

RAPPORT DE SURVEILLANCE

Surveillance génomique de l'influenza en Ontario : début de saison 2025-2026

Date de publication : décembre 2025

Introduction

Le présent rapport résume les résultats du séquençage du génome entier de l'influenza effectué par Santé publique Ontario (SPO) pour le début de la saison grippale 2025-2026. Le [rapport de la saison 2024-2025](#) est accessible dans le site Web de SPO.

Faits saillants

- Au total, 146 échantillons positifs à l'influenza A prélevés en début de saison (du 24 août au 15 novembre 2025) ont été séquencés avec succès, ce qui représente 25,9 % des échantillons que SPO a analysés et qui étaient positifs à l'influenza ou qui lui ont été soumis pour l'établissement du sous-type.
- Dans l'ensemble, en début de saison, les sous-clades les plus courants étaient le sous-clade D.3.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza H1N1pdm09, avec 70 échantillons (47,9 %), et le sous-clade K (clade 2a.3a.1) de l'influenza H3N2, avec 56 échantillons (38,4%).
 - Le nombre d'échantillons du sous-clade K de l'influenza H3N2 est passé de 8 (36,4 %) en septembre à 34 (46,6 %) pour la période allant du 1^{er} au 15 novembre.
- En ce qui concerne le sous-type H3N2, 82,9 % des échantillons séquencés du 1^{er} au 15 novembre étaient du sous-clade K (clade 2a.3a.1).
 - Le premier échantillon du sous-clade K de l'influenza H3N2 a été observé en septembre 2025 (par échantillonnage rétrospectif). Pour des précisions sur le séquençage additionnel de l'influenza H3N2 effectué au cours de la période intersaisonnière (du 18 mai au 23 août 2025) (voir l'[annexe A](#)).
- Soulignons que l'activité de l'influenza A est à la hausse en Ontario depuis le 15 novembre 2025 (date de fin de la période de prélèvement des échantillons inclus dans le présent rapport). L'influenza A/H3N2 est le sous-type prédominant en circulation; il représentait 85,0 % des échantillons au cours de la semaine 49 (voir l'[annexe B](#)).
- Aucune substitution d'acides aminés associée à une résistance à l'oseltamivir ou au baloxavir n'a été relevée parmi les échantillons séquencés répondant aux critères internes de qualité.

Contexte

Deux types de virus de l'influenza (influenza A et B) causent 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., Victoria). Des changements peuvent se produire dans le génome du virus à mesure que la grippe se propage parmi les populations. Ces changements ou mutations peuvent entraîner de nouvelles subdivisions au-delà des sous-types ou lignées, qui sont appelées clades et sous-clades. De nombreux sous-clades ne changent pas la capacité du virus à provoquer la maladie, mais certains peuvent présenter des mutations qui influent sur la virulence, la transmissibilité ou la sensibilité aux antiviraux, ou encore qui permettent au virus d'échapper à l'immunité naturelle ou induite par le vaccin. La surveillance génomique recourt au séquençage du génome entier pour surveiller ces changements dans le génome à mesure que le virus évolue dans le temps. Cela permet aux professionnels de la santé publique de mettre en contexte la saison en cours, de déterminer si les antiviraux sont efficaces contre les virus actuellement en circulation et de donner des conseils sur les souches de vaccins pour les prochaines saisons¹. Pour la saison grippale 2025-2026, les vaccins financés par les fonds publics disponibles en Ontario sont des vaccins trivalents [sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09, sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2 et sous-clade C (clade 3a.2) de l'influenza B/Victoria²⁻⁴].

SPO fait un dépistage de routine des virus respiratoires saisonniers pour certains groupes de population, à savoir les personnes symptomatiques qui sont dans des milieux d'hébergement collectif, qui sont associées à une éclosion ou qui sont hospitalisées⁵. De plus, SPO effectue le dépistage chez les personnes qui se rendent à un cabinet de médecin du Réseau canadien de surveillance sentinelle (RCSS; pour les [notes techniques](#) pour des précisions⁶).

SPO établit également le sous-type des échantillons d'influenza A initialement testés par d'autres laboratoires, sur demande et à des fins de surveillance plus étroite de l'influenza H5N1. SPO a donc ainsi réuni 51 % de l'ensemble des échantillons positifs à l'influenza A en Ontario pouvant être sélectionnés pour analyse.

Afin de comprendre la diversité des virus qui circulent pendant la saison grippale 2025-2026, SPO a séquencé des échantillons admissibles ($C_t \leq 27$ et volume restant suffisant) positifs à l'influenza 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 a été sélectionné pour le séquençage du génome entier. Les échantillons provenant du RCSS ont également été exclus. Les séquences ont fait l'objet d'analyses bioinformatiques et on leur a attribué des sous-types, des lignées, des clades et des sous-clades.

Résultats

Tableau 1 : Nombre d'échantillons positifs à l'influenza, nombre et pourcentage d'échantillons séquencés, Santé publique Ontario, du 24 août au 15 novembre 2025

Mois	Nombre d'échantillons positifs	Nombre d'échantillons séquencés	Pourcentage d'échantillons séquencés
Août 2025*	10	4	40,0 %
Septembre 2025	67	22	32,8 %
Octobre 2025	154	47	30,5 %
Novembre 2025*	332	73	22,0 %
Total	563	146	25,9 %

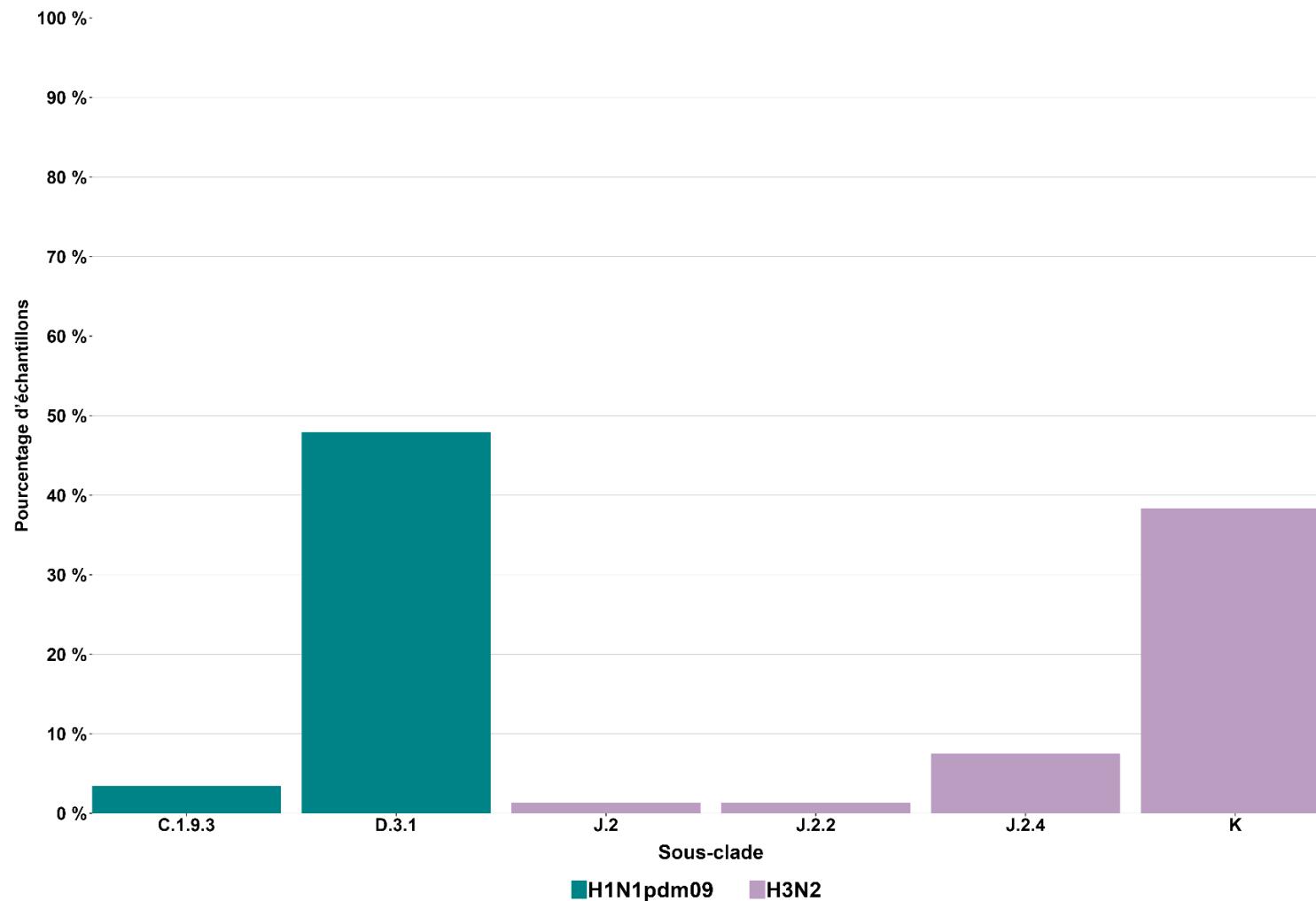
Remarque : *Les mois d'août (du 24 au 31 août) et de novembre (du 1^{er} au 15 novembre) 2025 sont des mois partiels. Les « échantillons positifs » comprennent les échantillons testés par SPO qui étaient positifs à l'influenza et les échantillons positifs à l'influenza A soumis à SPO pour l'établissement du sous-type. Sur les 146 échantillons séquencés, 4,1 % (6/146) étaient liés à une éclosion. Le mois a été attribué en fonction de la date la plus proche disponible pour un échantillon. Voir les notes techniques pour des précisions sur la sélection des échantillons pour le séquençage.

