

RAPPORT DE SURVEILLANCE

Surveillance génomique du virus respiratoire syncytial en Ontario : 2025–2026

Date de publication : juillet 2026

Introduction

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

Faits saillants

- Au total, 2 770 échantillons positifs au VRS ont été détectés par SPO entre le 24 août 2025 et le 25 avril 2026. Parmi ceux-ci, 236 échantillons choisis aléatoirement (8,5 %) ont été séquencés.
- Sur les 236 échantillons séquencés, 58 (24,6 %) étaient du sous-groupe VRS-A et 178 (75,4 %) du sous-groupe VRS-B.
- Le clade de VRS-A le plus fréquent était A.D.3 (9,3 % de l'ensemble des échantillons positifs au VRS).
- Le clade de VRS-B le plus fréquent était B.D.E.1 (66,1 % de l'ensemble des échantillons positifs au VRS).

Contexte

Le VRS est l'un des principaux agents responsables des infections des voies respiratoires inférieures, notamment chez les nourrissons prématurés, les nourrissons de moins de six mois, les enfants présentant des problèmes de santé sous-jacents et les adultes de plus de 65 ans¹. Le VRS est classé en deux sous-groupes antigéniques, VRS-A et VRS-B, selon les variations de la protéine G, un composant de l'enveloppe virale².

Le VRS accumule des changements génétiques (mutations) à mesure qu'il se propage au sein de la population, ce qui permet une classification plus détaillée en sous-groupes et en clades³. Bien que bon nombre de ces différences génétiques n'influent pas sur la capacité du virus à provoquer la maladie, certaines mutations peuvent influencer sur des caractéristiques comme la virulence⁴.

La surveillance génomique recourt au séquençage du génome entier pour suivre ces changements à mesure que le virus évolue au fil du temps. Cela permet de situer la saison en cours dans son contexte, et de déterminer quels clades circulent et quelles pourraient être leurs répercussions sur la population⁵. Bien que des programmes nationaux de surveillance semblables à ceux en place pour l'influenza n'aient pas encore été établis, il est important de surveiller les clades qui circulent afin d'établir des valeurs de référence à des fins de comparaison future, car Santé Canada a autorisé trois vaccins, ABRYSVO^{MD},

AREXVY et mRESVIA^{MD}, pour les adultes, ainsi qu'ABRYSVO^{MD} pour les femmes enceintes afin de prévenir les infections des voies respiratoires inférieures chez les nourrissons^{6,7}. L'Ontario a également instauré un programme de prévention du VRS financé par les fonds publics; il est destiné aux personnes et aux milieux à risque élevé⁸.

Selon des données du Système d'information de laboratoire de l'Ontario, SPO effectue environ 17 % des tests de dépistage du VRS en Ontario. Les autres tests sont effectués ailleurs qu'à SPO, surtout par des hôpitaux et des laboratoires communautaires.

SPO effectue des tests de routine pour les virus respiratoires saisonniers chez certains groupes de population, dont les personnes ayant des symptômes respiratoires qui se trouvent dans des milieux de vie collectifs, qui sont associées à une éclosion ou qui sont hospitalisées⁹.

Pour comprendre la diversité des VRS circulant en Ontario, SPO a séquencé des échantillons admissibles positifs au VRS choisis aléatoirement au cours de la saison 2025-2026. Les échantillons étaient admissibles s'ils affichaient, pour le VRS, une valeur de seuil de cycle (Ct) à la PCR inférieure ou égale à 27, s'il restait un volume suffisant et si aucune coinfection n'avait été détectée. Seul le premier échantillon associé à une éclosion était admissible. Les séquences ont été traitées et analysées à l'aide d'outils bioinformatiques, et un sous-groupe et un clade de VRS leur ont été attribués.

