

RÉSUMÉ DES DONNÉES PROBANTES

Évaluation du risque posé par l'hénipavirus Langya (LayV) en Ontario

Date de publication: 24 août 2022

Messages clés

- L'hénipavirus Langya (LayV) est un virus nouvellement identifié du genre *Henipavirus* (de la famille des *Paramyxoviridae*). Les chercheurs ont détecté le LayV au moyen de la surveillance sentinelle des maladies fébriles aiguës dans les provinces de Henan et de Shandong dans l'Est de la Chine entre 2018 et 2021.
- Les chercheurs ont signalé 35 infections aiguës au LayV chez des humains, ainsi que des cas chez des rongeurs, des musaraignes, des chèvres et des chiens. D'après les données probantes limitées disponibles jusqu'ici, le LayV serait probablement un pathogène zoonotique transmis par les musaraignes à dents blanches (espèce *Crocidura*). Les données actuelles semblent indiquer que la transmission interhumaine est peu probable. De plus amples recherches sont nécessaires pour confirmer les modes et les voies de transmission potentiels du LayV.
- À la suite d'examens exhaustifs, 26 patients parmi les 35 cas d'infections aiguës au LayV n'affichaient aucune étiologie de co-infection et manifestaient des signes de maladie s'apparentant à une grippe fébrile, accompagnée de fatigue, de toux, de myalgie et de symptômes gastro-intestinaux. De ces 26 patients, 14 ont dû être hospitalisés.
- Aucun cas n'a été signalé en Ontario ni en dehors de l'Est de la Chine jusqu'ici. Compte tenu de la répartition actuellement connue du LayV et des constatations cliniques à ce jour, le risque d'importation, de transmission (interhumaine ou zoonotique) et de maladie grave en Ontario est faible, à un haut degré d'incertitude. Le risque pour les Ontariennes et Ontariens de contracter une infection au LayV après avoir voyagé dans l'Est de la Chine est également faible, à un haut degré d'incertitude. Étant donné la découverte récente du virus, les laboratoires cliniques n'ont pas encore mis au point de test de dépistage propre au LayV; les répercussions sur les analyses en laboratoire sont donc modérées, à un degré modéré d'incertitude. L'évaluation du risque global pourrait changer à mesure que de nouveaux renseignements sont mis au jour.
- La découverte de l'infection au LayV chez des humains et d'autres animaux fait ressortir l'importance de la surveillance des agents zoonotiques à l'échelle mondiale afin de prévenir l'exposition à des animaux hôtes infectés, l'importation d'animaux hôtes infectés dans de nouvelles régions ainsi que l'augmentation du fardeau global des maladies au sein de la population.

Enjeu et question de recherche

L'hénipavirus Langya (LayV) est un virus nouvellement identifié provenant de l'Est de la Chine ayant infecté des humains et d'autres animaux.¹ Jusqu'ici, aucun cas de transmission interhumaine n'a été signalé, mais notre compréhension actuelle de l'épidémiologie et du risque de transmission du LayV est limitée en raison de la nouveauté de cette découverte et de la rareté des cas déclarés.

Le présent résumé fournit un aperçu des renseignements et des données probantes disponibles concernant le risque que pose le LayV sur la santé de la population de l'Ontario.

Méthodologie

Santé publique Ontario (SPO) a effectué une recherche rapide de la littérature primaire et des prépublications sur le LayV à l'aide de la base de données MEDLINE le 19 août 2022 (stratégie de recherche disponible sur demande). Les prépublications sont des rapports de recherche qui n'ont pas encore fait l'objet d'une révision par des pairs, mais qui ont été rendus publics afin de fournir les données les plus à jour à propos d'un enjeu émergent tel que le LayV. Les documents révisés par des pairs et prépubliés en anglais qui décrivaient le LayV ont été inclus s'ils avaient été repérés.

Le présent résumé s'attardera principalement aux renseignements fournis par Zhang et coll. (2022), appuyés par la documentation sur les hénipavirus à titre de contexte.²

Évaluation du risque pour l'Ontario

Compte tenu de la répartition actuellement connue du LayV (limitée aux provinces de Henan et de Shandong en Chine avec un faible nombre de cas) et des résultats cliniques jusqu'ici, le risque d'importation, de transmission (interhumaine ou zoonotique) et de maladie grave en Ontario est faible, à un haut degré d'incertitude. Le risque pour les Ontariennes et Ontariens de contracter une infection au LayV après avoir voyagé dans l'Est de la Chine est également faible, à un haut degré d'incertitude. Étant donné la découverte récente du virus, les laboratoires cliniques n'ont pas encore mis au point de test de dépistage propre au LayV; les répercussions sur les analyses en laboratoire sont donc modérées, à un degré modéré d'incertitude. L'évaluation du risque global pourrait changer à mesure que de nouveaux renseignements sont mis au jour (voir le [Tableau 1](#)).