Tableau 2 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 24 août au 15 novembre 2025

Caractérisation génétique	Saison 2025-2026 (du 24 août au 15 novembre 2025)
H1N1pdm09	75 (51,4 %)
C.1.9.3 (5a.2a)	5 (3,4 %)
D.3.1 (5a.2a.1)	70 (47,9 %)
H3N2	71 (48,6 %)
J.2 (2a.3a.1)	2 (1,4 %)
J.2.2 (2a.3a.1)	2 (1,4 %)
J.2.4 (2a.3a.1)	11 (7,5 %)
K (2a.3a.1)	56 (38,4 %)
Total séquencé	146 (100 %)

Remarque : La caractérisation génétique est présentée de la façon suivante « sous-clade (clade) ». La date a été attribuée en fonction de la date la plus proche disponible pour l'échantillon. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. La nomenclature des sous-clades de l'influenza est dynamique et peut être modifiée à mesure que des renseignements supplémentaires (p. ex., les profils mutationnels) deviennent disponibles. Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09, le sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2 et le sous-clade C (clade 3a.2) de l'influenza B/Victoria⁴.

Figure 1 : Pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 24 août au 15 novembre 2025



Remarque : Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. La nomenclature des sous-clades de l'influenza est dynamique et peut être modifiée à mesure que des renseignements supplémentaires (p. ex., les profils mutationnels) deviennent disponibles. Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09, le sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2 et le sous-clade C (clade 3a.2) de l'influenza B/Victoria⁴.

Tableau 3a : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A selon la caractérisation génétique et le mois, Santé publique Ontario, du 24 août au 15 novembre 2025

Caractérisation génétique	Août 2025*	Septembre 2025	Octobre 2025	Novembre 2025*	Total
H1N1pdm09	3 (75,0 %)	12 (54,5 %)	28 (59,6 %)	32 (43,8 %)	75 (51,4 %)
C.1.9.3	0 (0,0 %)	4 (18,2 %)	1 (2,1 %)	0 (0,0 %)	5 (3,4 %)
D.3.1	3 (75,0 %)	8 (36,4 %)	27 (57,4 %)	32 (43,8 %)	70 (47,9 %)
H3N2	1 (25,0 %)	10 (45,5 %)	19 (40,4 %)	41 (56,2 %)	71 (48,6 %)
J.2	0 (0,0 %)	1 (4,5 %)	0 (0,0 %)	1 (1,4 %)	2 (1,4 %)
J.2.2	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (2,1 %)	1 (1,4 %)	2 (1,4 %)
J.2.4	1 (25,0 %)	1 (4,5 %)	4 (8,5 %)	5 (6,8 %)	11 (7,5 %)
K	0 (0,0 %)	8 (36,4 %)	14 (29,8 %)	34 (46,6 %)	56 (38,4 %)
Total séquencé	4 (100 %)	22 (100 %)	47 (100 %)	73 (100 %)	146 (100 %)

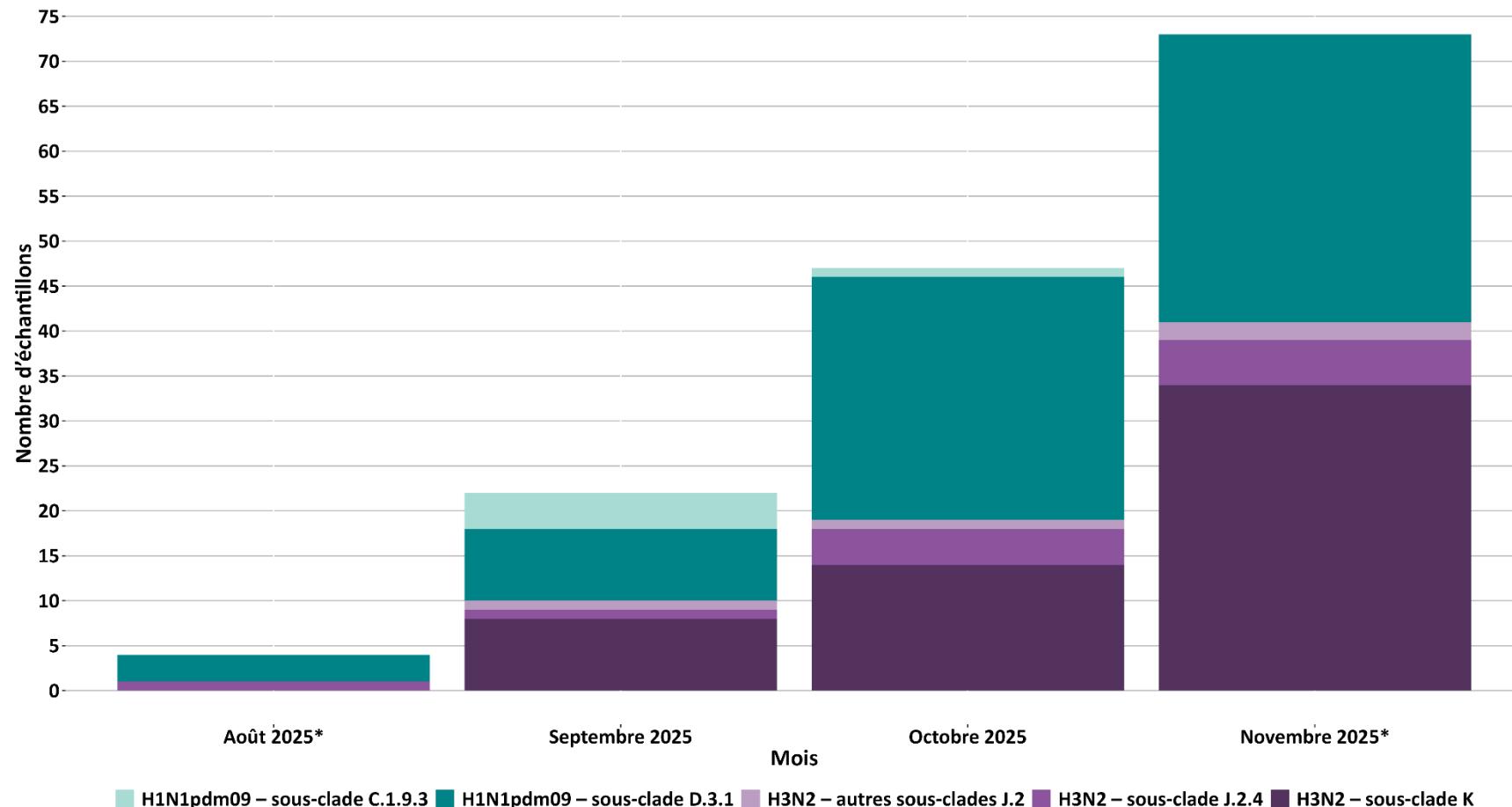
Remarque : *Les mois d'août (du 24 au 31 août) et de novembre (du 1^{er} au 15 novembre) 2025 sont des mois partiels. Le mois a été attribué en fonction de la date la plus proche disponible pour un échantillon. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. La nomenclature des sous-clades de l'influenza est dynamique et peut être modifiée à mesure que des renseignements supplémentaires (p. ex., les profils mutationnels) deviennent disponibles. Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09, le sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2 et le sous-clade C (clade 3a.2) de l'influenza B/Victoria⁴.