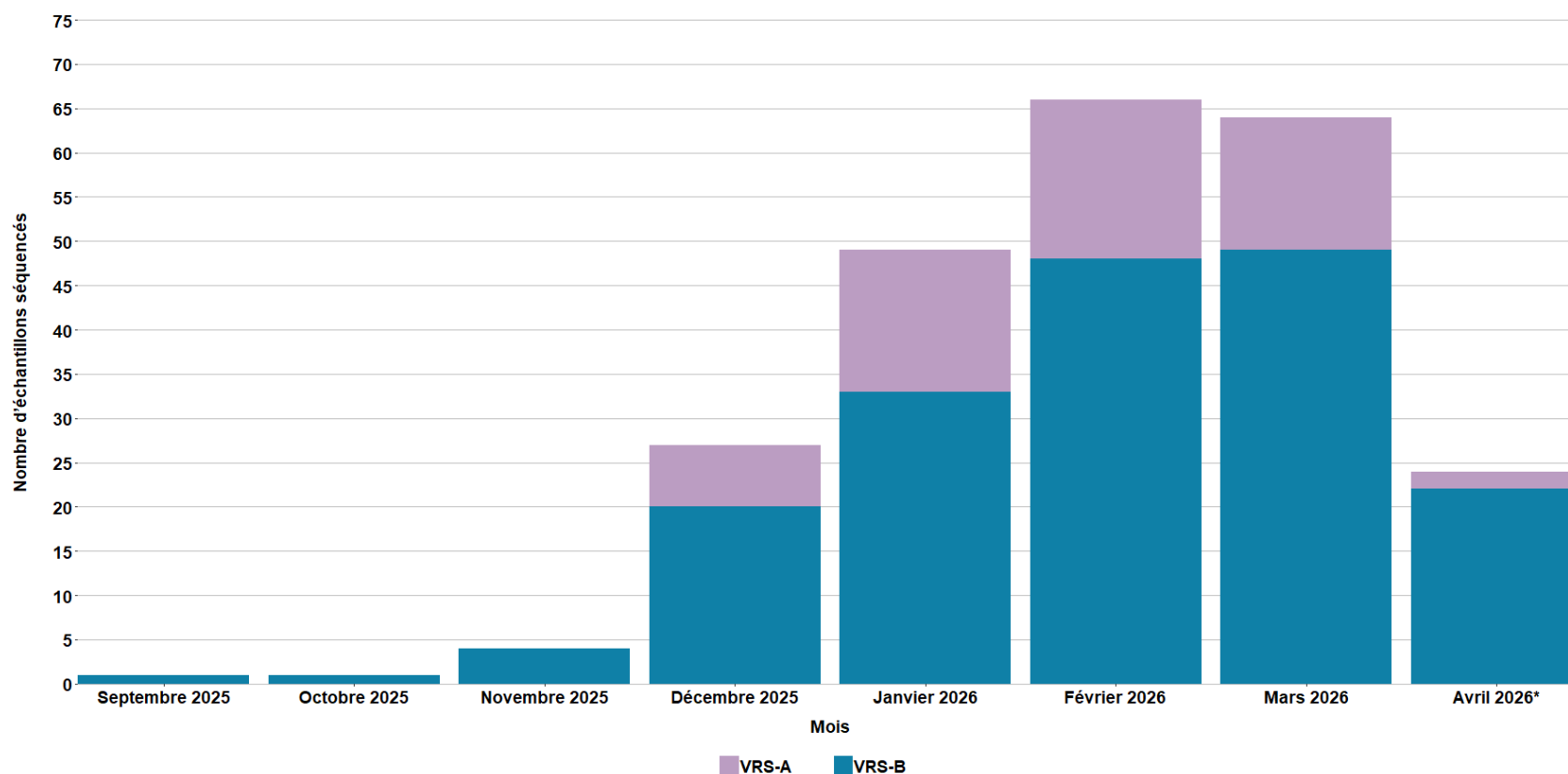
Résultats

Tableau 1 : Nombre d'échantillons positifs au VRS, nombre et pourcentage d'échantillons séquencés, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 25 avril 2026

Mois	Nombre d'échantillons positifs	Nombre d'échantillons séquencés	Pourcentage d'échantillons séquencés
Août 2025*	1	0	0,0 %
Septembre 2025	5	1	20,0 %
Octobre 2025	28	1	3,6 %
Novembre 2025	105	4	3,8 %
Décembre 2025	331	27	8,2 %
Janvier 2026	717	49	6,8 %
Février 2026	701	66	9,4 %
Mars 2026	647	64	9,9 %
Avril 2026*	235	24	10,2 %
Total	2 770	236	8,5 %

Remarque : *Août 2025 et avril 2026 sont des mois partiels. Sur les 236 échantillons séquencés, 16,9 % (40/236) étaient liés à une éclosion.

Figure 1 : Nombre d'échantillons positifs au VRS séquencés selon le sous-groupe et le mois, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 25 avril 2026



Remarque : *Avril 2026 est un mois partiel. Aucun échantillon n'a pu être séquencé en août 2025.

Tableau 2 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs au VRS séquencés selon la caractérisation génétique et le mois, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 25 avril 2026

Caractérisation génétique	Septembre 2025	Octobre 2025	Novembre 2025	Décembre 2025	Janvier 2026	Février 2026	Mars 2026	Avril 2026*	Total
Clades du VRS-A	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	7 (25,9 %)	16 (32,7 %)	18 (27,3 %)	15 (23,4 %)	2 (8,3 %)	58 (24,6 %)
A.D.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	2 (7,4 %)	1 (2,0 %)	4 (6,1 %)	1 (1,6 %)	0 (0,0 %)	8 (3,4 %)
A.D.1.4	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (3,7 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (0,4 %)
A.D.1.5	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (3,7 %)	1 (2,0 %)	2 (3,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	4 (1,7 %)
A.D.1.6	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (2,0 %)	2 (3,0 %)	1 (1,6 %)	0 (0,0 %)	4 (1,7 %)
A.D.2.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (1,5 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (0,4 %)
A.D.3	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (3,7 %)	9 (18,4 %)	4 (6,1 %)	7 (10,9 %)	1 (4,2 %)	22 (9,3 %)
A.D.3.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (3,7 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (0,4 %)
A.D.3.2	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (2,0 %)	0 (0,0 %)	2 (3,1 %)	0 (0,0 %)	3 (1,3 %)
A.D.3.3	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (2,0 %)	2 (3,0 %)	3 (4,7 %)	0 (0,0 %)	6 (2,5 %)
A.D.5.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (2,0 %)	1 (1,5 %)	1 (1,6 %)	1 (4,2 %)	4 (1,7 %)
A.D.5.2	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (3,7 %)	1 (2,0 %)	2 (3,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	4 (1,7 %)
Clades du VRS-B	1 (100 %)	1 (100 %)	4 (100 %)	20 (74,1 %)	33 (67,3 %)	48 (72,7 %)	49 (76,6 %)	22 (91,7 %)	178 (75,4 %)
B.D.4.1.1	0 (0,0 %)	1 (100 %)	1 (25,0 %)	2 (7,4 %)	5 (10,2 %)	9 (13,6 %)	2 (3,1 %)	2 (8,3 %)	22 (9,3 %)
B.D.E.1	1 (100 %)	0 (0,0 %)	3 (75,0 %)	18 (66,7 %)	28 (57,1 %)	39 (59,1 %)	47 (73,4 %)	20 (83,3 %)	156 (66,1 %)
Nombre total d'échantillons séquencés	1 (100 %)	1 (100 %)	4 (100 %)	27 (100 %)	49 (100 %)	66 (100 %)	64 (100 %)	24 (100 %)	236 (100 %)