Tableau 1. Évaluation du risque posé par le virus Langya en Ontario

Enjeux propres à l'Ontario	Niveau de risque	Degré d'incertitude
Importation dans la province	Faible	Haut
Transmission au sein de la province	Faible	Haut
Cas de maladie grave	Faible	Haut
Infection à la suite d'un voyage dans l'Est de la Chine	Faible	Haut
Impact sur les analyses diagnostiques en laboratoire	Modéré	Modéré

Hénipavirus

L'hénipavirus Langya (LayV) est un virus nouvellement identifié du genre *Henipavirus* de la famille des *Paramyxoviridae*.² Les autres hénipavirus incluent l'hénipavirus Cedar (CedV), l'hénipavirus de la chauve-souris ghanéenne (GhV), l'hénipavirus Hendra (HeV), l'hénipavirus Nipah (NiV), l'hénipavirus Mojiang (MojV), ainsi que les espèces provisoires nouvellement décrites, soit l'hénipavirus Angavokely (AngV), l'hénipavirus Daeryong (DARV), l'hénipavirus Denwin (DewV), l'hénipavirus Gamak (GAKV) et l'hénipavirus Melian (MeliV).³⁻⁶ HeV et NiV étaient les seuls hénipavirus connus jusqu'ici comme causant des maladies chez les humains.

Les hôtes réservoirs du CedV (Australie), du HeV (Australie et Asie du Sud-Est), du GhV (Ghana), du NiV (Asie du Sud et du Sud-Est) et du AngV (Madagascar) sont les roussettes ou renards volants (esp. *Pteropus*).^{3-5,7-9} L'hôte du MojV (Chine) est le rat à poitrine jaune (*Rattus flavipectus*), tandis que les hôtes du DARV (Corée du Sud), du DewV (Belgique), du GAKV (Corée du Sud) et du MeliV (Guinée) sont les musaraignes à dents blanches (esp. *Crocidura*).^{3,6,10} Le HeV infecte les humains par contact direct avec les tissus ou liquides organiques de chevaux contaminés (ces derniers étant infectés par la salive, les excréments ou l'urine de chauve-souris).^{8,11} Le NiV infecte principalement les humains par contact direct avec des chauve-souris, des cochons ou tissus de cochon contaminés (les cochons étant infectés par les excréments de chauve-souris) ou des fruits ou de la sève de dattier contaminés (sève contaminée par des excréments de chauve-souris).¹¹ La transmission interhumaine du NiV peut survenir par contact étroit, par gouttelettes respiratoires, par l'urine ou par le sang; on ne connaît pas le mode de transmission interhumaine du HeV.¹¹

La période d'incubation du HeV et du NiV se situe en général entre 5 et 16 jours, causant une maladie s'apparentant à la grippe accompagnée de fièvre, de toux, de myalgie, de céphalée et d'étourdissements.⁴ L'infection peut aussi causer une encéphalite, occasionnant de la confusion, des convulsions, des réflexes anormaux et un coma. Parmi les sept cas connus d'infection humaine au HeV, quatre sont morts.^{4,7,8} Le taux de mortalité des infections au NiV se situe entre 40 % et 70 % ou plus.

Hénipavirus Langya

Découverte et épidémiologie

Une équipe de chercheurs (Zhang et coll. 2022) a mis sur pied un programme de surveillance des infections zoonotiques dans trois hôpitaux sentinelles de l'Est de la Chine ciblant les patients fébriles ayant été exposés à des animaux (au cours du mois précédant l'apparition des symptômes) entre avril 2018 et août 2021.² Deux des hôpitaux sentinelles étaient situés dans la ville de Xinyang (province de Henan), et le troisième, dans la ville de Qingdao (province de Shandong). L'équipe a analysé les échantillons prélevés dans la gorge des patients de l'étude à l'aide d'un séquençage métagénomique afin de détecter les pathogènes (limités à ceux du patient de référence et de cinq musaraignes).

