

RAPPORT DE SURVEILLANCE

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

Date de publication : août 2026

Introduction

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

Faits saillants

- Au total, 394 échantillons ont été inclus pour la saison en cours (du 24 août 2025 au 23 mai 2026), ce qui représente 3,7 % des échantillons ayant obtenu un résultat positif à SPO.
- Parmi les 379 échantillons positifs à l'influenza A séquencés pour la saison en cours, 22,7 % étaient du sous-type H1N1pdm09 et 77,3 %, du sous-type H3N2 saisonnier.
 - On comptait 67 échantillons (17,7 %) du sous-clade génétique D.3.1.1 de l'influenza H1N1pdm09 et 17 échantillons (4,5 %) du sous-clade génétique D.3.1, tous deux appartenant au clade 5a.2a.1. La composante H1N1pdm09 du vaccin antigrippal 2025-2026 de l'hémisphère Nord appartient au sous-clade génétique C.1.1 (clade 5a.2a.1).
 - On comptait 251 échantillons (66,2 %) du sous-clade génétique K de l'influenza H3N2 et 41 échantillons (10,8 %) du sous-clade génétique J.2.4, tous deux appartenant au clade 2a.3a.1. La composante H3N2 du vaccin antigrippal 2025-2026 de l'hémisphère Nord appartient au sous-clade génétique J.2 (clade 2a.3a.1).
- Parmi les 15 échantillons positifs à l'influenza B séquencés pour la saison en cours, huit échantillons (53,3 %) appartenaient au sous-clade génétique C.5.6.1 de la lignée Victoria et six échantillons (40,0 %), au sous-clade génétique C.5.6 de la lignée Victoria (les deux appartenant au clade 3a.2). La composante Victoria du vaccin antigrippal 2025-2026 de l'hémisphère Nord appartient au sous-clade génétique C (clade 3a.2).
- Parmi les échantillons de sous-type H1N1pdm09 séquencés, un échantillon (1,2 %) présentait la substitution d'acide aminé H275Y dans le gène de la neuraminidase (NA), connue pour être associée à la résistance à l'oseltamivir.
- Parmi les 360 échantillons séquencés qui satisfaisaient aux critères de contrôle de la qualité pour le gène de la polymérase acide (PA), aucun ne présentait la substitution d'acide aminé I38T dans le gène PA, connue pour être associée à la résistance au baloxavir.

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 (c.-à-d. 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 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 formuler des conseils sur les souches vaccinales pour les saisons à venir¹. Pour la saison grippale 2025-2026, les vaccins financés par l'État offerts en Ontario sont 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 les groupes de population admissibles, à savoir les personnes symptomatiques qui se trouvent dans un lieu d'hébergement collectif, qui font partie d'une éclosion ou qui sont hospitalisées⁵. De plus, SPO teste les personnes qui se rendent à un cabinet de médecin faisant partie du Réseau canadien de surveillance sentinelle (RCSS; voir la section [Notes techniques](#) pour en savoir plus)⁶.

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 H5N1⁷. SPO a donc ainsi réuni 26 % de l'ensemble des échantillons positifs à l'influenza en Ontario pouvant être sélectionnés pour analyse. Pour en savoir plus sur la surveillance provinciale de l'influenza, voir l'Outil de surveillance des virus respiratoires en Ontario⁸.

Afin de comprendre la diversité des virus qui ont circulé pendant la saison grippale 2025-2026, SPO a séquençé les échantillons admissibles (seuil de cycle [Ct] ≤ 27 et volume restant suffisant) positifs à l'influenza. Les échantillons positifs à plus d'un virus ont été exclus. De plus, 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 été traitées au moyen d'analyses bioinformatiques, puis des sous-types, des lignées, des clades et des sous-clades leur ont été attribués.

Résultats

Tableau 1 : Nombre d'échantillons positifs à l'influenza, nombre et pourcentage d'échantillons séquencés, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Mois	Nombre d'échantillons positifs	Nombre d'échantillons séquencés	Pourcentage d'échantillons séquencés
Août 2025*	10	1	10,0 %
Septembre 2025	67	4	6,0 %
Octobre 2025	154	5	3,2 %
Novembre 2025	1 933	73	3,8 %
Décembre 2025	6 612	259	3,9 %
Janvier 2026	1 172	31	2,6 %
Février 2026	232	4	1,7 %
Mars 2026	211	4	1,9 %
Avril 2026	162	11	6,8 %
Mai 2026*	66	2	3,0 %
Total	10 619	394	3,7 %

Remarque : *Les mois d'août et de mai 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 394 échantillons séquencés, 9,9 % (39/394) étaient associés à une éclosion.

Tableau 2a : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A séquencés selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	Saison 2025-2026 (du 24 août 2025 au 23 mai 2026)
H1N1pdm09	86 (22,7 %)
C.1.9.3	2 (0,5 %)
D.3.1	17 (4,5 %)
D.3.1.1	67 (17,7 %)
H3N2	293 (77,3 %)
J.2.3	1 (0,3 %)
J.2.4	41 (10,8 %)
K	251 (66,2 %)
Total séquencé	379 (100 %)

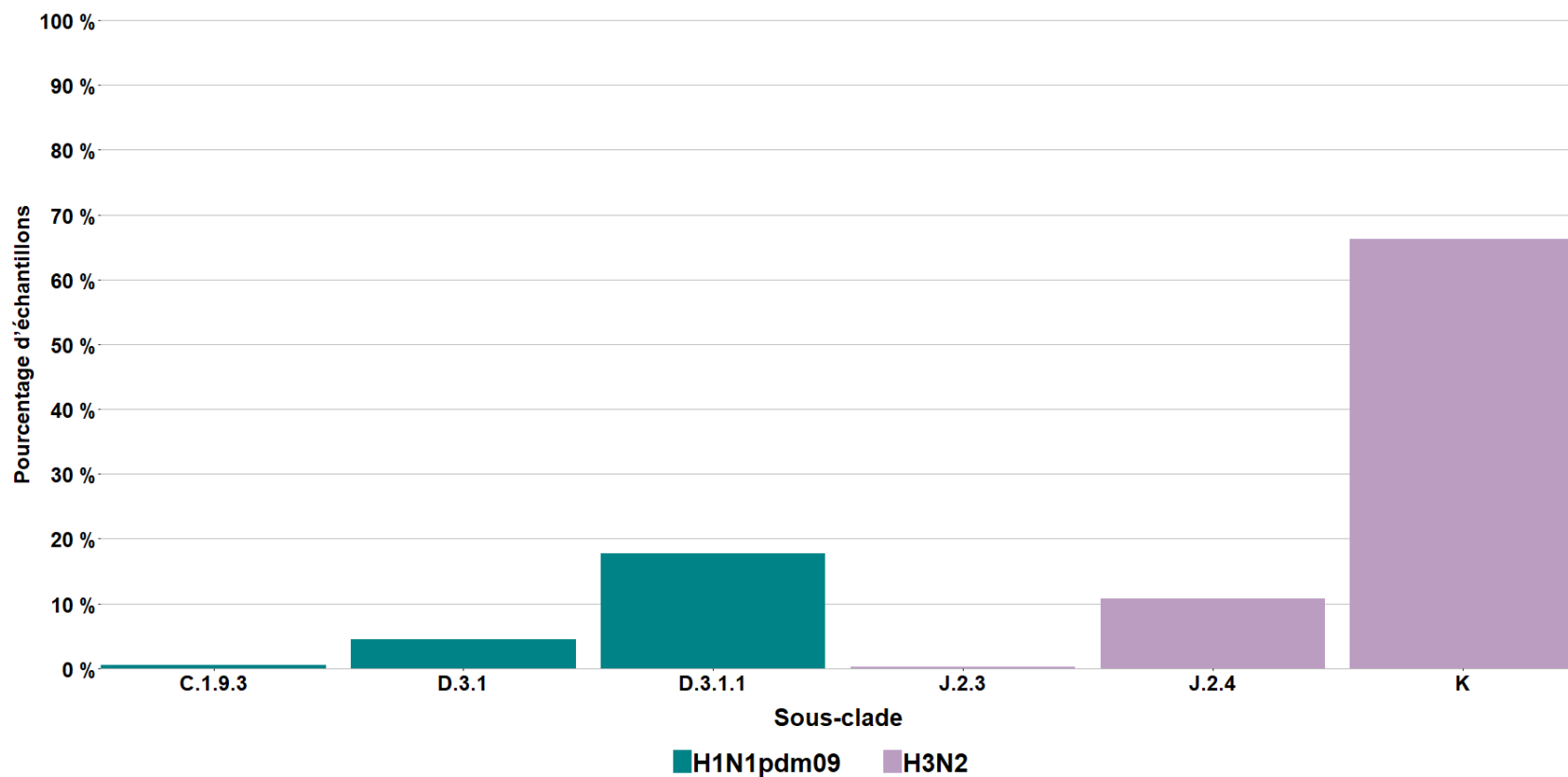
Remarque : Les sous-clades génétiques de l'influenza A inclus dans le vaccin antigrippal de la saison 2025-2026 sont le sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09 et le sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2⁴.

