CoV-2 a été prélevé et analysé, et cet indicateur se limitera aux échantillons prélevés en Ontario, au Canada.

**Lignée Pango.** Dans le cadre du traitement bio-informatique de Santé publique Ontario, toutes les séquences du génome sont régulièrement analysées à l'aide de l'outil pangolin<sup>2</sup> et reçoivent une désignation de lignée Pango. Le système de nomenclature dynamique Pango permet la classification de la diversité génétique de SARS-CoV-2. Des réassignations de lignées Pango devraient survenir à mesure que de nouvelles séquences génomiques du SARS-CoV-2 seront disponibles, procurant ainsi un portrait plus complet de l'évolution du SARS-CoV-2 et une assignation plus précise des lignées.

**Lignée VoC.** La lignée Variant préoccupant (VoC) est tirée de la désignation de la lignée Pango afin de pouvoir faire une distinction visuelle entre les lignées VoC et les lignées non-VoC dans Nextstrain. Les VoC sont déterminés à l'échelle nationale et internationale en fonction de la présence de mutations clés et de preuves de leurs répercussions cliniques et de santé publique, notamment la transmissibilité accrue, la gravité de la maladie ou l'incidence sur l'efficacité vaccinale et thérapeutique.

**Clade Nextstrain.** Une nomenclature année-lettre utilisée par Nextstrain pour identifier les principales lignées dans le monde. Voir le [document d'information de Nextstrain](#) pour en savoir davantage<sup>3</sup>.

**Clade GISAID.** La désignation de clade générée par le référentiel de séquençage génomique appelé [GISAID](#). Les désignations de clades sont fondées sur la répartition statistique de la distance génomique dans des groupes phylogénétiques. Voir le [document d'information de GISAID](#) pour obtenir plus de précisions<sup>4</sup>.

**Génotype.** La sélection de ce champ de données offre à l'utilisateur la possibilité de choisir un gène particulier du SARS-CoV-2 et de spécifier un gène ou une position sur le génome pour colorer les échantillons en fonction de l'acide aminé ou du nucléotide présent à cet endroit dans chaque séquence.

**Région sanitaire de l'Ontario.** Regroupements des bureaux de santé publique. Les échantillons sont assignés à un bureau de santé publique en fonction de l'adresse de la personne ou, en l'absence de cette adresse, de l'adresse du fournisseur de soins de santé ayant fait la demande. L'assignation des bureaux de santé publique aux régions sanitaires est la suivante :

- Nord-Ouest : Bureau de santé du Nord-Ouest; Bureau de santé du district de Thunder Bay
- Nord-Est : Santé publique Algoma Public; Bureau de santé publique du district de North Bay-Parry Sound; Bureau de santé Porcupine; Santé publique Sudbury et districts; Services de santé du Timiskaming
- Est : Santé publique Ottawa; Bureau de santé de l'Est de l'Ontario; Bureau de santé de Hastings et Prince Edward; Bureau de santé de Kingston, Frontenac, Lennox et Addington; Bureau de

santé du district de Leeds, Grenville et Lanark; Bureau de santé du comté et du district de Renfrew

- Centre-Est : Bureau de santé de Durham; Bureau de santé du district d’Haliburton, Kawartha et Pine Ridge; Bureau de santé de la région de Peel; Bureau de santé de Peterborough; Bureau de santé du district de Simcoe Muskoka; Service de santé de la région de York
- Toronto : Santé publique Toronto
- Sud-Ouest : Bureau de santé de Chatham-Kent; Bureau de santé de Grey Bruce; Bureau de santé de Huron-Perth; Bureau de santé publique de Lambton; Bureau de santé de Middlesex-London; Bureau de santé du Sud-Ouest; Bureau de santé de Windsor-comté d’Essex
- Centre-Ouest : Bureau de santé du comté de Brant; Services de santé publique de Hamilton; Bureau de santé d’Haldimand-Norfolk; bureau de santé de la région de Halton; Bureau de santé publique de la région du Niagara; Bureau de santé et services d’urgence de la région de Waterloo; Bureau de santé de Wellington-Dufferin-Guelph

**Groupe d’âge.** Déterminé à l’aide de la date (définie plus haut) et de la date de naissance indiquées sur la demande d’analyse. Les groupes d’âge sont les suivants : 19 ans et moins, 20 à 39 ans, 40 à 59 ans, 60 à 79 ans, 80 ans et plus, et inconnu lorsque la date de naissance n’était pas indiquée.