Remarque : *Avril 2026 est un mois partiel. Aucun échantillon n'a pu être séquencé en août 2025.

Tableau 3 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs au VRS séquencés selon la caractérisation génétique et le groupe d'âge, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 25 avril 2026

Caractérisation génétique	Moins de 1 an	1 à 4 ans	5 à 19 ans	20 à 64 ans	65 ans et plus	Total
Clades du VRS-A	1 (20,0 %)	5 (55,6 %)	1 (25,0 %)	7 (28,0 %)	44 (22,8 %)	58 (24,6 %)
A.D.1	0 (0,0 %)	1 (11,1 %)	1 (25,0 %)	0 (0,0 %)	6 (3,1 %)	8 (3,4 %)
A.D.1.4	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (0,5 %)	1 (0,4 %)
A.D.1.5	0 (0,0 %)	1 (11,1 %)	0 (0,0 %)	1 (4,0 %)	2 (1,0 %)	4 (1,7 %)
A.D.1.6	0 (0,0 %)	1 (11,1 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	3 (1,6 %)	4 (1,7 %)
A.D.2.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (0,5 %)	1 (0,4 %)
A.D.3	1 (20,0 %)	1 (11,1 %)	0 (0,0 %)	3 (12,0 %)	17 (8,8 %)	22 (9,3 %)
A.D.3.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (0,5 %)	1 (0,4 %)
A.D.3.2	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	3 (1,6 %)	3 (1,3 %)
A.D.3.3	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (4,0 %)	5 (2,6 %)	6 (2,5 %)
A.D.5.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	2 (8,0 %)	2 (1,0 %)	4 (1,7 %)
A.D.5.2	0 (0,0 %)	1 (11,1 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	3 (1,6 %)	4 (1,7 %)
Clades du VRS-B	4 (80,0 %)	4 (44,4 %)	3 (75,0 %)	18 (72,0 %)	149 (77,2 %)	178 (75,4 %)
B.D.4.1.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	5 (20,0 %)	17 (8,8 %)	22 (9,3 %)
B.D.E.1	4 (80,0 %)	4 (44,4 %)	3 (75,0 %)	13 (52,0 %)	132 (68,4 %)	156 (66,1 %)
Nombre total d'échantillons séquencés	5 (100 %)	9 (100 %)	4 (100 %)	25 (100 %)	193 (100 %)	236 (100 %)

Remarque : L'âge a été déterminé à partir de la date de naissance indiquée sur le formulaire de demande d'analyse.

Tableau 4 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs au VRS séquencés selon la caractérisation génétique et le milieu, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 25 avril 2026

Caractérisation génétique	Unité de soins intensifs	Hôpital ou service des urgences	Milieu de vie collectif	Autre milieu/non indiqué	Total
Clades du VRS-A	1 (100 %)	13 (32,5 %)	43 (23,6 %)	1 (7,7 %)	58 (24,6 %)
A.D.1	0 (0,0 %)	2 (5,0 %)	6 (3,3 %)	0 (0,0 %)	8 (3,4 %)
A.D.1.4	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (0,5 %)	0 (0,0 %)	1 (0,4 %)
A.D.1.5	0 (0,0 %)	2 (5,0 %)	2 (1,1 %)	0 (0,0 %)	4 (1,7 %)
A.D.1.6	1 (100 %)	2 (5,0 %)	1 (0,5 %)	0 (0,0 %)	4 (1,7 %)
A.D.2.1	0 (0,0 %)	1 (2,5 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (0,4 %)
A.D.3	0 (0,0 %)	2 (5,0 %)	20 (11,0 %)	0 (0,0 %)	22 (9,3 %)
A.D.3.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (7,7 %)	1 (0,4 %)
A.D.3.2	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	3 (1,6 %)	0 (0,0 %)	3 (1,3 %)
A.D.3.3	0 (0,0 %)	3 (7,5 %)	3 (1,6 %)	0 (0,0 %)	6 (2,5 %)
A.D.5.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	4 (2,2 %)	0 (0,0 %)	4 (1,7 %)
A.D.5.2	0 (0,0 %)	1 (2,5 %)	3 (1,6 %)	0 (0,0 %)	4 (1,7 %)
Clades du VRS-B	0 (0,0 %)	27 (67,5 %)	139 (76,4 %)	12 (92,3 %)	178 (75,4 %)
B.D.4.1.1	0 (0,0 %)	3 (7,5 %)	17 (9,3 %)	2 (15,4 %)	22 (9,3 %)
B.D.E.1	0 (0,0 %)	24 (60,0 %)	122 (67,0 %)	10 (76,9 %)	156 (66,1 %)
Nombre total d'échantillons séquencés	1 (100 %)	40 (100 %)	182 (100 %)	13 (100 %)	236 (100 %)