Tableau 3b : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A/H3N2 selon la caractérisation génétique et le mois, Santé publique Ontario, du 24 août au 15 novembre 2025

Caractérisation génétique	Août 2025*	Septembre 2025	Octobre 2025	Novembre 2025*	Total
H3N2	1 (100 %)	10 (100 %)	19 (100 %)	41 (100 %)	71 (100 %)
J.2	0 (0,0 %)	1 (10,0 %)	0 (0,0 %)	1 (2,4 %)	2 (2,8 %)
J.2.2	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (5,3 %)	1 (2,4 %)	2 (2,8 %)
J.2.4	1 (100 %)	1 (10,0 %)	4 (21,1 %)	5 (12,2 %)	11 (15,5 %)
K	0 (0,0 %)	8 (80,0 %)	14 (73,7 %)	34 (82,9 %)	56 (78,9 %)
Total séquencé	1 (100 %)	10 (100 %)	19 (100 %)	41 (100 %)	71 (100 %)

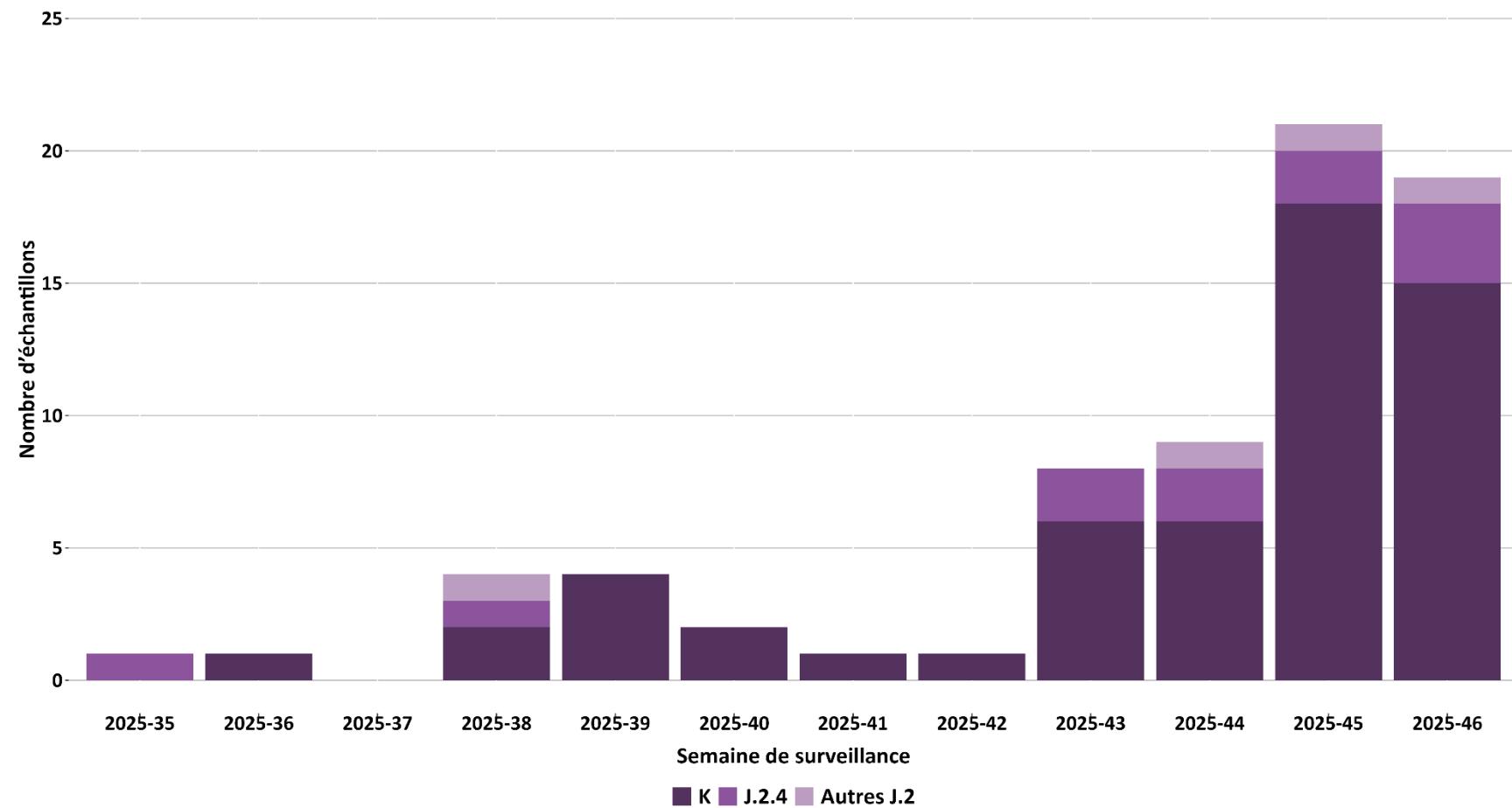
Remarque : *Les mois d'août (du 24 au 31 août) et de novembre (du 1^{er} au 15 novembre) 2025 sont des mois partiels. Le mois a été attribué en fonction de la date la plus proche disponible pour un échantillon. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. La nomenclature des sous-clades de l'Influenza est dynamique et peut être modifiée à mesure que des renseignements supplémentaires (p. ex., les profils mutationnels) deviennent disponibles. Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09, le sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2 et le sous-clade C (clade 3a.2) de l'influenza B/Victoria⁴.

Figure 2a : Nombre d'échantillons positifs à l'influenza A séquencés selon la caractérisation génétique et le mois, Santé publique Ontario, du 24 août au 15 novembre 2025



Remarque : *Les mois d'août (du 24 au 31 août) et de novembre (du 1^{er} au 15 novembre) 2025 sont des mois partiels. Le mois a été attribué en fonction de la date la plus proche disponible pour un échantillon. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. La nomenclature des sous-clades de l'influenza est dynamique et peut être modifiée à mesure que des renseignements supplémentaires (p. ex., les profils mutationnels) deviennent disponibles. Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09, le sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2 et le sous-clade C (clade 3a.2) de l'influenza B/Victoria⁴.

Figure 2b : Nombre d'échantillons positifs à l'influenza A/H3N2 séquencés selon la caractérisation génétique et la semaine, Santé publique Ontario, du 24 août au 15 novembre 2025



Remarque : La semaine a été attribuée en fonction de la date la plus proche disponible pour un échantillon. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. La nomenclature des sous-clades de l'influenza est dynamique et peut être modifiée à mesure que des renseignements supplémentaires (p. ex., les profils mutationnels) deviennent disponibles. Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09, le sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2 et le sous-clade C (clade 3a.2) de l'influenza B/Victoria⁴.

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 24 août au 15 novembre 2025

Caractérisation génétique	0-4 ans	5-19 ans	20-64 ans	65 ans et plus	Total
H1N1pdm09	10 (62,5 %)	8 (34,8 %)	21 (67,7 %)	36 (47,4 %)	75 (51,4 %)
C.1.9.3	1 (6,2 %)	0 (0,0 %)	1 (3,2 %)	3 (3,9 %)	5 (3,4 %)
D.3.1	9 (56,2 %)	8 (34,8 %)	20 (64,5 %)	33 (43,4 %)	70 (47,9 %)
H3N2	6 (37,5 %)	15 (65,2 %)	10 (32,3 %)	40 (52,6 %)	71 (48,6 %)
J.2	0 (0,0 %)	1 (4,3 %)	0 (0,0 %)	1 (1,3 %)	2 (1,4 %)
J.2.2	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	2 (2,6 %)	2 (1,4 %)
J.2.4	1 (6,2 %)	3 (13,0 %)	3 (9,7 %)	4 (5,3 %)	11 (7,5 %)
K	5 (31,2 %)	11 (47,8 %)	7 (22,6 %)	33 (43,4 %)	56 (38,4 %)
Total séquencé	16 (100 %)	23 (100 %)	31 (100 %)	76 (100 %)	146 (100 %)

Remarque : L'âge a été attribué en fonction de la date de naissance fournie; les échantillons pour lesquels il manque les dates de naissance ont été exclus. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09, le sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2 et le sous-clade C (clade 3a.2) de l'influenza B/Victoria⁴.

Tableau 5 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A selon la caractérisation génétique et le milieu, Santé publique Ontario, du 24 août au 15 novembre 2025

Caractérisation génétique	Unité de soins intensifs	Hôpital/service des urgences	Lieu d'hébergement collectif	Soins ambulatoires ou aucun milieu déclaré	Total
H1N1pdm09	0 (0,0 %)	41 (67,2 %)	11 (40,7 %)	23 (40,4 %)	75 (51,4 %)
C.1.9.3	0 (0,0 %)	2 (3,3 %)	1 (3,7 %)	2 (3,5 %)	5 (3,4 %)
D.3.1	0 (0,0 %)	39 (63,9 %)	10 (37,0 %)	21 (36,8 %)	70 (47,9 %)
H3N2	1 (100 %)	20 (32,8 %)	16 (59,3 %)	34 (59,6 %)	71 (48,6 %)
J.2	0 (0,0 %)	1 (1,6 %)	0 (0,0 %)	1 (1,8 %)	2 (1,4 %)
J.2.2	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	2 (3,5 %)	2 (1,4 %)
J.2.4	1 (100 %)	3 (4,9 %)	2 (7,4 %)	5 (8,8 %)	11 (7,5 %)
K	0 (0,0 %)	16 (26,2 %)	14 (51,9 %)	26 (45,6 %)	56 (38,4 %)
Total séquencé	1 (100 %)	61 (100 %)	27 (100 %)	57 (100 %)	146 (100 %)

Remarque : Le milieu représente l'établissement de soins de santé où une personne a reçu des soins. Les lieux d'hébergement collectif comprennent les foyers de soins de longue durée, les maisons de retraite, les établissements correctionnels et les établissements non précisés (à l'exclusion des hôpitaux). Un seul échantillon par éclosion a été sélectionné pour le séquençage. Aucun renseignement sur le milieu n'est associé à environ 34 % des échantillons d'influenza A; ces échantillons sont regroupés dans la catégorie « Soins ambulatoires ou aucun milieu déclaré ». Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09, le sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2 et le sous-clade C (clade 3a.2) de l'influenza B/Victoria⁴.