**Sexe.** Cet indicateur utilise le sexe de la personne au moment du prélèvement de l’échantillon comme indiqué sur la demande d’analyse, soit masculin, féminin ou inconnu (appartenance non précisée au sexe masculin ou féminin).

## Aperçu de l’outil

### Résumé

L’interface Web contient un certain nombre de panneaux qui permettent d’afficher le lien entre l’arbre phylogénétique, la carte et la variabilité de l’ensemble du génome. Les couleurs qui relient les différents panneaux demeurent constantes dans toute l’application. À l’intérieur de la barre latérale se trouvent des commandes pour les différents affichages des panneaux, permettant par exemple de désactiver n’importe lequel de ces derniers. Il y a également des commandes de données pour changer les données à visualiser. Plusieurs commandes sont accessibles dans une barre latérale pour filtrer la période affichée, la structure de l’arbre et d’autres vues. Nextstrain inclut aussi de nombreuses langues dans l’outil, par exemple le français ou l’espagnol, qui peuvent être sélectionnées à partir d’un menu déroulant apparaissant en bas du panneau de gauche. Pour en savoir plus, voir la [documentation officielle de Nextstrain](#)<sup>5</sup>.

### Arbre phylogénétique

Nextstrain présente un arbre phylogénétique, qui est une représentation visuelle de la relation évolutionnaire induite entre différents échantillons de virus. La relation est induite d’après les profils de mutation et d’autres données sur les échantillons, comme la date de prélèvement ou la région sanitaire, et peut être vue sur l’arbre phylogénétique. L’utilisateur est en mesure d’examiner un ensemble de relations possibles entre les différents échantillons regroupés en fonction de l’intervalle de séparation ou du nombre de mutations, ce qui peut aider à situer le contexte de différentes lignées de SARS-CoV-2 et leur lieu de provenance ainsi que le moment de leur arrivée en Ontario.

En utilisant les diverses arborescences affichées du côté gauche de l'application Nextstrain, l'utilisateur a le choix de visualiser l'orientation et le contenu de l'arbre phylogénétique avec de nombreuses configurations différentes. Cela inclut un filtrage visuel des échantillons selon la date et la divergence, ce qui est défini comme la différence en matière de profils de mutation entre un échantillon et la séquence de référence, soit le premier génome de COVID-19 qui a été entièrement séquencé à partir de Wuhan, Chine, au début de l'année 2020. En utilisant la divergence pour orienter l'arbre, l'utilisateur peut constater les modifications des profils de mutation d'un échantillon dans le temps, et identifier en quoi l'accumulation de certaines mutations peut entraîner la formation de différentes lignées dans des régions géographiques. De plus, les filtres ne retiennent que les échantillons qui ont en commun une caractéristique à mettre en évidence dans l'arbre. À tout moment, l'utilisateur peut choisir de réactiver les paramètres par défaut de l'arbre en réinitialisant les paramètres de mise en page pour entreprendre une nouvelle enquête.

Il est possible de faire un gros plan de l'arbre en cliquant sur les branches, et l'option RESET LAOUT (rafraîchir la mise en page) au-dessus de l'arbre permet d'actualiser la vue. Par ailleurs, l'arbre permet à l'utilisateur de survoler un échantillon donné et de cliquer dessus pour afficher des renseignements supplémentaires. Les champs qui sont affichés dans la fenêtre contextuelle incluent son identifiant SPO WGS unique, l'année et le mois de prélèvement, l'assignation mondiale de la lignée et diverses désignations cartographiques comme un pays ou une région.