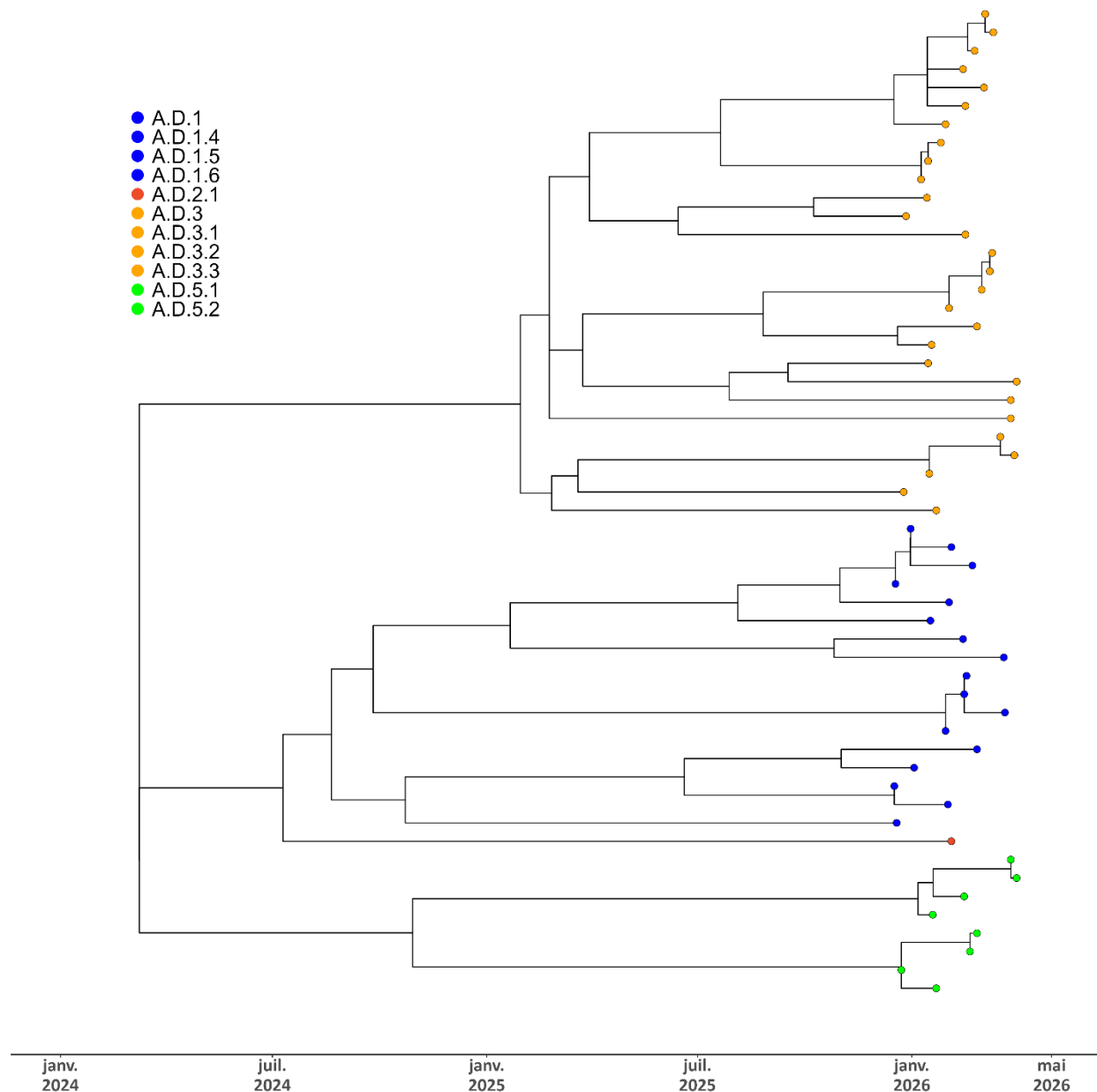
Remarque : Le milieu représente l'établissement de santé où la personne a reçu des soins. Les milieux de vie collectifs comprennent les foyers de soins de longue durée, les maisons de retraite, les établissements correctionnels et les établissements non définis (à l'exclusion des hôpitaux).