En décembre 2018, l'analyse métagénomique de l'échantillon prélevé dans la gorge d'une fermière de 53 ans présentant un état fébrile à l'hôpital sentinelle de Qingdao a révélé la présence d'un nouveau virus, nommé *Langya henipavirus*.² À la suite de cette découverte, les chercheurs ont mis au point une technique de transcription inverse suivie de réaction en chaîne de la polymérase (RT-PCR), un test en

culture cellulaire et une épreuve d'immunofluorescence indirecte (IFA) de détection des anticorps IgG ciblant le LayV. Entre avril 2018 et août 2021, 34 patients supplémentaires ont été identifiés comme étant atteints d'une infection aiguë au LayV sur la base de prélèvements pharyngés et sanguins (définition de cas non décrite). Tous les prélèvements (sérum, sang total, pharynx) ont aussi fait l'objet de tests PCR et sérologiques afin de détecter d'autres agents zoonotiques et pathogènes respiratoires, et on a constaté une co-infection chez neuf patients (avec le virus de l'influenza chez un patient, avec des hantavirus chez deux patients et le bandavirus Dabie chez six patients).

Parmi les 26 patients atteints d'une infection aiguë au LayV sans autres étiologies infectieuses identifiées, la plupart étaient des femmes (62 %, 16/26) et étaient âgées de 60 ans ou plus (54 %, 14/26) (âge médian : 60,5 ans; fourchette : 9-84 ans).² L'occupation la plus souvent citée était l'agriculture (85 %, 22/26), suivie du travail en usine (12 %, 3/26) et des études (4 %, 1/26). Parmi ces 26 cas, 14 provenaient de la province de Shandong, et 12, de la province de Henan.

Les auteurs n'ont pas indiqué quel type d'agriculture (p. ex., élevage de bétail, ferme laitière, vergers, cultures de céréales) ou de travail en usine était pratiqué par les patients. On ne sait pas si certains types de travail agricole précis augmentent le risque d'infection au LayV. Il serait utile de comprendre les risques précis afin de mettre en place des mesures de prévention. Compte tenu de la zone géographique visée par la surveillance sentinelle, on ne sait pas si le LayV est présent dans d'autres régions.

Génome et phylogénétique

L'hénipavirus Langya, comme les autres hénipavirus, est un virus à ARN enveloppé monocaténaire de polarité négative. La structure génomique du LayV est similaire aux autres hénipavirus décrits et comporte 18 402 nucléotides.² Le génome *Henipavirus* exprime six protéines structurales (extrémité C-terminale vers N-terminale ou sens 5' vers 3') : nucléocapside (N), phosphoprotéine (P), protéine matricielle (M), glycoprotéine de surface (G), protéine de fusion (F) et ARN polymérase ARN-dépendante virale large (L).⁷

S'appuyant sur l'analyse phylogénétique de ces six protéines structurales, Zhang et coll. (2022) ont montré que le MojV (un autre *Henipavirus* ayant un rongeur comme réservoir) était celui qui ressemblait le plus au LayV.² On a également relevé trois sites polymorphiques communs (aux positions nucléotidiques 13521, 13574 et 13643) pour la séquence du gène *L*, bien qu'il n'y ait pas de description de la répartition spatio-temporelle de ces haplotypes et de leur impact potentiel sur la gravité de la maladie.

Réservoirs et transmission

Afin de déterminer les animaux pouvant être des hôtes du LayV, Zhang et coll. (2022) ont effectué des tests sur des animaux domestiques (chèvres, chiens, cochons, bovins; n=459) dans les villages où résidaient les patients infectés, ainsi que sur 25 espèces de rongeurs et musaraignes sauvages (n=3 380).² Le sérum des animaux domestiques a fait l'objet d'épreuves d'immunofluorescence indirecte (IFA) de détection des anticorps IgG du LayV. On a détecté une séropositivité IgG chez une petite proportion des chèvres (1,8 %, 3/168) et des chiens (5,1 %, 4/79) domestiques. Les bovins (n=100) et les cochons (n=112) domestiques étaient séronégatifs pour l'IgG du LayV. Les prélèvements sur les rongeurs et musaraignes sauvages (tissu, contenu de l'intestin, urine) ont fait l'objet de tests RT-PCR. Les auteurs n'indiquent pas les raisons pour lesquelles les animaux hôtes sauvages et domestiques ont fait l'objet de tests différents. Une proportion de 27 % (71/262) des musaraignes de l'échantillon (musaraignes à dents blanches Ussuri, *Crocidura lasiura*; petites musaraignes à dents blanches asiatiques, *Crocidura shantungensis*) a obtenu un résultat positif au test RT-PCR. Les autres rongeurs ayant obtenu un résultat positif pour le LayV au test RT-PCR étaient le campagnol à dos roux boréal (*Myodes rutilus*) (1,3 %, 1/79),