Pour obtenir plus de renseignements sur la façon d'analyser un arbre phylogénétique, y compris différentes définitions utilisées pour décrire les arbres phylogénétiques, veuillez vous reporter à la [documentation officielle de Nextstrain](#)<sup>6</sup>.

## OPTIONS DE CONFIGURATION DE L'ARBRE

**Mise en page.** Plusieurs options de mise en page sont disponibles pour visualiser un arbre, notamment des options enracinées (rectangulaires et radiales) et une option non enracinée. La vue en horloge trace l'heure de prélèvement du génome de référence (Genbank No. MN908947.3) en fonction des divergences (mutations) de chaque séquence en vue d'estimer le nombre de mutations par année.

**Branche.** Les paramètres des branches d'un arbre peuvent être établis à aucun, clade (clade Nextstrain) ou aa (acide aminé). Les étiquettes seront placées au niveau des nœuds.

**Extrémité.** Les étiquettes des extrémités peuvent être réglées pour afficher n'importe lesquels des champs de données du menu déroulant, p. ex., clade Nextstrain. Les étiquettes apparaîtront en zoomant sur un arbre.

**Longueur des branches – Temps.** La distance horizontale de chaque échantillon séquencé du génome de référence peut être calculée et visualisée en fonction du temps, c.-à-d., la date d'un échantillon de SPO du 31 décembre 2019 (date de prélèvement du génome de référence).

**Longueur des branches – Divergence.** La distance horizontale de chaque échantillon séquencé à partir du génome de référence peut être calculée et visualisée en fonction de la divergence, c.-à-d., le nombre de mutations du génome séquencé d'un échantillon de SPO par comparaison au génome de référence.

## Carte

Le panneau géographique de l'ensemble de données Nextstrain inclut une carte qui accompagne l'information présentée dans l'arbre phylogénétique. Selon le(s) filtre(s) défini(s) dans les « Options cartographiques » par l'utilisateur, la carte affiche un graphique circulaire pour chacune des régions

sanitaires de l'Ontario dans lesquelles les échantillons de SARS-CoV-2 ont été prélevés, selon la couleur de la caractéristique choisie, p. ex., lignée Pango.

Les cercles faisant ressortir différentes zones sur la carte représentent le nombre relatif de séquences qui ont été identifiées dans chaque région sanitaire de l'Ontario. L'utilisateur peut appliquer différents filtres du panneau de gauche pour modifier le nombre d'échantillons provenant d'une région donnée selon des caractéristiques précises (p. ex., voir le nombre de séquences de la lignée B.1.1.7 dans la région Centre-Ouest). Ainsi, la carte peut fournir une comparaison visuelle des différences entre les tendances du SARS-CoV-2 qui peuvent être observées dans l'ensemble des régions sanitaires. De plus, l'intérieur du cercle servira de graphique circulaire pour illustrer la proportion d'échantillons avec une caractéristique de filtrage (c.-à-d., en colorant la carte par lignée, les cercles au-dessus de chaque région sanitaire refléteront la proportion d'échantillons de chaque lignée correspondant à cet endroit). En se fondant sur une combinaison de la taille des cercles et du graphique circulaire qui se trouve à l'intérieur, l'utilisateur est en mesure de dégager rapidement parmi les échantillons des tendances et des modèles spécifiques à une région sanitaire de l'Ontario.

Pour obtenir plus de renseignements sur la façon d'analyser une carte Nextstrain, veuillez consulter la [documentation officielle de Nextstrain](#)<sup>7</sup>.