Tableau 6 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A selon la caractérisation génétique et la région, Santé publique Ontario, du 24 août au 15 novembre 2025

Caractérisation génétique	Nord	Est	Centre-Est	Toronto	Sud-Ouest	Centre-Ouest	Total
H1N1pdm09	2 (100 %)	2 (40,0 %)	28 (68,3 %)	17 (38,6 %)	11 (36,7 %)	15 (62,5 %)	75 (51,4 %)
C.1.9.3	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (2,4 %)	3 (6,8 %)	0 (0,0 %)	1 (4,2 %)	5 (3,4 %)
D.3.1	2 (100 %)	2 (40,0 %)	27 (65,9 %)	14 (31,8 %)	11 (36,7 %)	14 (58,3 %)	70 (47,9 %)
H3N2	0 (0,0 %)	3 (60,0 %)	13 (31,7 %)	27 (61,4 %)	19 (63,3 %)	9 (37,5 %)	71 (48,6 %)
J.2	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (2,4 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (4,2 %)	2 (1,4 %)
J.2.2	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	2 (6,7 %)	0 (0,0 %)	2 (1,4 %)
J.2.4	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	3 (7,3 %)	3 (6,8 %)	3 (10,0 %)	2 (8,3 %)	11 (7,5 %)
K	0 (0,0 %)	3 (60,0 %)	9 (22,0 %)	24 (54,5 %)	14 (46,7 %)	6 (25,0 %)	56 (38,4 %)
Total séquencé	2 (100 %)	5 (100 %)	41 (100 %)	44 (100 %)	30 (100 %)	24 (100 %)	146 (100 %)

Remarque : La région a été attribuée selon l'adresse du patient lorsque disponible. Si l'adresse était manquante, la région a été attribuée selon l'adresse de l'établissement qui a soumis l'information. Pour plus de renseignements sur les bureaux de santé publique inclus dans chaque région, voir les notes techniques. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. Les sous-clades génétiques inclus dans le vaccin antigrippal de cette saison sont le sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09, le sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2 et le sous-clade C (clade 3a.2) de l'influenza B/Victoria⁴.

Tableau 7a : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A/H1N1pdm09 avec des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 24 août au 15 novembre 2025

Caractérisation génétique	Site antigénique Ca de HA	Site antigénique Cb de HA	Site antigénique Sa de HA	Site antigénique Sb de HA	Total
H1N1pdm09	62,7 % (47/75)	0,0 % (0/75)	1,3 % (1/75)	1,3 % (1/75)	65,3 % (49/75)
C.1.9.3	100 % (5/5)	0,0 % (0/5)	0,0 % (0/5)	0,0 % (0/5)	100 % (5/5)
D.3.1	60,0 % (42/70)	0,0 % (0/70)	1,4 % (1/70)	1,4 % (1/70)	62,9 % (44/70)
Total séquencé	62,7 % (47/75)	0,0 % (0/75)	1,3 % (1/75)	1,3 % (1/75)	65,3 % (49/75)

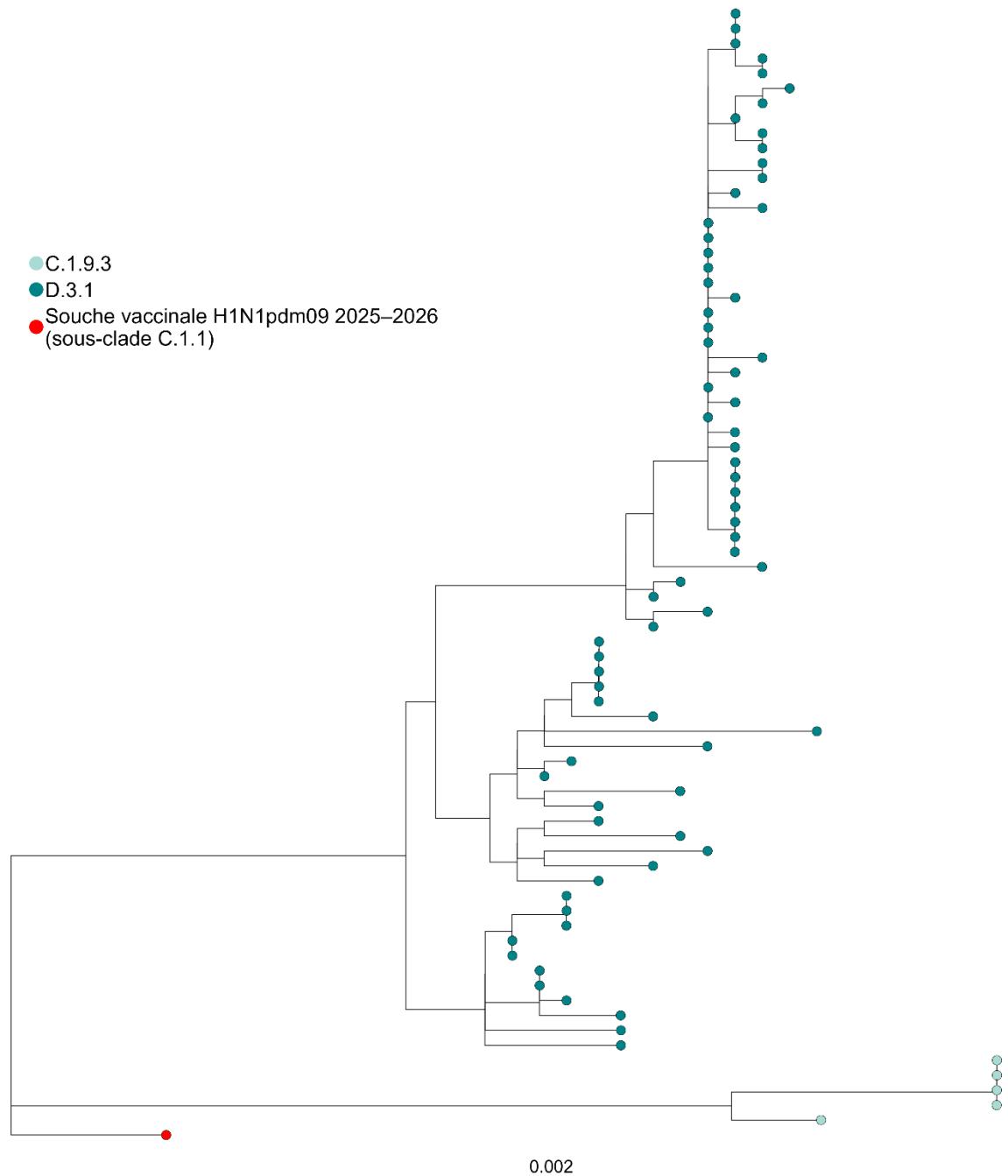
Remarque : On ignore l'incidence sur l'immunité induite par le vaccin des substitutions sur les sites antigéniques identifiés. Ces données sont de nature exploratoire; elles doivent être interprétées avec prudence et ne pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques ou déduire une incidence sur l'immunité induite par le vaccin. Voir les notes techniques pour des précisions. Des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques ont été identifiées relativement à la souche incluse dans le vaccin antigrippal de 2025-2026 (sous-clade C.1.1 [clade 5a.2a.1] de l'influenza A/H1N1pdm09)⁴. Les virus séquencés peuvent présenter des substitutions à plus d'une position à l'intérieur du site antigénique. Le site antigénique Ca comprend des substitutions aux positions 139, 140, 142, 166, 168 et 205 de l'hémagglutinine (HA). Aucune substitution n'a été observée au site antigénique Cb. Le site antigénique Sa comprend des substitutions à la position 121 de la protéine HA. Le site antigénique Sb comprend des substitutions à la position 185 de la protéine HA.