Tableau 5 : Nombre et pourcentage d'échantillons positifs au VRS séquencés selon la caractérisation génétique et la région, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 25 avril 2026

Caractérisation génétique	Nord	Est	Centre-Est	Toronto	Sud-Ouest	Centre-Ouest	Total
Clades du VRS-A	1 (16,7 %)	16 (50,0 %)	14 (23,3 %)	4 (9,5 %)	14 (28,0 %)	9 (19,6 %)	58 (24,6 %)
A.D.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	2 (3,3 %)	1 (2,4 %)	1 (2,0 %)	4 (8,7 %)	8 (3,4 %)
A.D.1.4	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (1,7 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (0,4 %)
A.D.1.5	1 (16,7 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (2,4 %)	2 (4,0 %)	0 (0,0 %)	4 (1,7 %)
A.D.1.6	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	3 (6,0 %)	1 (2,2 %)	4 (1,7 %)
A.D.2.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (2,0 %)	0 (0,0 %)	1 (0,4 %)
A.D.3	0 (0,0 %)	6 (18,8 %)	7 (11,7 %)	0 (0,0 %)	5 (10,0 %)	4 (8,7 %)	22 (9,3 %)
A.D.3.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (2,4 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	1 (0,4 %)
A.D.3.2	0 (0,0 %)	2 (6,2 %)	1 (1,7 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	3 (1,3 %)
A.D.3.3	0 (0,0 %)	4 (12,5 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	2 (4,0 %)	0 (0,0 %)	6 (2,5 %)
A.D.5.1	0 (0,0 %)	4 (12,5 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	4 (1,7 %)
A.D.5.2	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	3 (5,0 %)	1 (2,4 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	4 (1,7 %)
Clades du VRS-B	5 (83,3 %)	16 (50,0 %)	46 (76,7 %)	38 (90,5 %)	36 (72,0 %)	37 (80,4 %)	178 (75,4 %)
B.D.4.1.1	1 (16,7 %)	0 (0,0 %)	1 (1,7 %)	9 (21,4 %)	1 (2,0 %)	10 (21,7 %)	22 (9,3 %)
B.D.E.1	4 (66,7 %)	16 (50,0 %)	45 (75,0 %)	29 (69,0 %)	35 (70,0 %)	27 (58,7 %)	156 (66,1 %)
Nombre total d'échantillons séquencés	6 (100 %)	32 (100 %)	60 (100 %)	42 (100 %)	50 (100 %)	46 (100 %)	236 (100 %)

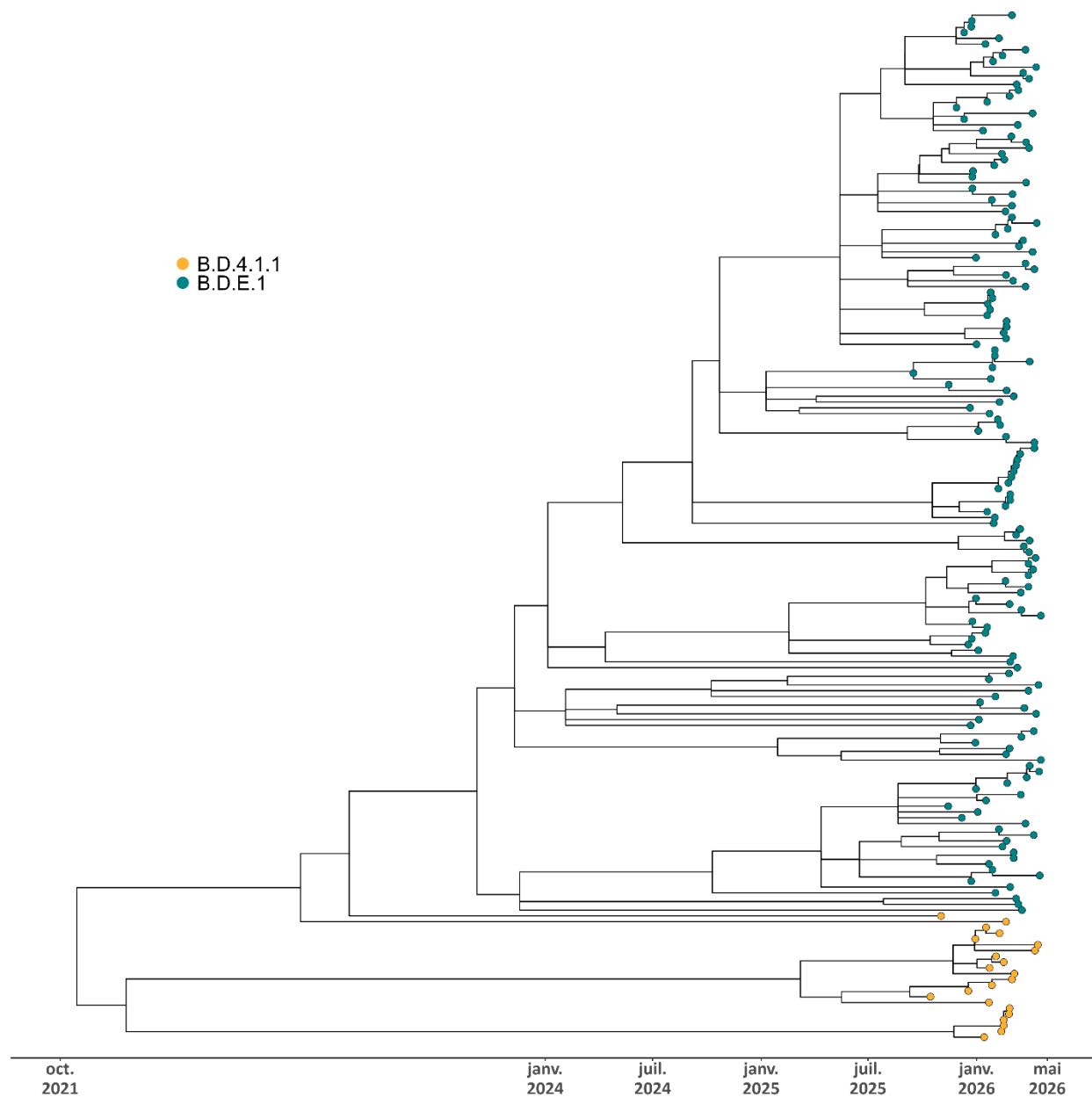
Remarque : La région a été établie à partir de l'adresse du patient si elle était disponible, ou de celle du demandeur si elle ne l'était pas. Pour connaître les bureaux de santé publique compris dans chaque région, voir les notes techniques.