## Diversité et entropie

Le panneau de diversité, situé immédiatement sous l'arbre phylogénétique et la carte, représente la diversité génétique relative observée dans l'ensemble du génome du SARS-CoV-2 pour les échantillons présentés dans l'arbre. En conséquence, ce panneau changera lorsque l'utilisateur zoomera sur des sous-ensembles spécifiques du jeu de données. Les hauteurs relatives des barres du panneau illustrent l'« entropie » de cet emplacement particulier, qui peut être considéré comme le niveau relatif de variation d'une position génomique donnée pour l'ensemble des échantillons. Les sites génomiques ayant des barres plus larges correspondent aux sites où une plus grande variation génétique a été observée dans l'ensemble des données, et sont par conséquent considérés comme ayant une plus grande entropie. Ce panneau permet à l'utilisateur d'identifier les zones du génome qui sont plus sujettes aux mutations et, combiné à un filtre de lignées ou à un autre type de caractéristiques d'échantillons, il peut dégager des modèles de mutation pour différentes lignées ou différents moments dans l'ensemble de données.

Les utilisateurs s'intéressant à une position génomique donnée peuvent survoler la barre correspondante dans le panneau de diversité et consulter les renseignements relatifs à l'acide aminé ou au nucléotide. De plus, le fait de cliquer sur la barre générera un filtre montrant les différentes mutations possibles à cet endroit et leur position dans l'arbre et sur la carte. Ce filtre peut être réinitialisé en sélectionnant un nouveau filtre dans le menu déroulant « Color by » (Colorer par) situé dans le panneau du côté gauche.

Sous le panneau de diversité se trouve une illustration de différents gènes présents dans le génome du SARS-CoV-2 ainsi que leurs positions les uns par rapport aux autres. Les utilisateurs peuvent trouver cette information utile pour relier une position génomique donnée à son gène correspondant. Le nom du gène est souvent utilisé dans les médias et les communiqués de presse pour décrire l'emplacement d'une mutation d'intérêt et par conséquent, les utilisateurs trouveront peut-être ces panneaux utiles pour comprendre le comportement des mutations rapportées et des nouvelles mutations d'intérêt (c.-à-d., la protéine de spicule (S) est souvent mentionnée dans les médias en relation avec un certain nombre de nouveaux variants mondiaux).

## Complément d'information sur les sources de données

- Les données démographiques sont extraites du Système de gestion de l'information de laboratoire de SPO au moment où l'échantillon est sélectionné aux fins de séquençage génomique.
- Les séquences de génome entier sont des données biologiques qui ont été générées par le séquençage génomique d'échantillons de SARS-CoV-2 soumis au Laboratoire de SPO aux fins d'analyse bio-informatique<sup>8,9</sup>. Les résultats de cette analyse sont conservés dans le groupe d'informatique biologique de SPO et extraits à **16 heures** le jour précédant leur publication sur l'ensemble de données Nextstrain de SPO.
- Les données relatives à la lignée et au clade sont générées par traitement bio-informatique de toutes les séquences du génome du SARS-CoV-2 par SPO qui sont régulièrement analysées au moyen de l'outil pangolin, de l'outil Nextclade et du dépôt dans le référentiel [GISAID](#), ce qui fournit l'information du GISAID relativement au clade<sup>2,10</sup>. La lignée Variant préoccupant (VoC) est tirée de la désignation de la lignée Pango pour distinguer visuellement les lignées VoC et non-VoC dans Nextstrain. Les données sont stockées dans la base de données génomiques de SPO et sont extraites à **16 heures** le jour précédant leur publication sur l'ensemble de données Nextstrain de SPO.

## Limites des données

Toute l'information présentée dans les panneaux et les aides visuelles de Nextstrain ont pour but de représenter les associations possibles entre différents groupes d'échantillons en fonction des données observées et des résultats du WGS. Par conséquent, toutes les conclusions ou les inférences pouvant être suggérées par les données ne devraient pas être considérées comme absolues. Les échantillons qui sont présentés dans Nextstrain satisfont à un seuil minimal en matière de qualité des données qui est défini par SPO en vue de générer des conclusions raisonnables et de prévenir le risque de graves erreurs d'interprétation de la part des utilisateurs. Toutefois, il est important que les utilisateurs reconnaissent les limites et conséquemment, la convivialité des données présentées dans l'application. Voici une description des limites des champs de données et du contenu de Nextstrain.