Tableau 7b : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A/H3N2 avec des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 24 août au 15 novembre 2025

Caractérisation génétique	Site antigénique A de HA	Site antigénique B de HA	Site antigénique C de HA	Site antigénique D de HA	Site antigénique E de HA	Total
H3N2	100 % (71/71)	95,8 % (68/71)	1,4 % (1/71)	83,1 % (59/71)	4,2 % (3/71)	100 % (71/71)
J.2	100 % (2/2)	50,0 % (1/2)	0,0 % (0/2)	0,0 % (0/2)	50,0 % (1/2)	100 % (2/2)
J.2.2	100 % (2/2)	0,0 % (0/2)	0,0 % (0/2)	100 % (2/2)	100 % (2/2)	100 % (2/2)
J.2.4	100 % (11/11)	100 % (11/11)	0,0 % (0/11)	9,1 % (1/11)	0,0 % (0/11)	100 % (11/11)
K	100 % (56/56)	100 % (56/56)	1,8 % (1/56)	100 % (56/56)	0,0 % (0/56)	100 % (56/56)
Total séquencé	100 % (71/71)	95,8 % (68/71)	1,4 % (1/71)	83,1 % (59/71)	4,2 % (3/71)	100 % (71/71)

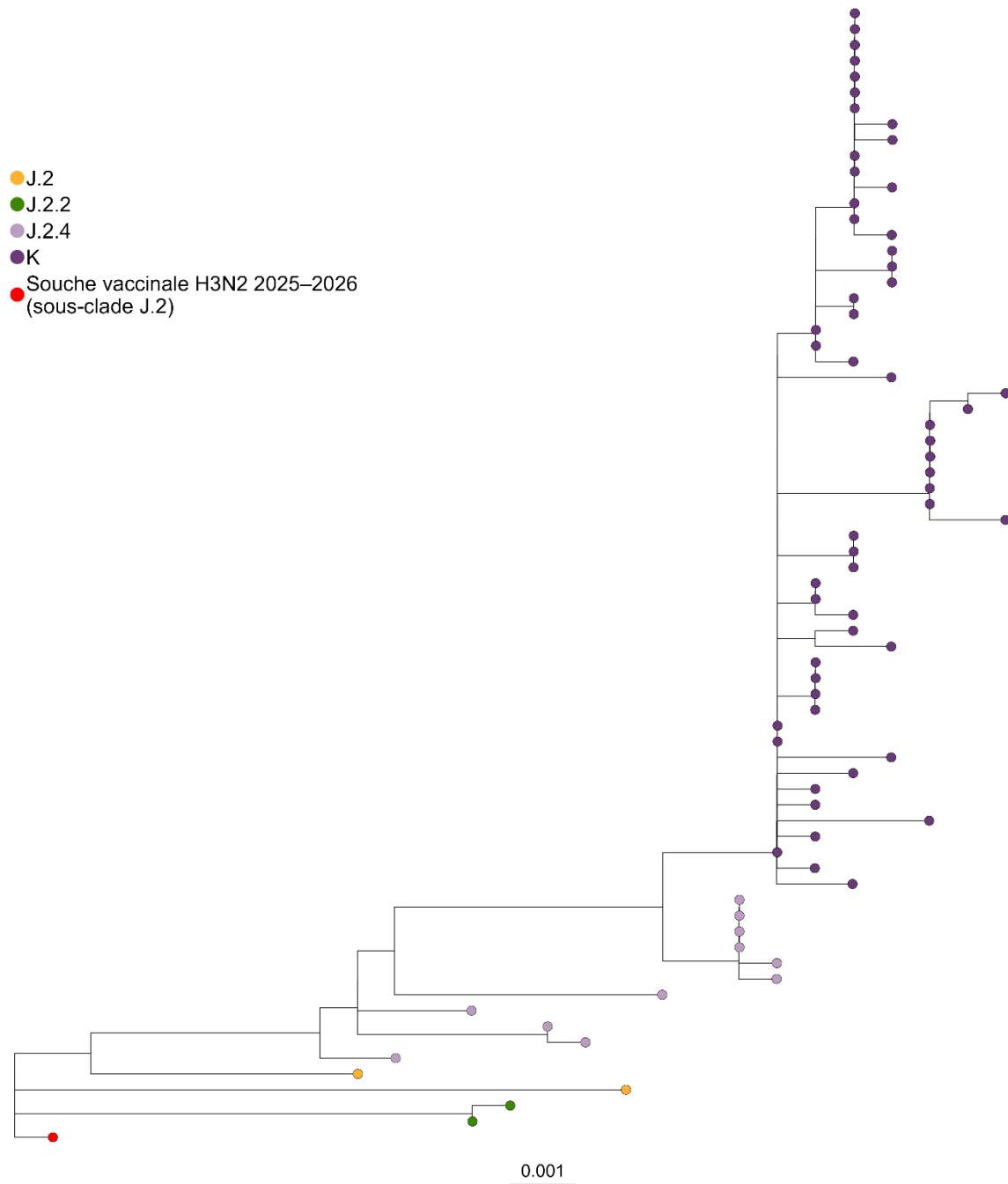
Remarque : On ignore l'incidence sur l'immunité induite par le vaccin des substitutions sur les sites antigéniques identifiés. Ces données sont de nature exploratoire; elles doivent être interprétées avec prudence et ne pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques. Voir les notes techniques pour des précisions. Des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques ont été identifiées relativement à la souche incluse dans le vaccin antigrippal de 2025-2026 (sous-clade J.2 [clade 2a.3a.1] de l'influenza A/H3N2)⁴. Les virus séquencés peuvent présenter des substitutions à plus d'une position à l'intérieur du site antigénique. Le site antigénique A comprend des substitutions aux positions 124, 135, 144 et 145 de la protéine HA. Le site antigénique B comprend des substitutions aux positions 158, 160 et 189 de la protéine HA. Le site antigénique C comprend des substitutions à la position 278 de la protéine HA. Le site antigénique D comprend des substitutions aux positions 117, 171, 173 et 244 de la protéine HA. Le site antigénique E comprend des substitutions aux positions 62, 67 et 78 de la protéine HA.

Figure 3a : Arbre phylogénétique des échantillons positifs à l'influenza A/H1N1pdm09, Santé publique Ontario, du 24 août au 15 novembre 2025



Remarque : Chaque cercle représente un échantillon distinct. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. L'arbre phylogénétique de probabilité maximale a été généré sur la base de la région HA du génome de l'influenza en utilisant le modèle IQ-TREE GTR avec 100 répliques bootstrap. Les séquences identiques sont conservées dans l'arbre. L'arbre est enraciné à l'aide de la souche de référence vaccinale A/Wisconsin/67/2022, de type H1N1pdm09 (EPI_ISL_15928563).

Figure 3b : Arbre phylogénétique des échantillons positifs à l'influenza A/H3N2, Santé publique Ontario, du 24 août au 15 novembre 2025



Remarque : Chaque cercle représente un échantillon distinct. Les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. L'arbre phylogénétique de probabilité maximale a été généré sur la base de la région HA du génome de l'influenza en utilisant le modèle IQ-TREE GTR avec 100 répliques bootstrap. Les séquences identiques sont conservées dans l'arbre. L'arbre est enraciné à l'aide de la souche de référence vaccinale A/District_of_Columbia/27/2023, virus de type H3N2 (EPI_ISL_18937823).

Tableau 8 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A/H1N1pdm09 avec une substitution d'acide aminé H275Y associée à la résistance à l'oseltamivir selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 24 août au 15 novembre 2025

Caractérisation génétique	Substitution d'acide aminé H275Y
H1N1pdm09	0,0 % (0/75)
C.1.9.3	0,0 % (0/5)
D.3.1	0,0 % (0/70)
Total séquencé	0,0 % (0/75)

Remarque : La substitution H275Y a été associée à la résistance à l'oseltamivir de l'influenza A/H1N1pdm09⁷. Ces données sont de nature exploratoire et devraient être interprétées avec prudence. La résistance antivirale est déterminée en enquêtant dans des sites spécifiques dont on a déjà déterminé qu'ils confèrent de la résistance et elle ne tient pas compte de tous les mécanismes de résistance potentiels. Ces données ne devraient pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques. Voir les notes techniques pour des précisions.

Tableau 9 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A avec une substitution d'acide aminé I38T associée à la résistance au baloxavir selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 24 août au 15 novembre 2025

Caractérisation génétique	Substitution d'acide aminé I38T
H1N1pdm09	0,0 % (0/34)
C.1.9.3	0,0 % (0/2)
D.3.1	0,0 % (0/32)
H3N2	0,0 % (0/62)
J.2	0,0 % (0/2)
J.2.2	0,0 % (0/2)
J.2.4	0,0 % (0/10)
K	0,0 % (0/48)
Total séquencé	0,0 % (0/96)

Remarque : Comprend des échantillons présentant une couverture $\geq 90\%$ et une profondeur de lecture de $30\times$ pour le gène de la polymérase acide. Ainsi, le « total séquencé » ne correspond pas à celui des autres tableaux du présent rapport. La substitution I38T a été associée à la résistance au baloxavir des virus de l'influenza A⁸. Ces données sont de nature exploratoire et devraient être interprétées avec prudence. La résistance antivirale est déterminée en enquêtant dans des sites spécifiques dont on a déjà déterminé qu'ils confèrent de la résistance et elle ne tient pas compte de tous les mécanismes de résistance potentiels. Ces données ne devraient pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques. Voir les notes techniques pour des précisions.

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 28 novembre 2025 à 15 h environ.
- Le traitement bioinformatique des données a été effectué par le Centre de bioinformatique le 28 novembre 2025 à 16 h 30 environ.