Figure 2a : Arbre phylogénétique daté des échantillons positifs au VRS-A séquencés, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 25 avril 2026



Remarque : Les séquences du gène G du VRS (qui code la protéine d'attachement de surface du virus) ont été analysées pour 54 échantillons positifs au VRS-A et sont représentées dans l'arbre phylogénétique. Le gène G est couramment utilisé pour le génotypage et l'épidémiologie moléculaire du VRS en raison de la variabilité de sa séquence. Chaque cercle (feuille) représente un échantillon, et la couleur indique son clade de VRS-A. Les branches (lignes horizontales) indiquent le temps estimé jusqu'à un ancêtre commun, les feuilles représentant les échantillons individuels (descendants). L'axe des x représente le temps et permet de déduire la date de l'échantillon.

Figure 2b : Arbre phylogénétique daté des échantillons positifs au VRS-B séquencés, Santé publique Ontario, du 24 août 2025 au 25 avril 2026



Remarque : Les séquences du gène G du VRS (qui code la protéine d’attachement de surface du virus) ont été analysées pour 178 échantillons positifs au VRS-B et sont représentées dans l’arbre phylogénétique. Le gène G est couramment utilisé pour le génotypage et l’épidémiologie moléculaire du VRS en raison de la variabilité de sa séquence. Chaque cercle (feuille) représente un échantillon, et la couleur indique son clade de VRS-B. Les branches (lignes horizontales) indiquent le temps estimé jusqu’à un ancêtre commun, les feuilles représentant les échantillons individuels (descendants). L’axe des x représente le temps et permet de déduire la date de l’échantillon.

Notes techniques

Sources des données

Santé publique Ontario

- Les données ont été extraites du Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO le 28 avril 2026 vers 10 h.
- Le traitement bioinformatique des données par le Centre de bioinformatique a été achevé le 21 mai 2026 vers 10 h.

Stratégie de séquençage du génome entier du VRS

- Santé publique Ontario a eu recours à un échantillonnage aléatoire pour sélectionner 300 échantillons positifs au VRS par PCR aux fins du séquençage du génome entier. Sur ces 300 échantillons, 236 présentaient un volume suffisant et ont pu être séquencés.
- Les échantillons étaient admissibles au séquençage du génome entier si la valeur Ct pour le VRS était inférieure ou égale à 27, s'il restait un volume suffisant et si le test PCR était positif uniquement au VRS (pas de coinfection). De plus, seul le premier échantillon d'une éclosion était admissible au séquençage du génome entier, et les échantillons soumis pour le compte du Réseau canadien de surveillance sentinelle (RCSS) ont été exclus.
- Seuls les échantillons prélevés dans les voies respiratoires supérieures (p. ex., par écouvillonnage nasopharyngé ou oropharyngé) ont été inclus.
- La caractérisation génétique des échantillons a été effectuée par séquençage du génome entier et analysée à l'aide d'un pipeline bioinformatique au moyen des outils ivar (1.3.1), bwa-mem (0.7.17), bcftools (1.12) et vcftools (0.1.16)¹⁰⁻¹³. Le clade a été attribué à l'aide de l'analyse Nextclade (3.20.0)¹⁴. L'arbre phylogénétique daté a été créé à l'aide d'IQ-TREE 3 et de TreeTime^{15,16}. L'arbre phylogénétique selon le maximum de vraisemblance a été construit à partir des séquences du gène G du VRS à l'aide d'IQ-TREE 3, avec le modèle TIM2+F+G4 (pour le VRS-A) et le modèle TN+F+R2 (pour le VRS-B), et 1 000 réplicats bootstrap.