- Seuls les échantillons séquencés par le Laboratoire SPO sont inclus et par conséquent, les résultats ne représentent pas l'ensemble de la province. Un sous-échantillon de toutes les séquences est utilisé pour représenter jusqu'à 5000 séquences dans l'application Nextstrain, car une vue de tous les échantillons serait trop dense pour être utile.
- Les critères servant à sélectionner les échantillons à séquencer n'ont pas été constants et les résultats devraient donc être interprétés avec prudence. Depuis le 3 février 2021, tous les échantillons déclarés positifs pour un VoC (mutation N501Y détectée) ont été transférés au groupe de génomique aux fins de séquençage, ce qui a biaisé les échantillons inclus.
- L'élément *date* représente la date à laquelle l'échantillon a été enregistré la première fois dans le Système de gestion de l'information de laboratoire de SPO. Il peut y avoir un délai entre le moment où l'échantillon a été prélevé et celui où il a été enregistré au Laboratoire SPO, surtout s'il avait d'abord fait l'objet d'un dépistage du SARS-CoV-2 dans un autre laboratoire.
- Les éléments *région sanitaire*, *groupe d'âge* et *sexe* sont basés sur de l'information fournie sur les demandes d'analyse. Ainsi, ils sont sujets aux erreurs susceptibles d'avoir été commises dans

la rédaction des demandes ou la saisie des données, ce qui pourrait avoir une incidence sur leur exactitude.

- La région sanitaire est assignée à l'aide du code postal résidentiel d'une personne. Si un code postal résidentiel n'a pas été fourni, le code postal du fournisseur faisant la demande est utilisé, ce qui crée un risque d'erreur dans l'attribution régionale des échantillons.
- Les séquences génomiques et les données de cas sont fondées sur les échantillons. En conséquence, il est possible que plus d'un échantillon ait été séquencé pour une personne.
- Le séquençage échoue pour approximativement 10 % des échantillons, lesquels sont plus susceptibles d'être des échantillons ayant de faibles charges virales. Par conséquent, les résultats de séquençage peuvent être biaisés en faveur des variants qui causent des charges virales plus élevées et des échantillons prélevés chez des personnes étant aux stades précoces de la maladie.
- Le système de nomenclature pour les lignées Pango et les clades de Nextstrain et GISAID sont dynamiques. Les désignations du domaine public sont susceptibles de changer au fil de l'évolution du virus, avec l'arrivée de nouveaux renseignements et l'enrichissement des données mondiales de séquençage du SARS-CoV-2. À chaque mise à jour hebdomadaire de l'ensemble de données Nextstrain de SPO, la lignée ou l'assignation d'un clade pour n'importe quel échantillon peut être mise à jour et différer de la précédente assignation.
- Il est très important de souligner que les arbres phylogénétiques ne sont PAS des réseaux de transmission; en fait, ils représentent un modèle possible d'interconnectivité basé sur des inférences statistiques susceptibles de changer à mesure que d'autres échantillons sont séquencés en Ontario. Étant donné que ces modèles sont sujets à des biais d'échantillonnage et à d'autres limites techniques, les relations observées entre les échantillons d'un arbre ne devraient pas être considérées comme absolues par l'utilisateur. Les similarités et les différences constatées entre les échantillons d'un arbre phylogénétique devraient plutôt être considérées comme la représentation la plus probable de la similarité, d'après les données disponibles au moment de l'analyse effectuée par SPO.
- Les modèles statistiques utilisés pour générer l'arbre incorporent des données génomiques et une date pour inférer de façon raisonnable les relations de parenté, les groupements de similarité et l'évolution phylogénétique. Bien que SPO s'efforce d'inclure uniquement des données qui ont fait l'objet de révisions et d'examen rigoureux et approfondis, il est possible que les données relatives aux échantillons soient occasionnellement incomplètes ou inexactes. Le cas échéant, certains éléments de l'ensemble de données Nextstrain de SPO peuvent ne pas refléter pleinement ce qui se produit dans une région donnée de l'Ontario à un moment précis. Ainsi, cette application est censée fournir une vue d'ensemble des tendances en matière de COVID-19 dans la province et démontrer les efforts de séquençage du génome entier du SARS-CoV-2 qui sont actuellement déployés par SPO.