Tableau 2b : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B séquencés selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	Saison 2025-2026 (du 24 août 2025 au 23 mai 2026)
Victoria	15 (100 %)
C.3.1	1 (6,7 %)
C.5.6	6 (40,0 %)
C.5.6.1	8 (53,3 %)
Total séquencé	15 (100 %)

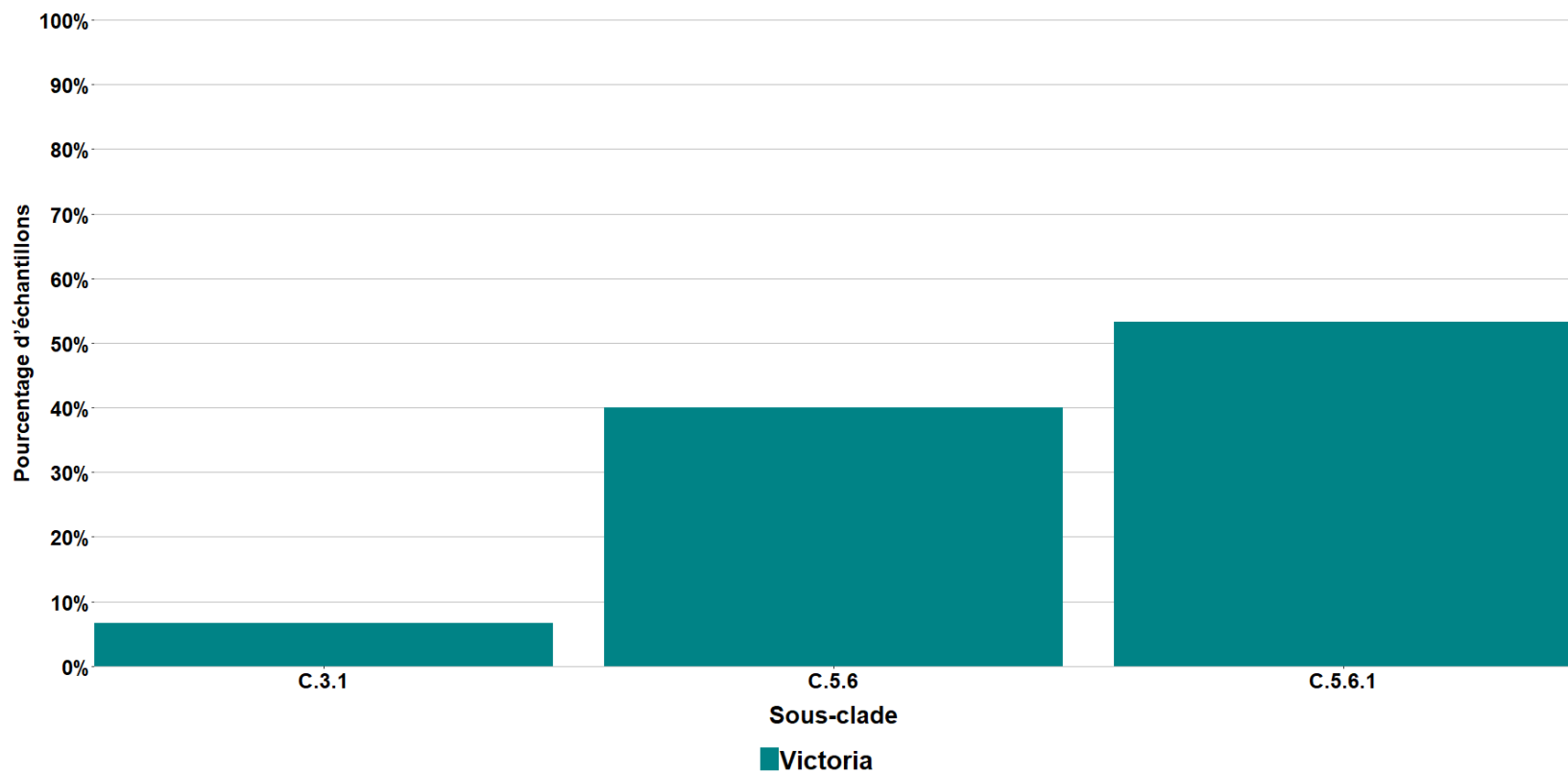
Remarque : Le sous-clade génétique de l'influenza B inclus dans le vaccin antigrippal de la saison 2025-2026 est le sous-clade C (clade 3a.2) de la lignée Victoria⁴.

Figure 1a : Pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A séquencés selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026



Remarque : Les sous-clades génétiques de l'influenza A inclus dans le vaccin antigrippal de la saison 2025-2026 sont le sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09 et le sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2⁴.

Figure 1b : Pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B séquencés selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026



Remarque : Le sous-clade génétique de l'influenza B inclus dans le vaccin antigrippal de la saison 2025-2026 est le sous-clade C (clade 3a.2) de la lignée Victoria⁴.

Tableau 3a : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A séquencés selon la caractérisation génétique et le mois, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	Août 2025*	Septembre 2025	Octobre 2025	Novembre 2025	Décembre 2025	Janvier 2026	Février 2026	Mars 2026	Avril 2026	Mai 2026*	Total
H1N1pdm09	0 (0,0 %)	3 (75,0 %)	3 (60,0 %)	28 (38,9 %)	40 (15,4 %)	7 (22,6 %)	2 (50,0 %)	0 (0,0 %)	3 (100 %)	0 (0,0 %)	86 (22,7 %)
C.1.9.3	0 (0,0 %)	1 (25,0 %)	0 (0,0 %)	1 (1,4 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	2 (0,5 %)
D.3.1	0 (0,0 %)	2 (50,0 %)	0 (0,0 %)	7 (9,7 %)	8 (3,1 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	17 (4,5 %)
D.3.1.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	3 (60,0 %)	20 (27,8 %)	32 (12,4 %)	7 (22,6 %)	2 (50,0 %)	0 (0,0 %)	3 (100 %)	0 (0,0 %)	67 (17,7 %)
H3N2	1 (100 %)	1 (25,0 %)	2 (40,0 %)	44 (61,1 %)	219 (84,6 %)	24 (77,4 %)	2 (50,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	293 (77,3 %)
J.2.3	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (1,4 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (0,3 %)
J.2.4	1 (100 %)	0 (0,0 %)	1 (20,0 %)	8 (11,1 %)	28 (10,8 %)	3 (9,7 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	41 (10,8 %)
K	0 (0,0 %)	1 (25,0 %)	1 (20,0 %)	35 (48,6 %)	191 (73,7 %)	21 (67,7 %)	2 (50,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	251 (66,2 %)
Total séquencé	1 (100 %)	4 (100 %)	5 (100 %)	72 (100 %)	259 (100 %)	31 (100 %)	4 (100 %)	0 (0,0 %)	3 (100 %)	0 (0,0 %)	379 (100 %)

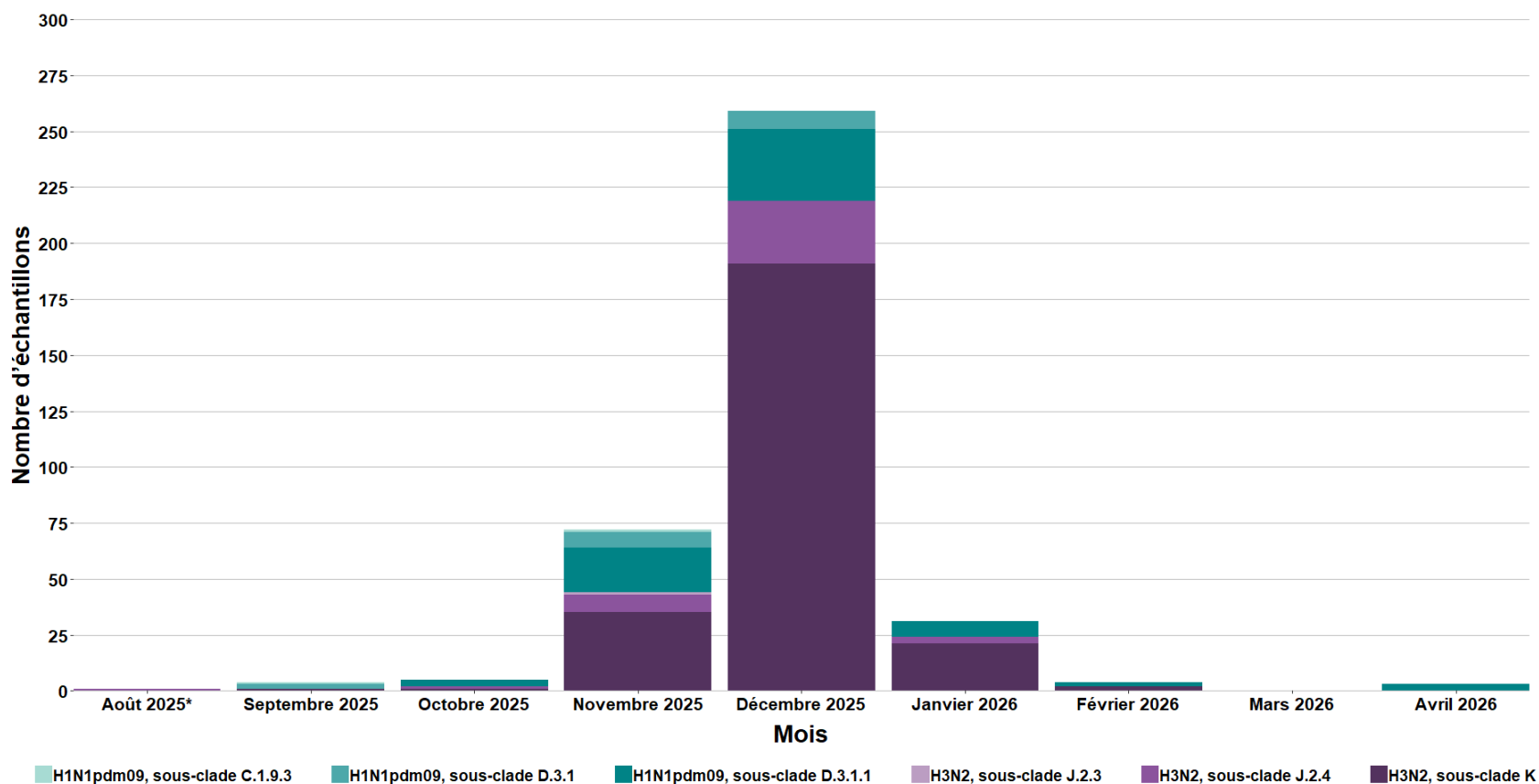
Remarque : *Les mois d'août et de mai sont des mois partiels. Les sous-clades génétiques de l'influenza A inclus dans le vaccin antigrippal de la saison 2025-2026 sont le sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09 et le sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2⁴.