le mulot (*Apodemus agrarius*) (0,6 %, 3/462) et la souris commune (*Mus musculus*) (0,5 %, 4/782). La prévalence relativement élevée d'ARN du LayV détecté chez les musaraignes comparativement aux autres petits rongeurs a conduit les auteurs à laisser entendre que les musaraignes étaient l'un des principaux animaux réservoirs du LayV. La voie de contamination à partir de ces possibles animaux réservoirs doit encore être établie et pourrait inclure une exposition directe aux musaraignes ou à un autre hôte intermédiaire.

Les auteurs ont retracé les contacts de neuf patients et de 15 membres de leur parenté, et aucune transmission n'a été signalée chez les membres de la parenté.² En outre, ces cas n'avaient pas eu de contacts entre eux auparavant et ne représentaient pas un agrégat génotypique, spatial ou temporel (sur la base des désignations des haplotypes et de l'épidémiologie). Les auteurs reconnaissent que la taille de l'échantillon était trop petite pour écarter la possibilité de transmission interhumaine; les données de l'étude semblent cependant suggérer que cela est peu probable.

À l'heure actuelle, nous ne savons pas si le LayV peut infecter les rongeurs ou les musaraignes en Ontario (p. ex., par le biais de zoonose inverse ou de l'importation accidentelle d'animaux hôtes infectés). Les principaux réservoirs du LayV sembleraient être les musaraignes du genre *Crocidura*; toutefois, on ne trouve pas ce genre de musaraigne en Amérique du Nord. Il est important de noter que les auteurs ont détecté le LayV, bien qu'à une faible prévalence, chez des espèces de rongeurs que l'on retrouve aussi en Ontario, soit le campagnol à dos roux boréal et la souris commune. Nous n'avons pas connaissance de risques d'introduction du LayV en Ontario par des aliments, des animaux de laboratoire ou des animaux domestiques importés.

Gravité de la maladie

Des 26 patients atteints d'une infection aiguë au LayV sans aucun autre pathogène identifié par test RT-PCR ciblé, 14 ont nécessité une hospitalisation et 12 ont été traités en clinique externe.² Les auteurs n'ont mentionné aucun décès des suites de l'infection ni aucun recours aux soins intensifs.

Les symptômes suivants ont été signalés : fièvre (100 %, 26/26), fatigue (54 %, 14/26), toux (50 %, 13/26), anorexie (50 %, 13/26), myalgie (46 %, 12/26), nausées (38 %, 10/26), céphalée (35 %, 9/26) et vomissements (35 %, 9/26).² Les patients hospitalisés présentaient les symptômes suivants : fièvre (100 %, 14/14), myalgie (64 %, 9/14), anorexie (64 %, 9/14), fatigue (57 %, 8/14), toux (57 %, 8/14), nausées (50 %, 7/14) et vomissements (50 %, 7/14). Tous les patients présentaient les anomalies biologiques suivantes constatées dans les épreuves en laboratoire : leucopénie (54 %, 14/26), thrombocytopenie (35 %, 9/26) et insuffisance hépatique (35 %, 9/26).

Les charges virales étaient plus élevées chez les patients atteints de pneumonie (n=4) que ceux qui n'en étaient pas atteints (n=22). Les charges virales des patients atteints de pneumonie différaient dans les prélèvements pharyngés (écart-type \pm moyen : $7,6 \pm 0,98 \log_{10}/\text{ml}$; n=4) et sérologiques ($4,5 \pm 1,13 \log_{10}/\text{ml}$; n=4). Le nombre de patients atteints de pneumonie dans l'étude était petit, ce qui limite les conclusions que l'on peut tirer des données sur la charge virale.