## Bibliographie

1. Hadfield J, Megill C, Bell SM, Huddleston J, Potter B, Callender C, et al. Nextstrain: real-time tracking of pathogen evolution. *Bioinformatics*. 2018;34(23):4121-3. Accessible à : <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty407>
2. 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. Accessible à : <http://www.nature.com/articles/s41564-020-0770-5>
3. Bedford T, Hodcroft EB, Neher RA. Updated Nextstrain SARS-CoV-2 clade naming strategy. 6 janvier 2021 [cité le 24 mars 2021]. In: Nextstrain blog [Internet]. Seattle, WA: Trevor Bedford and Richard Neher; [2019]. Accessible à : <https://nextstrain.org/blog/2021-01-06-updated-SARS-CoV-2-clade-naming>
4. GISAID. Clade and lineage nomenclature, March 2, 2021: clade and lineage nomenclature aids in genomic epidemiology studies of active hCoV-19 viruses [Internet]. Munich: Freunde von GISAID e.V.; 2021 [cité le 24 mars 2021]. Accessible à : <https://www.gisaid.org/references/statements-clarifications/clade-and-lineage-nomenclature-aids-in-genomic-epidemiology-of-active-hcov-19-viruses/>
5. Nextstrain; Bedford T, Neher R, Hadfield J, Hodcroft E, Sibley T, Huddleston J, et al. Welcome to Nextstrain's documentation! [Internet]. Seattle, WA: Trevor Bedford and Richard Neher; 2020 [cité le 24 mars 2021]. Accessible à : <https://docs.nextstrain.org/en/latest/index.html>
6. Nextstrain; Bedford T, Neher R, Hadfield J, Hodcroft E, Sibley T, Huddleston J, et al. How to interpret the phylogenetic trees: transmission trees vs phylogenetic trees [Internet]. Seattle, WA: Trevor Bedford and Richard Neher; 2020 [cité le 24 mars 2021]. Accessible à : <https://docs.nextstrain.org/en/latest/learn/interpret/how-to-read-a-tree.html>
7. Nextstrain; Bedford T, Neher R, Hadfield J, Hodcroft E, Sibley T, Huddleston J, et al. How to interpret what's shown on the map [Internet]. Seattle, WA: Trevor Bedford and Richard Neher; 2020 [cité le 24 mars 2021]. Accessible à : <https://docs.nextstrain.org/en/latest/learn/interpret/map-interpretation.html>
8. Genome Sequence Informatics. ncov2019-artic-nf [Internet]. 2020 [cité le 24 mars 2021]. *GitHub*. Accessible à : <http://github.com/oicr-gsi/ncov2019-artic-nf>
9. Simpson J. ncov-tools [Internet]. 2020 [cité le 24 novembre 2020]. *GitHub*. Accessible à : <http://github.com/jts/ncov-tools>
10. Nextstrain. nextclade [Internet]. 2020 [cité le 15 mars 2021]. *GitHub*. Accessible à : <https://github.com/nextstrain/nextclade>



## 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.

## Modèle proposé pour citer le document

Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Notes techniques : Analyse phylogénétique du SARS-CoV-2 en Ontario (Interface Nextstrain hébergée à Santé publique Ontario). Toronto, ON : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2021.

## Pour en savoir plus

Pour obtenir plus de renseignements, faites parvenir un courriel à [communications@oahpp.ca](mailto:communications@oahpp.ca).

## 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 [publichealthontario.ca](http://publichealthontario.ca).