Tableau 3b : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B séquencés selon la caractérisation génétique et le mois, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	Août 2025*	Septembre 2025	Octobre 2025	Novembre 2025	Décembre 2025	Janvier 2026	Février 2026	Mars 2026	Avril 2026	Mai 2026*	Total
Victoria	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (100 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	4 (100 %)	8 (100 %)	2 (100 %)	15 (100 %)
C.3.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (25,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (6,7 %)
C.5.6	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (100 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	4 (50,0 %)	1 (50,0 %)	6 (40,0 %)
C.5.6.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	3 (75,0 %)	4 (50,0 %)	1 (50,0 %)	8 (53,3 %)
Total séquencé	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (100 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	4 (100 %)	8 (100 %)	2 (100 %)	15 (100 %)

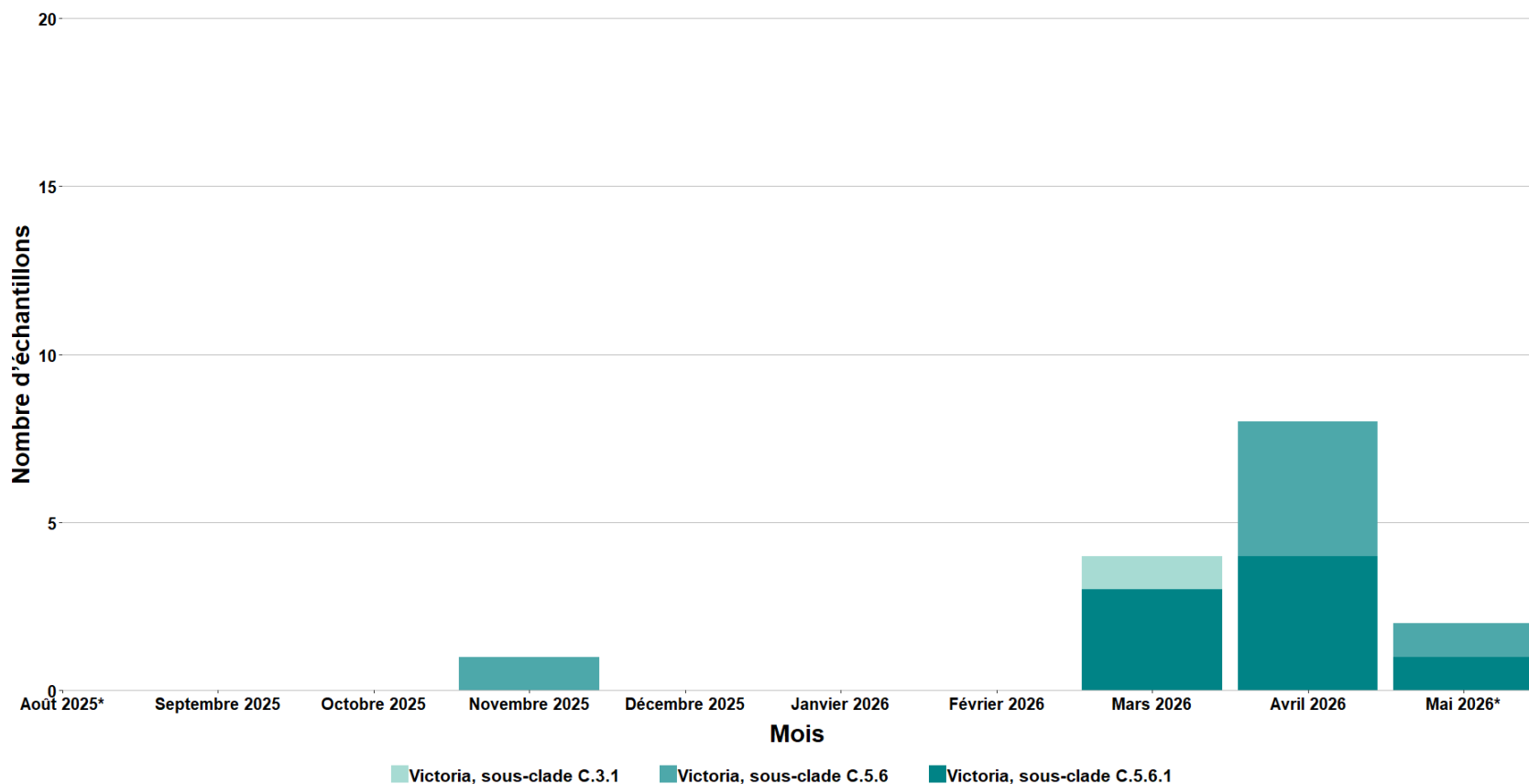
Remarque : *Les mois d'août et de mai sont des mois partiels. Le sous-clade génétique de l'influenza B inclus dans le vaccin antigrippal de la saison 2025-2026 est le sous-clade C (clade 3a.2) de la lignée Victoria⁴.

Figure 2a : Nombre d'échantillons positifs à l'influenza A séquencés selon la caractérisation génétique et le mois, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026



Remarque : *Les mois d'août et de mai sont des mois partiels. Les sous-clades génétiques de l'influenza A inclus dans le vaccin antigrippal de la saison 2025-2026 sont le sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09 et le sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2⁴.

Figure 2b : Nombre d'échantillons positifs à l'influenza B séquencés selon la caractérisation génétique et le mois, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026



Remarque : *Les mois d'août et de mai sont des mois partiels. Le sous-clade génétique de l'influenza B inclus dans le vaccin antigrippal de la saison 2025-2026 est le sous-clade C (clade 3a.2) de la lignée Victoria⁴.

Tableau 4a : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A séquencés selon la caractérisation génétique et le groupe d'âge, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	0-4 ans	5-19 ans	20-64 ans	65 ans et plus	Total
H1N1pdm09	11 (23,4 %)	8 (21,6 %)	11 (19,3 %)	56 (23,5 %)	86 (22,7 %)
C.1.9.3	1 (2,1 %)	0 (0,0 %)	1 (1,8 %)	0 (0,0 %)	2 (0,5 %)
D.3.1	2 (4,3 %)	2 (5,4 %)	3 (5,3 %)	10 (4,2 %)	17 (4,5 %)
D.3.1.1	8 (17,0 %)	6 (16,2 %)	7 (12,3 %)	46 (19,3 %)	67 (17,7 %)
H3N2	36 (76,6 %)	29 (78,4 %)	46 (80,7 %)	182 (76,5 %)	293 (77,3 %)
J.2.3	1 (2,1 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (0,3 %)
J.2.4	5 (10,6 %)	6 (16,2 %)	5 (8,8 %)	25 (10,5 %)	41 (10,8 %)
K	30 (63,8 %)	23 (62,2 %)	41 (71,9 %)	157 (66,0 %)	251 (66,2 %)
Total séquencé	47 (100 %)	37 (100 %)	57 (100 %)	238 (100 %)	379 (100 %)

Remarque : L'âge a été attribué en fonction de la date de naissance indiquée sur la demande d'analyse; les échantillons pour lesquels la date de naissance est manquante sont exclus. Les sous-clades génétiques de l'influenza A inclus dans le vaccin antigrippal de la saison 2025-2026 sont le sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09 et le sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2⁴.