Méthodes de dépistage

- Les tests de dépistage du VRS à SPO sont effectués au moyen des méthodes suivantes :
 - Test PCR multiplex respiratoire mis au point en laboratoire, qui permet de détecter 11 cibles virales, dont le VRS.
 - Test PCR FLUVID, qui permet de détecter le VRS, les virus de l'influenza A et B ainsi que le SRAS-CoV-2 (COVID-19).

Algorithme de dépistage des virus respiratoires

- [L'algorithme de dépistage des virus respiratoires en laboratoire de SPO](#) repose sur le milieu où se trouve le patient.
- Un test PCR multiplex respiratoire est offert aux personnes présentant des symptômes respiratoires qui répondent à au moins un des critères d'admissibilité suivants :
 - patients hospitalisés ayant besoin de soins intensifs;

- patients hospitalisés qui sont :
 - des enfants de moins de 18 ans à risque de complications, en présence d'une pneumonie extrahospitalière;
 - immunocompromis ou immunosupprimés;
 - en grossesse.
- patients ou résidents qui sont associés à une éclosion de maladie respiratoire déclarée par un hôpital ou par un bureau de santé publique. Seuls les quatre premiers patients symptomatiques associés à une éclosion sont admissibles; les autres patients feront l'objet d'un test FLUVID.
- Le test FLUVID est offert aux personnes ayant des symptômes respiratoires qui répondent à au moins un des critères d'admissibilité suivants :
 - résidents de milieux de vie collectifs (foyers de soins de longue durée, maisons de retraite, établissements correctionnels) où il n'y a pas d'éclosion;
 - résidents de milieux de vie collectifs où il y a une éclosion, au-delà des quatre premiers échantillons analysés par test PCR multiplex respiratoire;
 - adultes hospitalisés;
 - personnel de milieux de vie collectifs où il y a une éclosion.
- Les personnes qui fréquentent des cabinets médicaux faisant partie du Réseau canadien de surveillance sentinelle (RCSS)¹⁷ font l'objet d'un test PCR multiplex respiratoire et sont exemptées des restrictions s'appliquant aux tests en laboratoire.

Mises en garde concernant les données

- SPO effectue environ 17 % des tests de dépistage du VRS en Ontario. En outre, seuls 8,5 % des échantillons positifs ont été séquencés au cours de la saison actuelle. Des biais peuvent être introduits en raison des critères d'admissibilité aux tests de diagnostic, des secteurs dans lesquels SPO effectue des tests, du volume des échantillons, des critères de sélection des échantillons pour le séquençage du génome entier et de la réussite ou non du séquençage d'un échantillon. Par conséquent, les résultats ne sont pas nécessairement représentatifs de l'ensemble de l'Ontario.
- Les nombres et proportions ne correspondent pas nécessairement à ceux de l'[Outil de surveillance des virus respiratoires en Ontario](#), car seuls les échantillons admissibles au séquençage du génome entier qui sont analysés par SPO (valeur Ct ≤ 27 pour le VRS, volume restant suffisant et premier échantillon d'une éclosion) ont été inclus dans le rapport.
- Le présent rapport comprend des échantillons testés à partir du début de la saison des virus respiratoires (24 août 2025) jusqu'au moment où une diminution stable du pourcentage de positivité a été observée. La période couverte ne correspond donc pas nécessairement à l'ensemble de la saison. Les dénombrements fondés sur les échantillons ne correspondent pas à des personnes distinctes, car une même personne peut avoir fait l'objet de plusieurs tests.
- La date de l'échantillon a été établie en fonction de la date de collecte si elle était disponible, ou de la date de saisie dans le système d'information de laboratoire de SPO si la date de collecte était manquante.
- Les séquences de quatre échantillons positifs au VRS-A n'ont pas été incluses dans l'arbre phylogénétique en raison d'une faible couverture du gène G.