Les auteurs n'ont mentionné aucun traitement spécifique pour soigner l'infection aiguë au LayV. À l'heure actuelle, il n'y a pas de traitement approuvé contre les infections au LayV, ni aux infections au NiV ou au HeV. La norme de soin pour les personnes infectées par un hénipavirus consiste en un traitement de soutien pour les complications respiratoires et neurologiques.^{4,11} Il existe un vaccin vétérinaire pour la prévention de l'infection au HeV chez les chevaux; des médicaments antiviraux, des anticorps monoclonaux et des vaccins font l'objet d'évaluations aux fins de la prise en charge des infections au HeV et au NiV chez les humains.⁹

Diagnosics de laboratoire

Aux fins de la recherche, Zhang et coll. (2022) ont mis au point une analyse par RT-PCR en temps réel afin de détecter l'ARN du gène *L* du LayV dans les échantillons pharyngés et sérologiques prélevés dans le cadre de leur étude.² Cette analyse RT-PCR en temps réel était accompagnée d'une analyse RT-PCR nichée et d'un séquençage selon la méthode Sanger du fragment du gène *L* amplifié afin de confirmer la présence de l'ARN du LayV. Pour 14 des patients, les auteurs ont mis au point une épreuve d'immunofluorescence indirecte (IFA) - IgG qu'ils ont utilisée sur des paires de sérum prélevé en phase aiguë et de convalescence (20 jours après l'apparition des symptômes) et ont constaté une augmentation du titre des IgG de 4 fois chez 86 % (12/14) des patients convalescents. Les auteurs ont tenté d'isoler le LayV en inoculant des lignées cellulaires épithéliales alvéolaires basales humaines (A549), de rein de singes verts africains (Vero) et de rein de bébés hamsters (BHK-21) avec des prélèvements pharyngés et sérologiques, puis en les incubant et en observant l'effet cytopathologique (suivi d'une analyse RT-PCR en temps réel du surnageant de culture). Le surnageant de la culture de lignées cellulaires Vero a été utilisé pour fournir du matériel antigénique aux fins de l'IFA. Les auteurs n'ont pas décrit les caractéristiques de performance ni la validation clinique des épreuves RT-PCR, sérologiques et d'isolation utilisées dans l'étude. De plus amples recherches s'imposent afin de déterminer s'il y a une réactivité sérologique croisée parmi les hénipavirus.

À l'heure actuelle en Ontario, il n'y a pas d'épreuves moléculaires (p. ex., RT-PCR), sérologiques ou d'isolation validées visant spécifiquement le LayV. S'il y a des signes cliniques d'infection au LayV chez un patient ayant des antécédents d'exposition compatibles, veuillez consulter le microbiologiste de service du laboratoire de SPO avant de faire des analyses.

En général, les tests de dépistage des hénipavirus HeV ou NiV nécessitent une approbation et une coordination par l'entremise du plan d'intervention d'urgence (PIU). Pour ce faire, veuillez vous reporter au document de SPO intitulé [*Specimens Requiring Emergency Response Assistance Plan \(ERAP\) for Transport within Canada*](#).¹⁰ Les prélèvements pour le dépistage du HeV ou du NiV sont envoyés au Laboratoire national de microbiologie (LNM, Agence de la santé publique du Canada) afin de faire l'objet de tests PCR, sérologiques ou d'isolation propres au virus en culture. Les types de prélèvements incluent le sérum, le plasma, le sang total, le liquide céphalorachidien et les tissus frais/congelés/fixés/inclus.¹¹

Implications pour la pratique

Les mesures de prévention face aux agents zoonotiques, incluant les hénipavirus, nécessitent une connaissance approfondie des voies de transmission, de la pathologie, des hôtes réservoirs, des hôtes réceptifs, du temps de survie sur les surfaces et de la stabilité des virus, des capacités de diagnostic rapide et des traitements efficaces.⁹ Des recherches supplémentaires et une surveillance du LayV s'imposent, compte tenu plus particulièrement du manque de connaissances sur les sujets susmentionnés et des répercussions potentielles des infections zoonotiques sur la santé publique.

La découverte du LayV dans l'Est de la Chine justifie un suivi continu de l'épidémiologie et une surveillance à l'échelle locale, tant chez les humains que les hôtes non humains. Compte tenu de la détection du virus chez les humains et chez plusieurs espèces animales, ainsi que du nombre limité de patients infectés signalés jusqu'ici, il est nécessaire de mener de plus amples recherches sur les dynamiques de transmission actuelles et futures. Dans l'ensemble, ces nouvelles infections au LayV font ressortir l'importance d'une surveillance zoonotique mondiale afin d'identifier l'introduction et la propagation de nouveaux agents zoonotiques parmi la population humaine.