Tableau 4b : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B séquencés selon la caractérisation génétique et le groupe d'âge, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	0-4 ans	5-19 ans	20-64 ans	65 ans et plus	Total
Victoria	4 (100 %)	3 (100 %)	6 (100 %)	2 (100 %)	15 (100 %)
C.3.1	0 (0,0 %)	1 (33,3 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (6,7 %)
C.5.6	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	5 (83,3 %)	1 (50,0 %)	6 (40,0 %)
C.5.6.1	4 (100 %)	2 (66,7 %)	1 (16,7 %)	1 (50,0 %)	8 (53,3 %)
Total séquencé	4 (100 %)	3 (100 %)	6 (100 %)	2 (100 %)	15 (100 %)

Remarque : L'âge a été attribué en fonction de la date de naissance indiquée sur la demande d'analyse; les échantillons pour lesquels la date de naissance est manquante sont exclus. Le sous-clade génétique de l'influenza B inclus dans le vaccin antigrippal de la saison 2025-2026 est le sous-clade C (clade 3a.2) de la lignée Victoria⁴.

Tableau 5a : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A séquencés selon la caractérisation génétique et le milieu, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	Unité de soins intensifs	Hôpital/ service des urgences	Lieu d'hébergement collectif	Autre milieu ou aucun milieu déclaré	Total
H1N1pdm09	0 (0,0 %)	35 (25,0 %)	33 (20,5 %)	18 (25,0 %)	86 (22,7 %)
C.1.9.3	0 (0,0 %)	1 (0,7 %)	0 (0,0 %)	1 (1,4 %)	2 (0,5 %)
D.3.1	0 (0,0 %)	8 (5,7 %)	4 (2,5 %)	5 (6,9 %)	17 (4,5 %)
D.3.1.1	0 (0,0 %)	26 (18,6 %)	29 (18,0 %)	12 (16,7 %)	67 (17,7 %)
H3N2	6 (100 %)	105 (75,0 %)	128 (79,5 %)	54 (75,0 %)	293 (77,3 %)
J.2.3	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (1,4 %)	1 (0,3 %)
J.2.4	1 (16,7 %)	21 (15,0 %)	16 (9,9 %)	3 (4,2 %)	41 (10,8 %)
K	5 (83,3 %)	84 (60,0 %)	112 (69,6 %)	50 (69,4 %)	251 (66,2 %)
Total séquencé	6 (100 %)	140 (100 %)	161 (100 %)	72 (100 %)	379 (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 indéfinis (à l'exclusion des hôpitaux). Les sous-clades génétiques de l'influenza A inclus dans le vaccin antigrippal de la saison 2025-2026 sont le sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09 et le sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2⁴.

Tableau 5b : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B séquencés selon la caractérisation génétique et le milieu, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	Unité de soins intensifs	Hôpital/ service des urgences	Lieu d'hébergement collectif	Autre milieu ou aucun milieu déclaré	Total
Victoria	0 (0,0 %)	7 (100 %)	2 (100 %)	6 (100 %)	15 (100 %)
C.3.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (50,0 %)	0 (0,0 %)	1 (6,7 %)
C.5.6	0 (0,0 %)	3 (42,9 %)	1 (50,0 %)	2 (33,3 %)	6 (40,0 %)
C.5.6.1	0 (0,0 %)	4 (57,1 %)	0 (0,0 %)	4 (66,7 %)	8 (53,3 %)
Total séquencé	0 (0,0 %)	7 (100 %)	2 (100 %)	6 (100 %)	15 (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 indéfinis (à l'exclusion des hôpitaux). Le sous-clade génétique de l'influenza B inclus dans le vaccin antigrippal de la saison 2025-2026 est le sous-clade C (clade 3a.2) de la lignée Victoria⁴.

Tableau 6a : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A séquencés selon la caractérisation génétique et la région, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	Nord	Est	Centre-Est	Toronto	Sud-Ouest	Centre-Ouest	Total
H1N1pdm09	1 (12,5 %)	8 (18,6 %)	22 (26,5 %)	13 (24,1 %)	13 (13,8 %)	29 (29,9 %)	86 (22,7 %)
C.1.9.3	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (1,2 %)	1 (1,9 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	2 (0,5 %)
D.3.1	1 (12,5 %)	0 (0,0 %)	5 (6,0 %)	0 (0,0 %)	5 (5,3 %)	6 (6,2 %)	17 (4,5 %)
D.3.1.1	0 (0,0 %)	8 (18,6 %)	16 (19,3 %)	12 (22,2 %)	8 (8,5 %)	23 (23,7 %)	67 (17,7 %)
H3N2	7 (87,5 %)	35 (81,4 %)	61 (73,5 %)	41 (75,9 %)	81 (86,2 %)	68 (70,1 %)	293 (77,3 %)
J.2.3	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (1,0 %)	1 (0,3 %)
J.2.4	0 (0,0 %)	4 (9,3 %)	11 (13,3 %)	7 (13,0 %)	2 (2,1 %)	17 (17,5 %)	41 (10,8 %)
K	7 (87,5 %)	31 (72,1 %)	50 (60,2 %)	34 (63,0 %)	79 (84,0 %)	50 (51,5 %)	251 (66,2 %)
Total séquencé	8 (100 %)	43 (100 %)	83 (100 %)	54 (100 %)	94 (100 %)	97 (100 %)	379 (100 %)

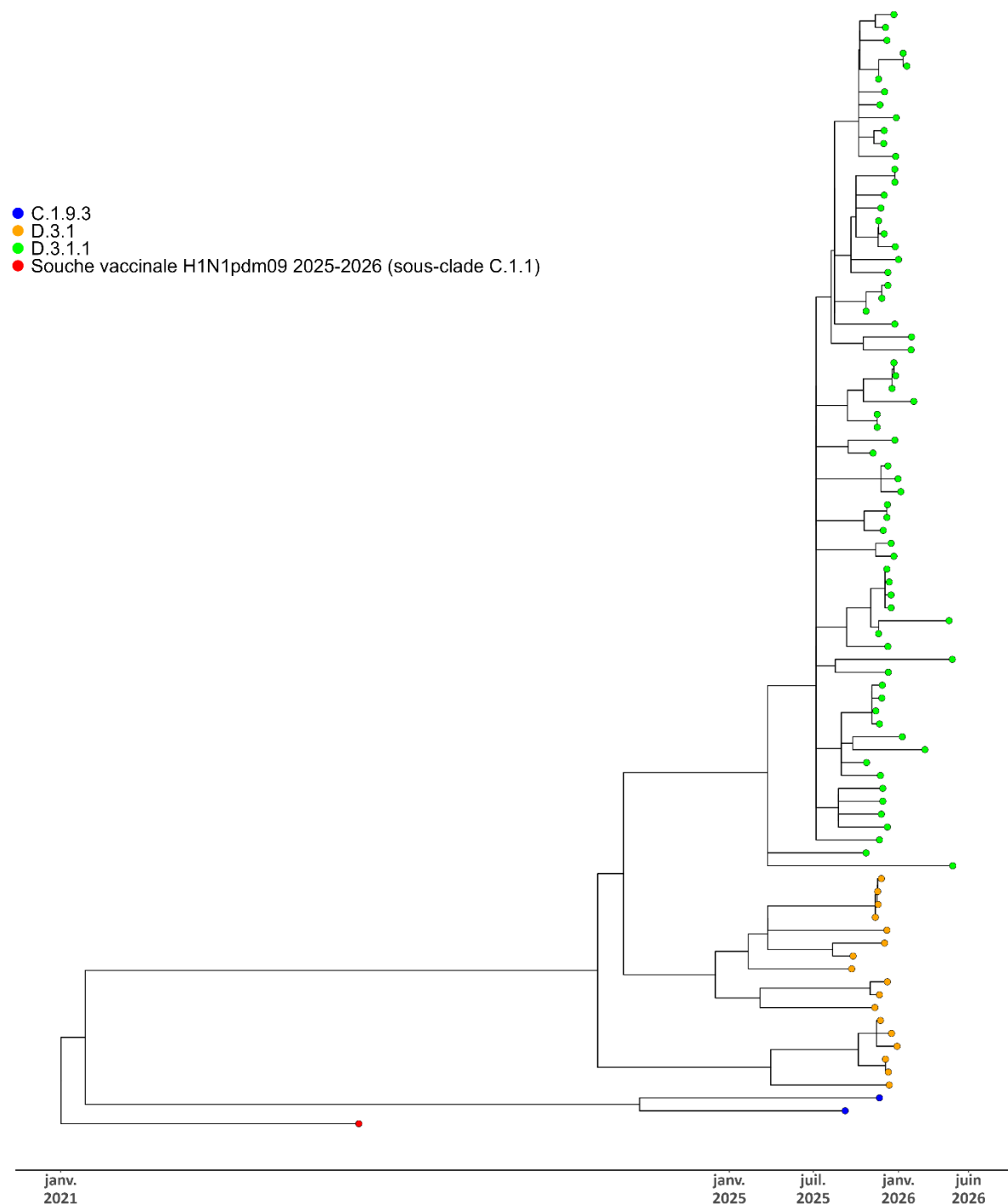
Remarque : La région a été attribuée selon l'adresse du patient lorsqu'elle était disponible. Si l'adresse était manquante, la région a été attribuée selon l'adresse de l'établissement qui a soumis l'information. Pour savoir quels bureaux de santé publique sont inclus dans chaque région, voir la section Notes techniques. Les sous-clades génétiques de l'influenza A inclus dans le vaccin antigrippal de la saison 2025-2026 sont le sous-clade C.1.1 (clade 5a.2a.1) de l'influenza A/H1N1pdm09 et le sous-clade J.2 (clade 2a.3a.1) de l'influenza A/H3N2⁴.