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

- Pour le rapport du début de saison, Santé publique Ontario a sélectionné tous les échantillons admissibles ($Ct \leq 27$ et volume suffisant restant) depuis le début de la saison pour le séquençage du génome entier.
- Les échantillons répondant aux critères suivants étaient admissibles au séquençage du génome entier :
 - $Ct \leq 27$ à la PCR en temps réel.
 - Échantillons prélevés dans les voies respiratoires supérieures (p. ex., écouvillons nasopharyngés ou pharyngés).
 - Échantillons positifs à un seul sous-type de l'influenza A ou B et à aucun autre virus.
 - Seul le premier échantillon d'une éclosion a été sélectionné, le cas échéant.
 - Les échantillons analysés provenant du Réseau canadien de surveillance sentinelle (RCSS) ont été exclus.
- 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 (3.10.1), bwa (0.7.17), bedtools (2.31.1), bcftools (1.22), ivar (1.4.3), emboss (6.6.0) et BLAST (2.17.0)⁹⁻¹⁷. Les clades et sous-clades ont été attribués au moyen de Nextclade (3.18.0) et de l'ensemble de données Nextclade (2025-11-04--15-46-13Z)¹⁸⁻¹⁹.
- Les arbres phylogénétiques ont été créés à l'aide de IQ-TREE (3.0.1)²⁰.

Algorithme de dépistage des virus respiratoires de Santé publique Ontario

- L'algorithme de dépistage des virus respiratoires des laboratoires de SPO est basé sur le milieu où se trouve le patient.
- Le laboratoire de SPO effectue un test PCR multiplex des virus respiratoires chez les patients symptomatiques suivants :
 - les patients hospitalisés aux soins intensifs;
 - les patients hospitalisés qui sont :
 - soit des enfants < 18 ans à risque de complications, en présence de pneumonie extrahospitalière;
 - soit immunodéprimés ou immunsupprimés;
 - soit en grossesse;

- les patients ou résidents qui sont associés à une éclosion de maladie respiratoire dans un hôpital ou déclarée par un bureau de santé (seuls les quatre premiers patients symptomatiques lors d'une éclosion de maladie respiratoire; les autres patients feront l'objet d'un test FLUVID).
- Le test FLUVID est proposé aux personnes suivantes ayant des symptômes de maladie respiratoire :
 - les personnes qui habitent dans un lieu d'hébergement collectif (foyer de soins de longue durée, maison de retraite, établissement correctionnel) où il n'y a pas d'éclosion;
 - les patients hospitalisés ou les personnes qui habitent dans un lieu d'hébergement collectif où il y a une éclosion, sauf les quatre premiers échantillons, qui font l'objet d'un test PCR multiplex des virus respiratoires;
 - les adultes hospitalisés;
 - le personnel de lieux d'hébergement collectif où il y a une éclosion.
- Les personnes qui se rendent à un cabinet de médecin du Réseau canadien de surveillance sentinelle (RCSS)⁶ sont soumises au test de dépistage PCR multiplex des virus respiratoires et sont exemptées des restrictions de dépistage des laboratoires.

Méthodes de dépistage

- Le dépistage de l'influenza à SPO est effectué en utilisant ce qui suit :
 - Un test PCR multiplex de dépistage simultané des virus respiratoires élaboré en laboratoire. Il permet de dépister 11 cibles dont l'influenza A, l'influenza A/H1N1pdm09, l'influenza A/H3N2 saisonnier et l'influenza B.
 - Un test FLUVID permettant de dépister l'influenza A et B, ainsi que le virus respiratoire syncytial (VRS A/B) et le SRAS-CoV-2 (COVID-19).
 - Une PCR en temps réel distincte pour le sous-typage de l'influenza A. Ce test est utilisé surtout pour les échantillons positifs à l'influenza A qui sont acheminés à SPO pour l'établissement du sous-type.

Caractérisation antigénique

- La caractérisation antigénique des virus de l'influenza comprend une étude des principales protéines présentes sur la surface extérieure du virus de l'influenza qui peuvent provoquer une réponse immunitaire chez l'hôte infecté. Les principaux sites antigéniques sont contenus dans des protéines qui interviennent dans l'entrée et la diffusion de particules virales dans les cellules hôtes [les protéines hémagglutinine (HA) et neuraminidase (NA)]. Les anticorps qui sont liés à des régions spécifiques de ces protéines peuvent déclencher la reconnaissance du virus par les cellules hôtes infectées²¹.
- Pendant une saison respiratoire, la caractérisation antigénique (détermination des types/concordance) des virus de l'influenza en circulation peut être évaluée au moyen d'expériences in vitro en laboratoire qui mesurent la force de la réponse par anticorps et d'une analyse séquentielle du génome viral. La similarité dans la séquence génétique peut servir à déterminer le degré de relation entre les souches grippales actuellement en circulation et celles qui sont incluses dans le vaccin antigrippal annuel recommandé.
- Les données présentées fournissent un résumé des mutations identifiées dans les principaux sites antigéniques reliés aux virus de l'influenza en circulation au moment de la publication du présent rapport. Ces données sont de nature exploratoire; elles doivent être interprétées avec prudence et ne pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques. L'incidence possible des mutations identifiées sur la réponse immunitaire ou antivirale induite par la vaccination est inconnue.

Résistance antivirale

- La résistance antivirale était basée sur l'examen de données génomiques pour des marqueurs moléculaires de la résistance plutôt que sur des tests de susceptibilité.
- La mutation H275Y du gène de la neuraminidase est considérée comme une substitution d'acides aminés pertinente sur le plan clinique qui est associée à la résistance à l'oseltamivir de l'influenza A/H1N1pdm09⁷. Il n'existe pas de description approfondie de l'effet d'autres substitutions (y compris celles reliées aux virus 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 qui est associée à la résistance au baloxavir des virus de l'influenza A et B⁸. 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

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

- Les échantillons disponibles pour le présent rapport représentaient 51 % de tous les échantillons positifs à l'influenza A en Ontario au cours de cette période.
- La plupart des échantillons que SPO analyse proviennent de personnes de plus de 65 ans qui habitent dans des lieux d'hébergement collectif. Les personnes âgées et celles habitant dans ces lieux d'hébergement pourraient donc être surreprésentées dans les résultats.
- Au cours de la présente saison respiratoire, des échantillons prélevés auprès de patients hospitalisés qui ont été analysés au départ par d'autres laboratoires ont été acheminés à SPO à des fins de sous-typage en raison d'une surveillance accrue de l'influenza H5N1. Les personnes hospitalisées pourraient donc être surreprésentées dans les résultats.
- Des biais supplémentaires peuvent être introduits en raison des critères d'admissibilité pour le dépistage diagnostique, de la zone couverte par le dépistage de SPO, du volume d'échantillons disponibles, des critères de sélection des échantillons aux fins du séquençage du génome entier, ainsi que du fait qu'un échantillon puisse être séquencé avec succès. Ainsi, les proportions des sous-types H1N1pdm09 et H3N2 qui ont été séquencés pourraient ne pas correspondre à ceux de l'Outil de surveillance des virus respiratoires en Ontario et les résultats pourraient ne pas être représentatifs de l'ensemble de l'Ontario.
- Les nombres basés sur des échantillons ne représentent pas des personnes uniques, car plus d'un échantillon provenant de la même personne peut avoir été analysé.
- La nomenclature des sous-clades de l'influenza est dynamique et peut être modifiée à mesure que des renseignements supplémentaires (p. ex., les profils mutationnels) deviennent disponibles.
- L'âge a été attribué en fonction de la date de naissance fournie et de la date de prélèvement de l'échantillon ou de l'ouverture de session.
- Il manque le milieu des patients pour environ 34 % des échantillons d'influenza. Par conséquent, les résultats par établissement doivent être interprétés avec prudence.

- La région a été attribuée en fonction de l'adresse du patient, lorsqu'elle était disponible, et de celle de l'établissement qui a soumis l'information si elle manquait. Il se pourrait donc que des personnes pour lesquelles l'adresse du patient manque soient mal classifiées.

Régions géographiques :

- La région du Nord comprend Santé publique Algoma, Santé publique du Nord-Est (autrefois le Bureau de santé Porcupine et le Bureau de santé de Timiskaming), le Bureau de santé du Nord-Ouest, le Bureau de santé du district de North Bay-Parry Sound, Santé publique Sudbury et districts 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 le Bureau de santé du Sud-Est (autrefois le Bureau de santé des comtés de Hastings et de Prince Edward, le Bureau de santé de Kingston, Frontenac et Lennox et Addington et le Bureau de santé du district de Leeds, Grenville et Lanark).
- La région du Centre-Est comprend le Bureau de santé de la région de Durham, Santé publique Lakelands (autrefois le Bureau de santé du district de Haliburton, Kawartha et Pine Ridge et le Bureau de santé du comté et de la ville de Peterborough), le Bureau de santé de la région de Peel, le Bureau de santé du district de Simcoe Muskoka et le Bureau de santé de la région de York.
- 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, 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 le Bureau de santé de Windsor-comté d'Essex.
- La région du Centre-Ouest comprend les Services de santé publique de Hamilton, Santé publique Grand Erie (autrefois le Bureau de santé du comté de Brant et le Bureau de santé de Haldimand-Norfolk), le Bureau de santé de la région de Halton, le Bureau de santé de la région de Niagara, les Services de santé publique et d'urgence de la région de Waterloo et le Bureau de santé de Wellington-Dufferin-Guelph.