- L'âge a été déterminé à partir de la date de naissance fournie et de la date de l'échantillon (date de collecte si elle était disponible, ou date de saisie dans le système d'information de laboratoire de SPO si la date de collecte était manquante).
- En l'absence d'adresse du patient sur la demande, la région a été établie à partir de l'adresse du demandeur, ce qui peut entraîner une mauvaise classification géographique.
 - 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. Agence de la santé publique du Canada. Virus respiratoire syncytial (VRS) : Transmission, prévention et risques [Internet]. Ottawa (ON) : gouvernement du Canada; 2026 [modifié le 15 avril 2026; cité le 26 mai 2026]. Disponible à : <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/maladies/virus-respiratoire-syncytial-vrs/prevention-risques.html>
2. Agence de la santé publique du Canada. Virus respiratoire syncytial : Fiche technique santé-sécurité : agents pathogènes [Internet]. Ottawa (ON) : gouvernement du Canada; 2023 [modifié le 13 sept. 2023; cité le 26 mai 2026]. Disponible à : <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/biosecurite-biosurete-laboratoire/fiches-techniques-sante-securite-agent-pathogenes-evaluation-risques/virus-respiratoire-syncytial.html>
3. Goya S, Ruis C, Neher RA, Meijer A, Aziz A, Hinrichs AS, et al. Standardized Phylogenetic Classification of Human Respiratory Syncytial Virus below the Subgroup Level. *Emerg Infect Dis*. 2024 Aug;30(8):1631-1641. Disponible à : <https://doi.org/10.3201/eid3008.240209>
4. Moore ML, Stokes KL, Hartert TV. The impact of viral genotype on pathogenesis and disease severity: respiratory syncytial virus and human rhinoviruses. *Curr Opin Immunol*. 2013;25(6):761-8. Disponible à : <https://doi.org/10.1016/j.coi.2013.09.016>
5. Teirlinck AC, Broberg EK, Berg AS, Campbell H, Reeves RM, Carnahan A, et al. Recommendations for respiratory syncytial virus surveillance at the national level. *Eur Respir J*. 2021;58(3):2003766. Disponible à : <https://doi.org/10.1183/13993003.03766-2020>
6. Agence de la santé publique du Canada. Vaccins contre le virus respiratoire syncytial (VRS) : Guide canadien d'immunisation [Internet]. Ottawa (ON) : gouvernement du Canada; 2026 [11 mai 2026; cité le 26 mai 2026]. Partie 4, Agents immunisants. Disponible à : <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/publications/vie-saine/guide-canadien-immunisation-partie-4-agent-immunisation-active/virus-respiratoire-syncytial.html>
7. Agence de la santé publique du Canada. Virus respiratoire syncytial (VRS) : Pour les professionnels de la santé [Internet]. Ottawa (ON) : gouvernement du Canada; 2026 [modifié le 15 avril 2026; cité le 26 mai 2026]. Disponible à : <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/maladies/virus-respiratoire-syncytial-vrs/professionnels-sante.html>
8. Ontario. Ministère de la Santé. Programmes de prévention du virus respiratoire syncytial (VRS) [Internet]. Toronto (ON) : Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2025 [modifié le 19 décembre 2025; cité le 26 mai 2026]. Disponible à : <https://www.ontario.ca/fr/page/programmes-de-prevention-du-virus-respiratoire-syncytial-vrs>
9. 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 26 mai 2026]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/fr/laboratory-services/test-information-index/virus-respiratory>
10. Gangavarapu K, Anderson K. iVar [outil informatique]. Version 1.3.1. San Francisco (CA) : GitHub; 2021 [cité le 26 mai 2026]. Disponible à : <https://github.com/andersen-lab/ivar>
11. Li H, Durbin R. Burrow-Wheeler Aligner for short-read alignment [outil informatique]. Version 0.7.17. San Francisco (CA) : GitHub; 2017 [cité le 26 mai 2026]. Disponible à : <https://github.com/lh3/bwa/releases>

12. Danecek P, Bonfield JK, Liddle J, Marshall J, Ohan V, et al. Bcftools [outil informatique]. Version 1.12. San Francisco (CA) : GitHub; 2021 [cité le 26 mai 2026]. Disponible à : <https://github.com/samtools/bcftools/releases/>
13. Auton A, Danecek P, Marcketta A. VCFtools [outil informatique]. Version 0.1.16. San Francisco (CA) : GitHub; 2018 [cité le 26 mai 2026]. Disponible à : <https://vcftools.github.io/>
14. Aksamentov I, Roemer C, Hodcroft EB, Neher RA. Nextclade [outil informatique]. Version 3.20.0. San Francisco (CA) : GitHub; 2026 [cité le 26 mai 2026]. Disponible à : <https://github.com/nextstrain/nextclade/releases>
15. Wong TKF, Ly-Trong N, Ren H, Demotte P, Baños H, Roger AJ, et al. IQ-TREE 3: phylogenomic inference software using complex evolutionary models. *Mol Biol Evol.* 2026 May 1;43(5):msag117. Disponible à : <https://doi.org/10.1093/molbev/msag117>
16. Sagulenko P, Puller V, Neher RA. TreeTime: Maximum-likelihood phylodynamic analysis. *Virus Evol.* 2018 Jan 8;4(1):vex042. Disponible à : <https://doi.org/10.1093/ve/vex042>
17. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Réseau canadien de surveillance sentinelle [Internet]. Toronto (ON) : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2025 [modifié le 21 novembre 2025; cité le 26 mai 2026]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/fr/health-topics/immunization/spsn>

Modèle proposé pour citer le document

Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Surveillance génomique du virus respiratoire syncytial en Ontario : 2025–2026. Toronto (ON) : Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2026.

Avis de non-responsabilité

Santé publique Ontario (SPO) a élaboré le présent document. SPO fournit des conseils scientifiques et techniques au gouvernement de l'Ontario, aux organisations de santé publique et aux fournisseurs de soins de santé. Son travail est fondé sur les données probantes disponibles au moment de la préparation du présent document. La responsabilité de l'application et de l'utilisation du présent document incombe aux utilisateurs. SPO n'assume aucune responsabilité à l'égard d'une telle application ou utilisation. Le présent document peut être utilisé librement sans autorisation à des fins non commerciales, mais seulement si SPO est mentionnée de façon appropriée. Aucune modification ne peut être apportée au contenu sans l'autorisation explicite écrite de SPO.

Santé publique Ontario

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

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