Tableau 6b : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B séquencés selon la caractérisation génétique et la région, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	Nord	Est	Centre-Est	Toronto	Sud-Ouest	Centre-Ouest	Total
Victoria	5 (100 %)	1 (100 %)	4 (100 %)	1 (100 %)	4 (100 %)	0 (0,0 %)	15 (100 %)
C.3.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (25,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (6,7 %)
C.5.6	0 (0,0 %)	1 (100 %)	2 (50,0 %)	1 (100 %)	2 (50,0 %)	0 (0,0 %)	6 (40,0 %)
C.5.6.1	5 (100 %)	0 (0,0 %)	1 (25,0 %)	0 (0,0 %)	2 (50,0 %)	0 (0,0 %)	8 (53,3 %)
Total séquencé	5 (100 %)	1 (100 %)	4 (100 %)	1 (100 %)	4 (100 %)	0 (0,0 %)	15 (100 %)

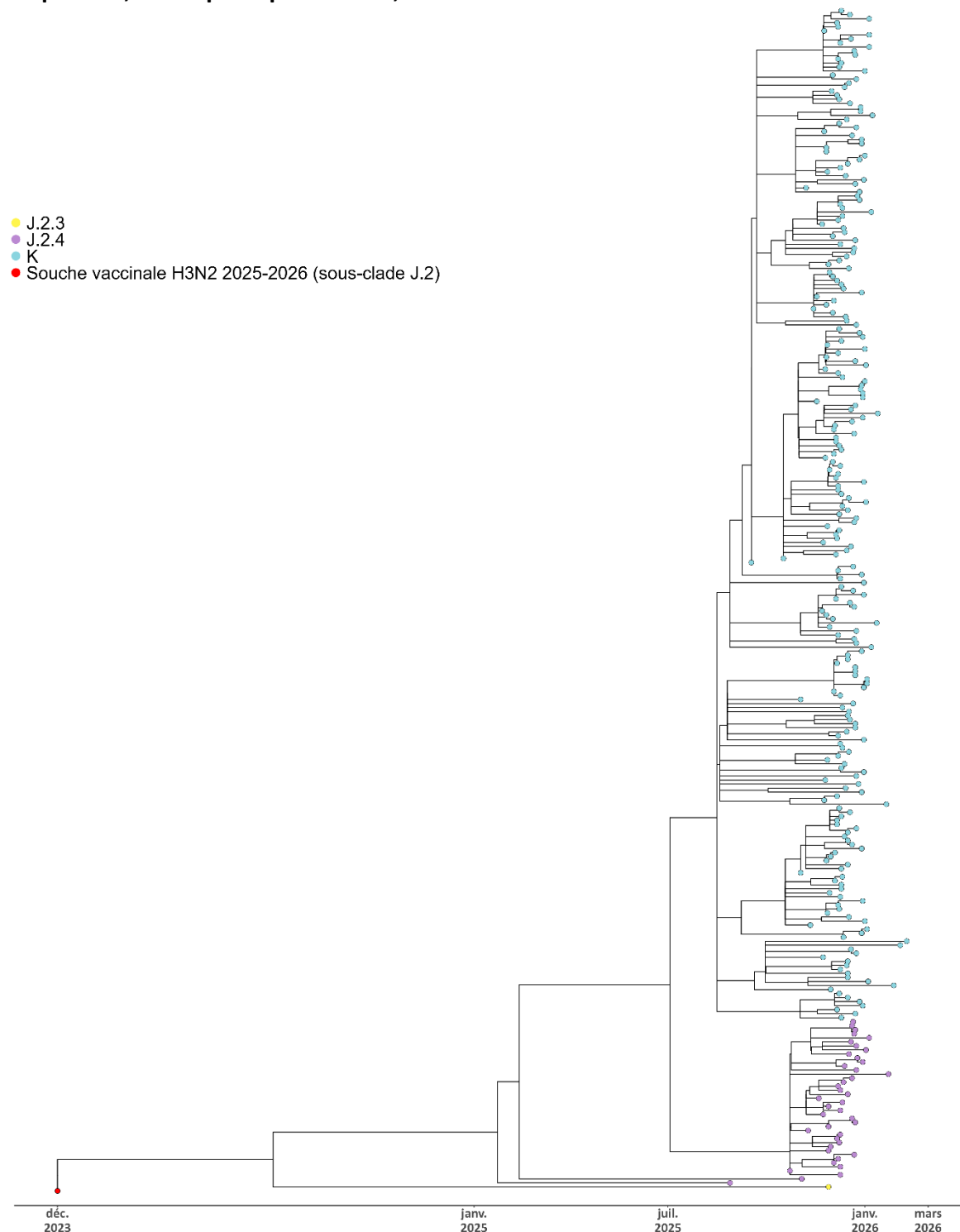
Remarque : La région a été attribuée selon l'adresse du patient lorsqu'elle était disponible. Si l'adresse était manquante, la région a été attribuée selon l'adresse de l'établissement qui a soumis l'information. Pour savoir quels bureaux de santé publique sont inclus dans chaque région, voir la section Notes techniques. Le sous-clade génétique de l'influenza B inclus dans le vaccin antigrippal de la saison 2025-2026 est le sous-clade C (clade 3a.2) de la lignée Victoria⁴.

Figure 3a : Arbre phylogénétique daté des échantillons positifs à l'influenza A/H1N1pdm09 séquencés, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026



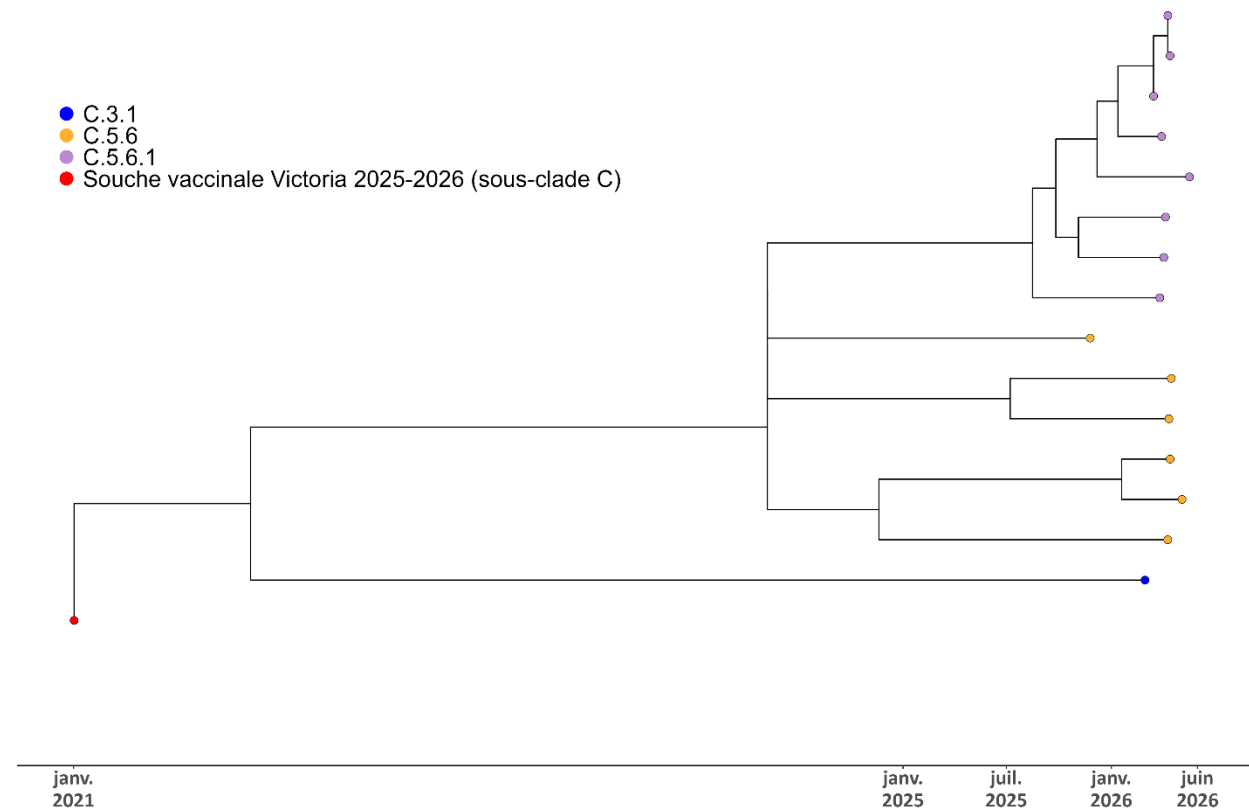
Remarque : Les séquences du gène HA de l'influenza (qui code la protéine de surface du virus) ont été analysées et sont présentées dans l'arbre phylogénétique daté. Chaque cercle (extrémité) représente un échantillon, et la couleur indique son sous-clade de l'influenza A/H1N1pdm09. Les branches (lignes horizontales) sont proportionnelles au temps et représentent les liens évolutifs inférés entre les virus, les nœuds internes indiquant le temps estimé jusqu'à un ancêtre commun et les extrémités représentant les descendants. L'axe des x représente le temps et correspond approximativement à la date de prélèvement de l'échantillon. La souche vaccinale de référence 2025-2026, le virus de type A/Wisconsin/67/2022 (H1N1)pdm09 (EPI_ISL_15928563), est indiquée en rouge.