Références

1. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Influenza virus genome sequencing and genetic characterization [Internet]. Atlanta (GA) : CDC; 2024 [modifié le 17 septembre 2024; cité le 3 décembre 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). La saison des infections respiratoires 2025-2026, partie 2 : Tour d'horizon de l'immunisation contre les virus respiratoires saisonniers [Internet]. Toronto (ON) : Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2025 [cité le 3 décembre 2025]. Disponible à : https://www.publichealthontario.ca/-/media/Event-Presentations/25/10/respiratory-season-2025-26%20vaccines.pdf?rev=c6d0301267dd45b38c5675c484c68e0e&sc_lang=fr
3. Organisation mondiale de la Santé (OMS). Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2025-2026 northern hemisphere influenza season [Internet]. Genève : OMS; 2025 [modifié le 28 février 2025, cité le 3 décembre 2025]. Disponible à : <https://www.who.int/publications/m/item/recommended-composition-of-influenza-virus-vaccines-for-use-in-the-2025-2026-nh-influenza-season>
4. Agence de la santé publique du Canada. Rapport canadien de surveillance des virus respiratoires [Internet]. Ottawa (ON) : gouvernement du Canada; 2025 [modifié le 28 novembre 2025; cité le 3 décembre 2025]. Disponible à : <https://sante-infobase.canada.ca/surveillance-virus-respiratoires/grippe.html>
5. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Respiratory viruses (including influenza) [Internet]. Toronto (ON) : Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2025 [modifié le 1^{er} octobre 2025; cité le 3 décembre 2025]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/fr/laboratory-services/test-information-index/virus-respiratory>
6. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Réseau canadien de surveillance sentinelle (RCSS) – Programme d'évaluation de l'efficacité des vaccins [Internet]. Toronto (ON) : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2025 [mis à jour le 21 novembre 2025; cité le 3 décembre 2025]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/fr/health-topics/immunization/spsn>
7. Organisation mondiale de la Santé (OMS). Laboratory methodologies for testing the antiviral susceptibility of influenza viruses: neuraminidase inhibitor (NAI) [Internet]. Genève : OMS; 2025 [cité le 3 décembre 2025]. Disponible à : <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/laboratory-network/quality-assurance/antiviral-susceptibility-influenza/neuraminidase-inhibitor>
8. Organisation mondiale de la Santé (OMS). Laboratory methodologies for testing the antiviral susceptibility of influenza viruses: Polymerase acidic (PA) inhibitor, Baloxavir [Internet]. Genève : OMS; 2025 [cité le 3 décembre 2025]. Disponible à : <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/laboratory-network/quality-assurance/antiviral-susceptibility-influenza/polymerase-acidic-protein-inhibitor>
9. 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>

10. Kruczakiewicz P. CFIA-NCFAD/nf-flu [computational package]. Version 3.10.1. 2025 [mis à jour le 15 septembre 2025; cité le 3 décembre 2025]. Disponible à : <https://github.com/CFIA-NCFAD/nf-flu/releases/tag/3.10.1>
11. Li H. Aligning sequence reads, clone sequences and assembly contigs with BWA-MEM. arXiv 1303.3997v2. 26 mai 2013 [cité le 3 décembre 2025]. Disponible à : <https://doi.org/10.48550/arXiv.1303.3997>
12. 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>
13. Danecek P, Bonfield JK, Liddle J, Marshall J, Ohan V, Pollard MO, et al. Bcftools. Version 1.22. 30 mai 2025 [cité le 3 décembre 2025]. Disponible à : <https://github.com/samtools/bcftools/releases/tag/1.22>
14. Grubaugh ND, Gangavarapu K, Quick J, Matteson NL, Goes De Jesus J, Main BJ, et al. An amplicon-based sequencing framework for accurately measuring intrahost virus diversity using PrimalSeq and iVar. Genome Biol. 2019;20:8. Disponible à : <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1618-7>
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. Altschul SF, Gish W, Miller W, Myers EW, Lipman DJ. Basic local alignment search tool. J Mol Biol. 1990;215:403-10. Disponible à : [https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2)
17. Camacho C, Coulouris G, Avagyan V, Ma N, Papadopoulos J, Bealer K, et al. BLAST+: architecture and applications. BMC Bioinformatics. 2009;10:421. Disponible à : <https://doi.org/10.1186/1471-2105-10-421>
18. Aksamentov I, Roemer C, Hodcroft EB, Neher RA. Nextclade. Version 3.18.0. 15 octobre 2025 [cité le 3 décembre 2025]. Disponible à : <https://github.com/nextstrain/nextclade/releases/tag/3.18.0>
19. Nextclade dataset [computational package]. Version 2025-11-04--15-46-13Z. 4 novembre 2025 [cité le 3 décembre 2025]. Disponible à : https://github.com/nextstrain/nextclade_data/releases/tag/2025-11-04--15-46-13Z
20. Nguyen L-T, Schmidt HA, von Haeseler A, Minh BQ. IQ-TREE [computational package]. Version 3.0.1. 2025 [mis à jour le 5 mai 2025; cité le 3 décembre 2025]. Disponible à : <https://github.com/iqtree/iqtree3/releases/tag/v3.0.1>
21. 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>
22. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Weekly US influenza surveillance report: key updates for Week 46, ending November 15, 2025 [Internet]. Atlanta (GA) : CDC; 2025 [modifié le 21 novembre 2025; cité le 3 décembre 2025]. Disponible à : <https://www.cdc.gov/fluview/surveillance/2025-week-46.html>
23. UK Health Security Agency. National flu and COVID-19 surveillance report: 20 November 2025 (Week 47) [Internet]. Londres : Crown copyright; 2025 [modifié le 27 novembre 2025; cité le 3 décembre 2025]. Disponible à : [https://www.gov.uk/government/statistics/national-flu-and-covid-19-surveillance-report-20-november-2025-week-47](https://www.gov.uk/government/statistics/national-flu-and-covid-19-surveillance-reports-2025-to-2026-season/national-flu-and-covid-19-surveillance-report-20-november-2025-week-47)

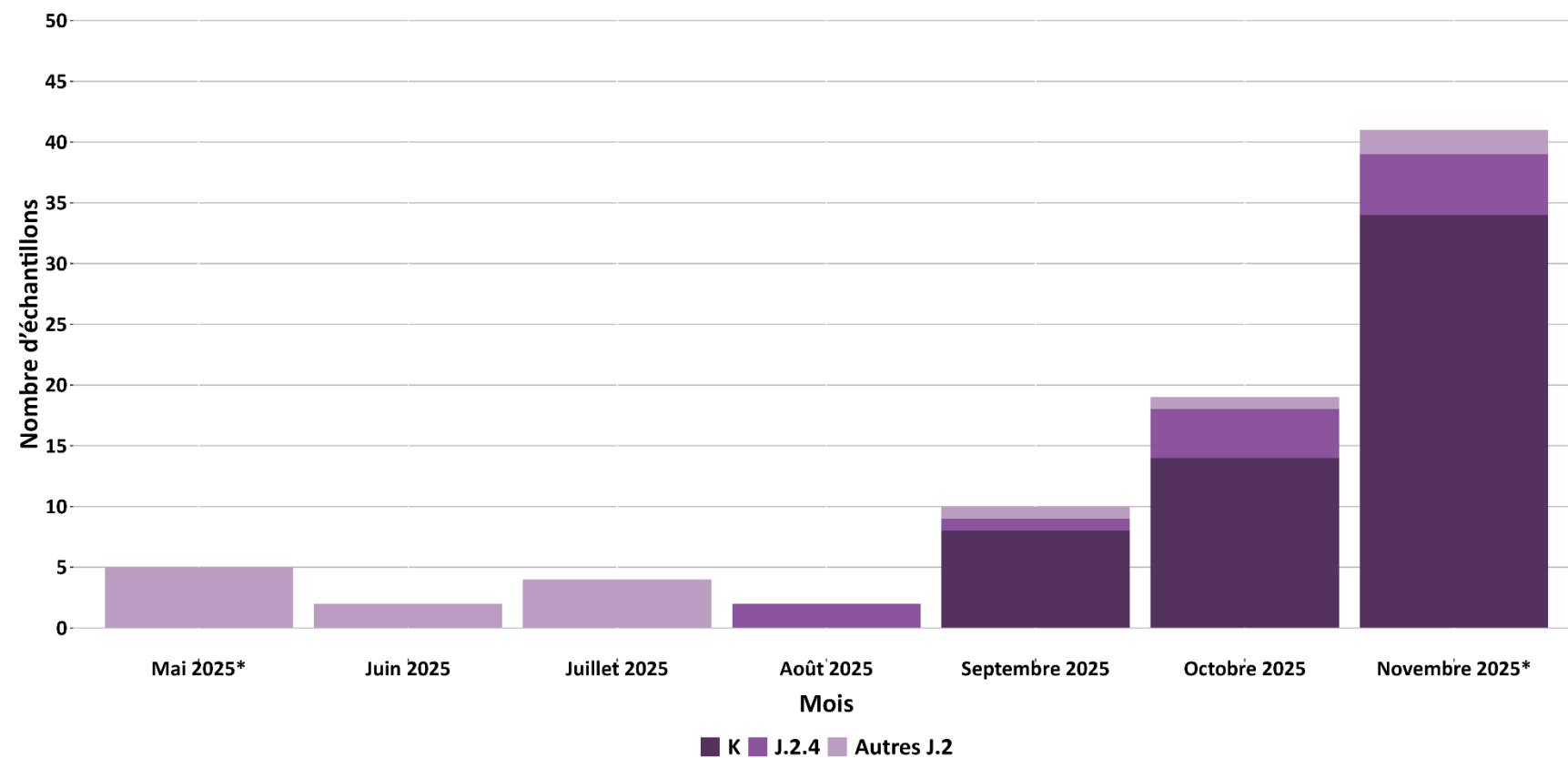
Annexe A : Échantillons positifs à l'influenza A/H3N2 selon la caractérisation génétique et la période