Références

1. Mallapaty S. New 'Langya' virus identified in China: what scientists know so far. *Nature*. 2022 Aug 11 [Diffusion en ligne avant l'impression]. Disponible à : <https://doi.org/10.1038/d41586-022-02175-z>
2. Zhang XA, Li H, Jiang FC, Zhu F, Zhang YF, Chen JJ, et al. A zoonotic Henipavirus in febrile patients in China. *N Engl J Med*. 2022;387(5):470-2. Disponible à : <https://doi.org/10.1056/nejmc2202705>
3. Lee SH, Kim K, Kim J, No JS, Park K, Budhathoki S, et al. Discovery and genetic characterization of novel paramyxoviruses related to the genus *Henipavirus* in *Crocidura* species in the Republic of Korea. *Viruses*. 2021;13(10):2020. Disponible à : <https://doi.org/10.3390/v13102020>
4. Shoemaker T, Choi MJ. Henipaviruses. Dans : Centers for Disease Control and Prevention CDC yellow book 2020: health information for international travel [En ligne]. New York: Oxford University Press; 2017 [cité le 18 août 2022]. Disponible à : <https://wwwnc.cdc.gov/travel/yellowbook/2020/travel-related-infectious-diseases/henipaviruses>
5. Madera S, Kistler A, Ranaivoson HC, Ahyong V, Andrianaina A, Andry S, et al. Discovery and genomic characterization of a novel *Henipavirus*, Angavokely virus, from fruit bats in Madagascar. bioRxiv 495793 [Prépublication]. 2022 June 24 [cité le 22 août 2022]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2022.06.12.495793>
6. Vanmechelen B, Meurs S, Horemans M, Loosen A, Joly Maes T, Laenen L, et al. The characterization of multiple novel paramyxoviruses highlights the diverse nature of the subfamily *Orthoparamyxovirinae*. *Virus Evol*. 2022;8(2):veac061. Disponible à : <https://doi.org/10.1093/ve/veac061>
7. Lawrence P, Escudero-Pérez B. *Henipavirus* immune evasion and pathogenesis mechanisms: lessons learnt from natural infection and animal models. *Viruses*. 2022;14(5):936. Disponible à : <https://doi.org/10.3390/v14050936>
8. Román RG, Tornieporth N, Cherian NG, Shurtleff AC, Jackson ML, Yeskey D, et al. Medical countermeasures against henipaviruses: a review and public health perspective. *Lancet Infect Dis*. 2022;22(1): e13-27. Disponible à : [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(21\)00400-X](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(21)00400-X)
9. Clayton BA, Wang LF, Marsh GA. Henipaviruses: an updated review focusing on the pteropid reservoir and features of transmission. *Zoonoses Public Health*. 2013;60(1):69-83. Disponible à : <https://doi.org/10.1111/j.1863-2378.2012.01501.x>
10. Wu Z, Yang L, Yang F, Ren X, Jiang J, Dong J, et al. Novel henipa-like virus, Mojiang paramyxovirus, in rats, China, 2012. *Emerg Infect Dis*. 2014;20(6):1064-6. Disponible à : <https://doi.org/10.3201%2Fcid2006.131022>

11. Kummer S, Kranz D-C. Henipaviruses—a constant threat to livestock and humans. PLoS Negl Trop Dis. 2022;16(2):e0010157. Disponible à : <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010157>
12. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Specimens requiring Emergency Response Assistance Plan (ERAP) for transport within Canada [En ligne]. Toronto, ON: Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2022 [cité le 18 août 2022]. Disponible à : https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/Lab/specimens-erap-transport-canada.pdf?sc_lang=en
13. Laboratoire national de microbiologie (LNM). Agents pathogènes spéciaux [En ligne]. Winnipeg, MB : Agence de la santé publique du Canada; 2022 [cité le 18 août 2022]. <https://cnphi.canada.ca/gts/alphabetical-index>

Modèle proposé pour citer le document

Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Évaluation du risque posé par l'hépanovirus Langya (LayV) en Ontario. Toronto, ON : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2022.

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 de la Reine pour l'Ontario, 2022

Ontario 