Figure 3b : Arbre phylogénétique daté des échantillons positifs à l'influenza A/H3N2 séquencés, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026



Remarque : Les séquences du gène HA de l'influenza (qui code la protéine de surface du virus) ont été analysées et sont présentées dans l'arbre phylogénétique daté. Chaque cercle (extrémité) représente un échantillon, et la couleur indique son sous-clade de l'influenza A/H3N2. Les branches (lignes horizontales) sont proportionnelles au temps et représentent les liens évolutifs inférés entre les virus, les nœuds internes indiquant le temps estimé jusqu'à un ancêtre commun et les extrémités représentant les descendants. La souche vaccinale de référence 2025-2026, le virus de type A/District_Of_Columbia/27/2023 (H3N2) (EPI_ISL_18937823), est indiquée en rouge.

Figure 3c : Arbre phylogénétique daté des échantillons positifs à l'influenza B séquencés, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026



Remarque : Les séquences du gène HA de l'influenza (qui code la protéine de surface du virus) ont été analysées et sont présentées dans l'arbre phylogénétique daté. Chaque cercle (extrémité) représente un échantillon, et la couleur indique son sous-clade de l'influenza B. Les branches (lignes horizontales) sont proportionnelles au temps et représentent les liens évolutifs inférés entre les virus, les nœuds internes indiquant le temps estimé jusqu'à un ancêtre commun et les extrémités représentant les descendants. La souche vaccinale de référence 2025-2026, le virus de type B/Austria/1359417/2021 (lignée B/Victoria) (EPI_ISL_1519459), est indiquée en rouge.

Tableau 7a : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A/H1N1pdm09 séquencés présentant des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques, selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	Site antigénique Ca de HA	Site antigénique Cb de HA	Site antigénique Sa de HA	Site antigénique Sb de HA	Total
H1N1pdm09	80,2 % (69/86)	1,2 % (1/86)	3,5 % (3/86)	0,0 % (0/86)	81,4 % (70/86)
C.1.9.3	100 % (2/2)	50,0 % (1/2)	50,0 % (1/2)	0,0 % (0/2)	100 % (2/2)
D.3.1	0,0 % (0/17)	0,0 % (0/17)	5,9 % (1/17)	0,0 % (0/17)	5,9 % (1/17)
D.3.1.1	100 % (67/67)	0,0 % (0/67)	1,5 % (1/67)	0,0 % (0/67)	100 % (67/67)
Total séquencé	80,2 % (69/86)	1,2 % (1/86)	3,5 % (3/86)	0,0 % (0/86)	81,4 % (70/86)

Remarque : L'effet des substitutions relevées sur les sites antigéniques sur l'immunité induite par le vaccin est inconnu. Ces données sont de nature exploratoire; elles doivent être interprétées avec prudence. Elles ne doivent pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques ni pour déduire une incidence sur l'immunité induite par le vaccin. Voir la section Notes techniques pour en savoir plus. Des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques ont été identifiées relativement à la souche incluse dans le vaccin antigrippal de la saison 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, 142, 166, 169 et 205 de la protéine hémagglutinine (HA). Le site antigénique Cb comprend une substitution à la position 69 de la protéine hémagglutinine (HA). Le site antigénique Sa comprend des substitutions aux positions 121 et 155 de la protéine HA. Aucune substitution n'a été observée au site antigénique Sb.

Tableau 7b : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A/H3N2 séquencés présentant des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques, selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

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 % (293/293)	100 % (293/293)	1,4 % (4/293)	86,7 % (254/293)	3,4 % (10/293)	100 % (293/293)
J.2.3	100 % (1/1)	100 % (1/1)	0,0 % (0/1)	0,0 % (0/1)	0,0 % (0/1)	100 % (1/1)
J.2.4	100 % (41/41)	100 % (41/41)	0,0 % (0/41)	7,3 % (3/41)	4,9 % (2/41)	100 % (41/41)
K	100 % (251/251)	100 % (251/251)	1,6 % (4/251)	100 % (251/251)	3,2 % (8/251)	100 % (251/251)
Total séquencé	100 % (293/293)	100 % (293/293)	1,4 % (4/293)	86,7 % (254/293)	3,4 % (10/293)	100 % (293/293)

Remarque : L'effet des substitutions relevées sur les sites antigéniques sur l'immunité induite par le vaccin est inconnu. Ces données sont de nature exploratoire; elles doivent être interprétées avec prudence. Elles ne doivent pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques. Voir la section Notes techniques pour en savoir plus. Des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques ont été identifiées relativement à la souche incluse dans le vaccin antigrippal de la saison 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 133, 135, 144 et 145 de la protéine HA. Le site antigénique B comprend des substitutions aux positions 128, 156, 158, 160, 189, 198, 222, 227 et 229 de la protéine HA. Le site antigénique C comprend des substitutions aux positions 45, 51, 53 et 54 de la protéine HA. Le site antigénique D comprend des substitutions aux positions 96, 121, 171, 173, 182, 208, 212, 214, 218 et 242 de la protéine HA. Le site antigénique E comprend des substitutions aux positions 57, 62, 82, 83, 88, 92, 94 et 260 de la protéine HA.

Tableau 7c : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B/Victoria séquencés présentant des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques, selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	boucle 120	boucle 150	boucle 160	hélice 190	Total
Victoria	100 % (15/15)	0,0 % (0/15)	0,0 % (0/15)	100 % (15/15)	100 % (15/15)
C.3.1	100 % (1/1)	0,0 % (0/1)	0,0 % (0/1)	100 % (1/1)	100 % (1/1)
C.5.6	100 % (6/6)	0,0 % (0/6)	0,0 % (0/6)	100 % (6/6)	100 % (6/6)
C.5.6.1	100 % (8/8)	0,0 % (0/8)	0,0 % (0/8)	100 % (8/8)	100 % (8/8)
Total séquencé	100 % (15/15)	0,0 % (0/15)	0,0 % (0/15)	100 % (15/15)	100 % (15/15)

Remarque : L'effet des substitutions relevées sur les sites antigéniques sur l'immunité induite par le vaccin est inconnu. Ces données sont de nature exploratoire; elles doivent être interprétées avec prudence. Elles ne doivent pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques. Voir la section Notes techniques pour en savoir plus. Des substitutions d'acides aminés sur des sites antigéniques ont été identifiées relativement à la souche incluse dans le vaccin antigrippal de la saison 2025-2026 (sous-clade C [clade 3a.2] de l'influenza B/Victoria)⁴. Les virus séquencés peuvent présenter des substitutions à plus d'une position à l'intérieur du site antigénique. Le site antigénique de la boucle 120 comprend des substitutions aux positions 128 et 129 de la protéine HA. Le site antigénique de l'hélice 190 comprend des substitutions aux positions 194, 195 et 196 de la protéine HA. Aucune substitution n'a été observée aux sites antigéniques de la boucle 150 et de la boucle 160.

Tableau 8 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A/H1N1pdm09 séquencés présentant la substitution d'acide aminé H275Y associée à la résistance à l'oseltamivir, selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	Substitution d'acide aminé H275Y
H1N1pdm09	1,2 % (1/86)
C.1.9.3	0,0 % (0/2)
D.3.1	0,0 % (0/17)
D.3.1.1	1,5 % (1/67)
Total séquencé	1,2 % (1/86)

Remarque : La substitution H275Y du gène NA du génome de l'influenza a été associée à la résistance à l'oseltamivir des virus de l'influenza A/H1N1pdm09⁹. Ces données sont de nature exploratoire; elles doivent être interprétées avec prudence. La résistance antivirale est déterminée en examinant des sites précis dont on a déjà établi qu'ils confèrent une résistance; elle ne tient pas compte de tous les mécanismes de résistance possibles. Ces données ne doivent pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques. Voir la section Notes techniques pour en savoir plus.

Tableau 9a : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A séquencés présentant la substitution d'acide aminé I38T associée à la résistance au baloxavir, selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	Substitution d'acide aminé I38T
H1N1pdm09	0,0 % (0/69)
C.1.9.3	0,0 % (0/2)
D.3.1	0,0 % (0/13)
D.3.1.1	0,0 % (0/54)
H3N2	0,0 % (0/278)
J.2.3	0,0 % (0/1)
J.2.4	0,0 % (0/39)
K	0,0 % (0/238)
Total séquencé	0,0 % (0/347)

Remarque : La substitution I38T du gène PA du génome de l'influenza A ou B a été associée à la résistance au baloxavir¹⁰. La qualité de séquence au gène PA n'était pas suffisante pour inclure toutes les séquences d'influenza du présent rapport dans l'analyse de la substitution I38T. Le nombre total de séquences incluses diffère donc de celui des autres tableaux et figures, qui repose sur le gène NA. Ces données sont de nature exploratoire; elles doivent être interprétées avec prudence. La résistance antivirale est déterminée en examinant des sites précis dont on a déjà établi qu'ils confèrent une résistance; elle ne tient pas compte de tous les mécanismes de résistance possibles. Ces données ne doivent pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques. Voir la section Notes techniques pour en savoir plus.