Tableau A1 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A/H3N2 selon la caractérisation génétique et la période, Santé publique Ontario, du 18 mai au 15 novembre 2025

Caractérisation génétique	Intersaison 2025-2026 (du 18 mai au 23 août 2025)	Début de saison 2025-2026 (du 24 août au 15 novembre 2025)
H3N2	12 (100 %)	71 (100 %)
J.2	3 (25,0 %)	2 (2,8 %)
J.2.2	2 (16,7 %)	2 (2,8 %)
J.2.3	5 (41,7 %)	0 (0,0 %)
J.2.4	1 (8,3 %)	11 (15,5 %)
J.2.5	1 (8,3 %)	0 (0,0 %)
K	0 (0,0 %)	56 (78,9 %)
Total séquencé	12 (100 %)	71 (100 %)

Remarque : Comprend tous les échantillons d'influenza A/H3N2 analysés par SPO qui étaient admissibles au séquençage et dont le volume était suffisant. La date a été attribuée en fonction de la date la plus proche disponible pour l'échantillon. La nomenclature des sous-clades de l'influenza est dynamique et peut être modifiée à mesure que des renseignements supplémentaires (p. ex., les profils mutationnels) deviennent disponibles. La composante vaccinale contre l'influenza A/H3N2 incluse dans le vaccin antigrippal utilisé dans l'hémisphère Nord pour la saison grippale 2025-2026 appartient au sous-clade génétique J.2 (clade 2a.3a.1)⁴.

Figure A1 : Nombre d'échantillons positifs à l'influenza A/H3N2 selon la caractérisation génétique et le mois, pour l'intersaison et le début de saison, Santé publique Ontario, du 18 mai au 15 novembre 2025



Remarque : *Mai et novembre sont des mois partiels. L'intersaison s'échelonne du 18 mai au 23 août 2025, et le début de saison s'échelonne du 24 août au 15 novembre 2025. Le mois a été attribué en fonction de la date la plus proche disponible pour un échantillon. La composante vaccinale contre l'influenza A/H3N2 incluse dans le vaccin antigrippal utilisé dans l'hémisphère Nord pour la saison grippale 2025-2026 appartient au sous-clade génétique J.2 (clade 2a.3a.1).

Annexe B : Échantillons positifs à l'influenza A selon le sous-type

Tableau B1 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A selon la semaine et le sous-type, Système d'information de laboratoire de l'Ontario, du 24 août au 29 novembre 2025

Semaine de surveillance	H1N1pdm09	H3N2	Total
Semaine 35 (du 24 au 30 août)	8 (72,7 %)	3 (27,3 %)	11 (100 %)
Semaine 36 (du 31 août au 6 septembre)	7 (41,2 %)	10 (58,8 %)	17 (100 %)
Semaine 37 (du 7 au 13 septembre)	5 (55,6 %)	4 (44,4 %)	9 (100 %)
Semaine 38 (du 14 au 20 septembre)	11 (44,0 %)	14 (56,0 %)	25 (100 %)
Semaine 39 (du 21 au 27 septembre)	5 (38,5 %)	8 (61,5 %)	13 (100 %)
Semaine 40 (du 28 septembre au 4 octobre)	9 (69,2 %)	4 (30,8 %)	13 (100 %)
Semaine 41 (du 5 au 11 octobre)	13 (61,9 %)	8 (38,1 %)	21 (100 %)
Semaine 42 (du 12 au 18 octobre)	10 (62,5 %)	6 (37,5 %)	16 (100 %)
Semaine 43 (du 19 au 25 octobre)	24 (63,2 %)	14 (36,8 %)	38 (100 %)
Semaine 44 (du 26 octobre au 1 ^{er} novembre)	36 (45,6 %)	43 (54,4 %)	79 (100 %)
Semaine 45 (du 2 au 8 novembre)	49 (36,0 %)	87 (64,0 %)	136 (100 %)
Semaine 46 (du 9 au 15 novembre)	104 (34,3 %)	199 (65,7 %)	303 (100 %)
Semaine 47 (du 16 au 22 novembre)	126 (26,1 %)	357 (73,9 %)	483 (100 %)
Semaine 48 (du 23 au 29 novembre)	172 (17,5 %)	810 (82,5 %)	982 (100 %)
Semaine 49 (du 30 novembre au 6 décembre)	151 (15,0 %)	855 (85,0 %)	1 006 (100 %)
Total	730 (23,2 %)	2 422 (76,8 %)	3 152 (100 %)

Remarque : Les données sont présentées au niveau des échantillons. Tous les échantillons positifs à l'influenza A dont le sous-typage a été effectué avec succès en Ontario sont inclus. Au total, 59,3 % des échantillons positifs à l'influenza A n'ont pas été sous-typés ou l'ont été sans succès.

Source des données : Données du Système d'information de laboratoire de l'Ontario reçues par Santé publique Ontario.

Annexe C : Comparaison territoriale des échantillons d'influenza A selon la caractérisation génétique

Tableau C1 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A selon la caractérisation génétique et le territoire, du 18 mai au 16 novembre 2025

Caractérisation génétique	Ontario (24 août – 15 novembre)	Canada (1 ^{er} septembre – 15 novembre)	États-Unis (18 mai – 15 novembre)	Royaume-Uni (29 septembre – 16 novembre)
H1N1pdm09	75 (51,4 %)	36 (58,1 %)	293 (66,7 %)	63 (22,0 %)
C.1.9.3	5 (3,4 %)	1 (1,6 %)	7 (1,6 %)	1 (0,3 %)
D.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	2 (0,5 %)	0 (0,0 %)
D.3.1	70 (47,9 %)	35 (56,5 %)	284 (64,7 %)	62 (21,6 %)
H3N2	71 (48,6 %)	26 (41,9 %)	146 (33,3 %)	224 (78,0 %)
J.2	2 (1,4 %)	1 (1,6 %)	15 (3,4 %)	7 (2,4 %)
J.2.2	2 (1,4 %)	2 (3,2 %)	9 (2,1 %)	0 (0,0 %)
J.2.3	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	19 (4,3 %)	0 (0,0 %)
J.2.4	11 (7,5 %)	5 (8,1 %)	21 (4,8 %)	10 (3,5 %)
J.2.5	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (0,3 %)
K	56 (38,4 %)	18 (29,0 %)	82 (18,7 %)	206 (71,8 %)
Total séquencé	146 (100 %)	62 (100 %)	439 (100 %)	287 (100 %)

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

Sources des données : Santé publique Ontario, Agence de la santé publique du Canada⁴, Centres for Disease Control and Prevention²² et UK Health Security Agency²³.

Modèle proposé pour citer le document

Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Surveillance génomique de l'influenza en Ontario : début de saison 2025-2026. Toronto (ON) : Imprimeur du Roi pour l'Ontario, 2025.

Avis de non-responsabilité

Santé publique Ontario (SPO) a conçu le présent document. SPO offre des conseils scientifiques et techniques au gouvernement, aux agences de santé publique et aux fournisseurs de soins de santé de l'Ontario. Les travaux de SPO s'appuient sur les meilleures données probantes disponibles au moment de leur publication. L'application et l'utilisation du présent document relèvent de la responsabilité des utilisateurs. SPO n'assume aucune responsabilité relativement aux conséquences de l'application ou de l'utilisation du document par quiconque. Le présent document peut être reproduit sans permission à des fins non commerciales seulement, sous réserve d'une mention appropriée de Santé publique Ontario. Aucun changement ni aucune modification ne peuvent être apportés à ce document sans la permission écrite explicite de Santé publique Ontario.

Santé publique Ontario

Santé publique Ontario est un organisme du gouvernement de l'Ontario voué à la protection et à la promotion de la santé de l'ensemble de la population ontarienne, ainsi qu'à la réduction des iniquités en matière de santé. Santé publique Ontario met les connaissances et les renseignements scientifiques les plus pointus du monde entier à la portée des professionnels de la santé publique, des travailleurs de la santé de première ligne et des chercheurs.

Pour obtenir plus de renseignements au sujet de SPO, veuillez consulter santepubliqueontario.ca.

© Imprimeur du Roi pour l'Ontario, 2025