Tableau 9b : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B séquencés présentant la substitution d'acide aminé I38T associée à la résistance au baloxavir, selon la caractérisation génétique, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	Substitution d'acide aminé I38T
Victoria	0,0 % (0/13)
C.3.1	0,0 % (0/1)
C.5.6	0,0 % (0/6)
C.5.6.1	0,0 % (0/6)
Total séquencé	0,0 % (0/13)

Remarque : La substitution I38T du gène PA du génome de l'influenza A ou B a été associée à la résistance au baloxavir¹⁰. La qualité de séquence au gène PA n'était pas suffisante pour inclure toutes les séquences d'influenza du présent rapport dans l'analyse de la substitution I38T. Le nombre total de séquences incluses diffère donc de celui des autres tableaux et figures, qui repose sur le gène NA. Ces données sont de nature exploratoire; elles doivent être interprétées avec prudence. La résistance antivirale est déterminée en examinant des sites précis dont on a déjà établi qu'ils confèrent une résistance; elle ne tient pas compte de tous les mécanismes de résistance possibles. Ces données ne doivent pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques. Voir la section Notes techniques pour en savoir plus.

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 26 mai 2026 à 17 h environ.
- Le traitement bioinformatique des données a été effectué par le Centre de bioinformatique le 23 juin 2026 à 12 h environ.

Stratégie de séquençage du génome entier de l'influenza

- La saison grippale 2025-2026 a commencé le 24 août 2025.
- Un échantillon aléatoire de 399 échantillons admissibles prélevés du 16 novembre 2025 au 23 mai 2026 a été sélectionné pour le séquençage du génome entier. De ce nombre, 373 ont été séquencés avec succès, ce qui représente 3,7 % des échantillons positifs à l'influenza à SPO. Un sous-échantillonnage aléatoire de 3,7 % des échantillons a également été effectué pour le début de la saison (du 24 août au 15 novembre 2025). Au total, 394 échantillons ont été inclus dans le présent rapport.
- Les échantillons étaient admissibles au séquençage du génome entier s'ils présentaient une valeur $Ct \leq 27$ pour l'influenza, un volume restant suffisant et un résultat de PCR positif uniquement pour l'influenza A ou l'influenza B (aucune coinfection). De plus, seul le premier échantillon d'une éclosion était admissible au séquençage du génome entier, et les échantillons soumis au nom du Réseau canadien de surveillance sentinelle (RCSS) ont été exclus.
- Seuls les échantillons prélevés dans les voies respiratoires supérieures (p. ex., écouvillons nasopharyngés ou pharyngés) ont été inclus.
- La caractérisation génétique des échantillons a été réalisée par séquençage du génome entier 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)¹¹⁻¹⁹. Le clade et le sous-clade ont été attribués à l'aide de Nextclade (3.18.0) et du jeu de données Nextclade (2026-04-14—11-55-23Z)²⁰⁻²¹. L'arbre phylogénétique daté a été créé à l'aide de IQ-TREE 3 et de TreeTime²²⁻²³. L'arbre phylogénétique de probabilité maximale a été généré à partir des séquences du gène HA de l'influenza à l'aide de IQ-TREE 3 avec le modèle GTR (modèle général réversible dans le temps, à taux inégaux et à fréquences de bases inégales) et 100 répliques bootstrap²⁴. L'arbre a été enraciné sur la souche vaccinale et daté au moyen d'un taux d'horloge de 3×10^{-3} substitution/site/année pour l'influenza A/H1N1pdm09 et l'influenza B, et de $5,88 \times 10^{-3}$ substitution/site/année pour l'influenza A/H3N2, le filtrage d'horloge étant désactivé.

Algorithme de dépistage des virus respiratoires

- L'algorithme de dépistage des virus respiratoires des laboratoires de SPO est fondé sur le milieu où se trouve le patient.
- Le test PCR multiplex des virus respiratoires (MRVP) est proposé aux personnes suivantes ayant des symptômes respiratoires :
 - 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 immunosupprimés;
 - 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 sont admissibles; les patients suivants font l'objet d'un test FLUVID.
- Le test FLUVID est proposé aux personnes suivantes ayant des symptômes respiratoires :
 - 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 personnes qui habitent dans un lieu d'hébergement collectif où il y a une éclosion, au-delà des quatre premiers échantillons soumis au 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 faisant partie du Réseau canadien de surveillance sentinelle (RCSS)¹⁹ sont soumises au test PCR multiplex des virus respiratoires et sont exemptées des restrictions relatives aux analyses de laboratoire.

Méthodes de dépistage des virus respiratoires

- Le dépistage de l'influenza à SPO est effectué au moyen de ce qui suit :
 - Un test PCR multiplex des virus respiratoires (MRVP) mis au point 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 se trouvent dans des protéines qui interviennent dans l'entrée et la libération des particules virales dans les cellules hôtes (les protéines hémagglutinine [HA] et neuraminidase [NA]). Les anticorps qui se lient à des régions précises de ces protéines peuvent déclencher la reconnaissance du virus par les cellules hôtes infectées²⁵.

- 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 des réponses immunitaires et au moyen d'analyses du génome viral fondées sur les séquences. La similarité des séquences génétiques peut servir à déterminer le degré de parenté entre les souches d'influenza 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. L'incidence possible des mutations identifiées sur l'immunité induite par le vaccin ou sur la réponse antivirale est inconnue. Ces données ne doivent pas être utilisées pour éclairer directement les décisions cliniques.

Résistance antivirale

- La résistance antivirale a été établie par l'examen de données génomiques pour des marqueurs moléculaires de la résistance plutôt qu'au moyen de tests de sensibilité.
- La mutation H275Y du gène de la neuraminidase est considérée comme une substitution d'acide aminé pertinente sur le plan clinique qui est associée à la résistance à l'oseltamivir des virus de l'influenza A/H1N1pdm09⁹. L'effet des autres substitutions de ce gène (y compris celles des virus H3N2) sur la résistance à l'oseltamivir est mal décrit.
- La mutation I38T du gène de la polymérase acide (PA) est considérée comme une substitution d'acide aminé pertinente sur le plan clinique qui est associée à la résistance au baloxavir des virus de l'influenza A et de l'influenza B¹⁰. L'effet des autres substitutions de ce gène sur la résistance au baloxavir est mal décrit.

Mises en garde concernant les données

Le présent rapport est fondé sur des échantillons analysés à SPO et n'est pas nécessairement représentatif de l'Ontario dans son ensemble, car d'autres hôpitaux et laboratoires privés fournissent également des services de dépistage des agents pathogènes respiratoires. De plus, la sélection des échantillons aux fins de la caractérisation génétique ne représente pas nécessairement tous les milieux de soins de l'Ontario.

- Les échantillons disponibles pour le présent rapport représentaient 26 % de tous les échantillons positifs à l'influenza en Ontario au cours de cette période.
- SPO analyse davantage d'échantillons provenant de personnes de plus de 65 ans et de personnes qui habitent dans un lieu d'hébergement collectif. Les personnes âgées et celles qui habitent dans ces lieux d'hébergement 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'échantillon disponible, des critères de sélection des échantillons pour le séquençage du génome entier et de la possibilité de séquencer un échantillon avec succès. Ainsi, les proportions des sous-types H1N1pdm09 et H3N2 qui ont été séquencés pourraient ne pas correspondre à celles de l'Outil de surveillance des virus respiratoires en 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 date de l'échantillon a été attribuée en fonction de la date de prélèvement, lorsqu'elle était disponible, ou de la date d'entrée dans le système d'information des laboratoires de SPO si la date de prélèvement était manquante.
- L'âge a été attribué en fonction de la date de naissance fournie et de la date de l'échantillon (date de prélèvement, lorsqu'elle était disponible, ou date d'entrée dans le système d'information des laboratoires de SPO si la date de prélèvement était manquante).
- Il manque le milieu du patient pour environ 17 % des échantillons d'influenza.
- 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. Par conséquent, une petite proportion de personnes dont l'adresse était manquante sur la demande d'analyse pourrait être mal classée.

Les regroupements régionaux comprennent les bureaux de santé publique suivants :

- 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 Prince Edward, le Bureau de santé de Kingston, Frontenac, 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, Santé publique du Sud-Ouest et le Bureau de santé du comté de Windsor-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; 2026 [modifié le 17 juin 2026; cité le 27 juin 2026]. 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 27 juin 2026]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/-/media/Event-Presentations/25/10/respiratory-season-2025-26%20vaccines.pdf>
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 27 juin 2026]. 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; 2026 [modifié le 26 juin 2026; cité le 27 juin 2026]. 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; 2026 [modifié le 27 avril 2026; cité le 27 juin 2026]. 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 – Programme d'évaluation de l'efficacité des vaccins [Internet]. Toronto (ON) : Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2025 [mis à jour le 21 novembre 2025; cité le 27 juin 2026]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/fr/health-topics/immunization/spsn>
7. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Avian Influenza and Influenza A Subtyping – Real-time PCR [Internet]. Toronto (ON) : Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2026 [mis à jour le 26 juin 2026; cité le 27 juin 2026]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/fr/laboratory-services/test-information-index/avian-influenza-subtyping-rt-pcr>
8. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Outil de surveillance des virus respiratoires en Ontario [Internet]. Toronto (ON) : Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2026 [mis à jour le 2 janvier 2026; cité le 27 juin 2026]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/fr/data-and-analysis/infectious-disease/respiratory-virus-tool>
9. Organisation mondiale de la Santé (OMS). Laboratory methodologies for testing the antiviral susceptibility of influenza viruses: neuraminidase inhibitor (NAI) [Internet]. Genève : OMS; 2026 [cité le 27 juin 2026]. Disponible à : <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/laboratory-network/quality-assurance/antiviral-susceptibility-influenza/neuraminidase-inhibitor>

10. Organisation mondiale de la Santé (OMS). Laboratory methodologies for testing the antiviral susceptibility of influenza viruses: Polymerase acidic (PA) inhibitor, Baloxavir [Internet]. Genève : OMS; 2026 [cité le 27 juin 2026]. Disponible à : <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/laboratory-network/quality-assurance/antiviral-susceptibility-influenza/polymerase-acidic-protein-inhibitor>
11. 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>
12. Kruczkiewicz P. CFIA-NCFAD/nf-flu [logiciel]. Version 3.10.1. 2025 [mis à jour le 15 septembre 2025; cité le 27 juin 2026]. Disponible à : <https://github.com/CFIA-NCFAD/nf-flu/releases/tag/3.10.1>
13. Li H. Aligning sequence reads, clone sequences and assembly contigs with BWA-MEM. arXiv 1303.3997v2. 26 mai 2013 [cité le 27 juin 2026]. Disponible à : <https://doi.org/10.48550/arXiv.1303.3997>
14. 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>
15. Danecek P, Bonfield JK, Liddle J, Marshall J, Ohan V, Pollard MO, et coll. Bcftools [Internet]. Version 1.22. San Francisco (CA) : GitHub; 30 mai 2025 [cité le 27 juin 2026]. Disponible à : <https://github.com/samtools/bcftools/releases/tag/1.22>
16. Grubaugh ND, Gangavarapu K, Quick J, Matteson NL, Goes De Jesus J, Main BJ, et coll. 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>
17. 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)
18. 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)
19. Camacho C, Coulouris G, Avagyan V, Ma N, Papadopoulos J, Bealer K, et coll. BLAST+: architecture and applications. BMC Bioinformatics. 2009;10:421. Disponible à : <https://doi.org/10.1186/1471-2105-10-421>
20. Aksamentov I, Roemer C, Hodcroft EB, Neher RA. Nextclade [Internet]. Version 3.18.0. San Francisco (CA) : GitHub; 15 octobre 2025 [cité le 27 juin 2026]. Disponible à : <https://github.com/nextstrain/nextclade/releases/tag/3.18.0>
21. Jeu de données Nextclade [logiciel]. Version 2026-04-14—11-55-23Z. San Francisco (CA) : GitHub; 14 avril 2026 [cité le 27 juin 2026]. Disponible à : https://github.com/nextstrain/nextclade_data/releases/tag/2026-04-14--11-55-23Z
22. Wong TKF, Ly-Trong N, Ren H, Demotte P, Baños H, Roger AJ, et coll. IQ-TREE 3: phylogenomic inference software using complex evolutionary models. Mol Biol Evol. 2026;43(5):msag117. Disponible à : <https://doi.org/10.1093/molbev/msag117>
23. Sagulenko P, Puller V, Neher RA. TreeTime: Maximum-likelihood phylodynamic analysis. Virus Evol. 2018;4(1):vex042. Disponible à : <https://doi.org/10.1093/ve/vex042>
24. IQ-Tree. Substitution models [Internet]. San Francisco (CA) : GitHub; 16 mai 2026 [cité le 27 juin 2026]. Disponible à : <https://iqtree.github.io/doc/Substitution-Models>
25. 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>

26. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Weekly US influenza surveillance report: key updates for week 20, ending May 23, 2026 [Internet]. Atlanta (GA) : CDC; 2026 [modifié le 29 mai 2026; cité le 27 juin 2026]. Disponible à : <https://www.cdc.gov/fluview/surveillance/2026-week-20.html>
27. UK Health Security Agency. National flu and COVID-19 surveillance report: 21 May 2026 (Week 21) [Internet]. Londres : Crown copyright; 2026 [modifié le 18 juin 2026; cité le 27 juin 2026]. Disponible à : <https://www.gov.uk/government/statistics/national-flu-and-covid-19-surveillance-reports-2025-to-2026-season/national-flu-and-covid-19-surveillance-report-21-may-2026-week-21>

Annexe A : Nombre d'échantillons positifs à l'influenza A et B analysés à Santé publique Ontario selon le sous-type

Tableau A1 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A et B, nombre et pourcentage d'échantillons séquencés, selon le sous-type, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Sous-type	Nombre d'échantillons positifs (pourcentage)	Nombre d'échantillons séquencés (pourcentage)
Influenza A	6 810 (93,4 %)	379 (96,2 %)
H1N1pdm09	1 142 (15,7 %)	86 (21,8 %)
H3N2 saisonnier	5 668 (77,8 %)	293 (74,4 %)
Influenza B	478 (6,6 %)	15 (3,8 %)
Total des échantillons positifs	7 288 (100 %)*	394 (100 %)

Remarques : *Comprend les échantillons positifs à la fois au H1N1pdm09 et au H3N2 saisonnier (n = 2). Exclut 3 333 échantillons positifs de sous-type inconnu (échantillons dont le sous-type n'a pas pu être établi ou qui n'ont pas été sous-typés). Le « nombre d'échantillons positifs » comprend les échantillons positifs initialement testés à SPO ou les échantillons positifs initialement testés par d'autres laboratoires et envoyés à SPO pour l'établissement du sous-type par PCR. Le « nombre d'échantillons séquencés » comprend les échantillons positifs sélectionnés aléatoirement pour le séquençage du génome entier et inclus dans le présent rapport.

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

Tableau B1 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza A séquencés selon la caractérisation génétique et le territoire, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	Ontario (24 août – 23 mai)	Canada (1 ^{er} septembre – 23 mai)	États-Unis (28 septembre – 23 mai)	Royaume-Uni (29 septembre – 17 mai)
H1N1pdm09	86 (22,7 %)	380 (22,0 %)	945 (27,3 %)	277 (14,6 %)
C.1.9.3	2 (0,5 %)	5 (0,3 %)	3 (0,9 %)	3 (0,2 %)
D.3.1	17 (4,5 %)	138 (8,0 %)	256 (7,4 %)	6 (0,3 %)
D.3.1.1	67 (17,7 %)	237 (13,7 %)	686 (19,8 %)	268 (14,2 %)
H3N2	293 (77,3 %)	1 351 (78,0 %)	2 513 (72,7 %)	1 616 (85,4 %)
J.2	0 (0,0 %)	7 (0,4 %)	6 (0,2 %)	12 (0,6 %)
J.2.2	0 (0,0 %)	32 (1,8 %)	5 (0,1 %)	3 (0,2 %)
J.2.3	1 (0,3 %)	14 (0,8 %)	77 (2,2 %)	6 (0,3 %)
J.2.4	41 (10,8 %)	79 (4,6 %)	91 (2,6 %)	16 (0,8 %)
J.2.5	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	6 (0,3 %)
K	251 (66,2 %)	1 219 (70,4 %)	2 334 (67,5 %)	1 573 (83,1 %)
Total séquencé	379 (100 %)	1 731 (100 %)	3 458 (100 %)	1 893 (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 (tableau 2a), Agence de la santé publique du Canada⁴, Centers for Disease Control and Prevention²⁶, UK Health Security Agency²⁷.

Tableau B2 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs à l'influenza B séquencés selon la caractérisation génétique et le territoire, du 24 août 2025 au 23 mai 2026

Caractérisation génétique	Ontario (24 août – 23 mai)	Canada (1 ^{er} septembre – 23 mai)	États-Unis (28 septembre – 23 mai)	Royaume-Uni (29 septembre – 17 mai)
Victoria	15 (100 %)	598 (100 %)	1 162 (100 %)	53 (100 %)
C.3	0 (0,0 %)	9 (1,5 %)	5 (0,4 %)	1 (1,9 %)
C.3.1	1 (6,7 %)	67 (11,2 %)	804 (69,2 %)	14 (26,4 %)
C.3.3	0 (0,0 %)	9 (1,5 %)	18 (1,5 %)	0 (0,0 %)
C.5	0 (0,0 %)	1 (0,2 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)
C.5.1	0 (0,0 %)	154 (25,8 %)	44 (3,8 %)	6 (11,3 %)
C.5.6	6 (40,0 %)	93 (15,6 %)	36 (3,1 %)	18 (34,0 %)
C.5.6.1	8 (53,3 %)	256 (42,8 %)	209 (18,0 %)	13 (24,5 %)
C.5.7	0 (0,0 %)	9 (1,5 %)	46 (4,0 %)	1 (1,9 %)
Total séquencé	15 (100 %)	598 (100 %)	1 162 (100 %)	53 (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 (tableau 2b), Agence de la santé publique du Canada⁴, Centers for Disease Control and Prevention²⁶, UK Health Security Agency²⁷.

Modèle proposé pour citer le document

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

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.