

## RÉSUMÉ DES DONNÉES PROBANTES

# Sous-lignée BA.3 du variant Omicron du SRAS-CoV-2

Date de publication : avril 2022

### Messages clés

- À l'heure actuelle, BA.3 est l'une des 73 sous-lignées du variant préoccupant du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2) B.1.1.529 (Omicron)<sup>1</sup>.
- La sous-lignée BA.3 a été signalée pour la première fois le 18 novembre 2021, à peu près au même moment que BA.1 et BA.2, toutes initialement en Afrique australe<sup>2,3</sup>.
- BA.3 représentait 0,02 % des 2 842 071 séquences d'Omicron soumises au GISAID du 7 mars au 3 avril 2022 mondialement<sup>4</sup>.
- Un échantillon correspondant à la séquence BA.3 a été prélevé à Toronto, en Ontario, le 1<sup>er</sup> avril 2022 dans le cadre de la surveillance représentative au Canada<sup>5</sup>.
- Des données *in vitro* limitées suggèrent que BA.3 échapperait à l'immunité acquise à la suite d'une infection par la lignée B.1 (une lignée basale majeure répandue en 2020) et BA.1<sup>6,7</sup>.
- Des données *in vitro* limitées suggèrent d'une part que BA.3 échapperait à l'immunité acquise par la vaccination un peu plus efficacement que BA.1 et BA.2<sup>7,8</sup>, et d'autre part, qu'elle réduirait de manière comparable l'efficacité des anticorps monoclonaux (y compris le bamlanivimab, le casirivimab, l'imdevimab et le sotrovimab) comme avec d'autres sous-lignées d'Omicron<sup>9</sup>.
- Le risque actuel d'importation de BA.3 en Ontario est modéré étant donné qu'un seul cas a été détecté jusqu'à présent dans la province et du fait que la détection de cette sous-lignée a été signalée dans au moins 64 pays. Cependant, le risque de transmission soutenu en Ontario n'a pas encore été défini en raison de l'accès limité aux données sur BA.3 pour renseigner l'évaluation des risques, de la faible incidence de BA.3 dans le monde et de l'absence de différences mutationnelles majeures par rapport aux sous-lignées Omicron actuellement en circulation. L'évaluation globale du risque peut changer à mesure que de nouvelles données probantes deviennent disponibles.

### Enjeu et question de recherche

- Soixante-treize sous-lignées du variant préoccupant SRAS-CoV-2 B.1.1.529 (Omicron) ont été identifiées à l'échelle mondiale à ce jour, dont les plus répandues sont B.1.1.529.1 (BA.1), B.1.1.529.1.1 (BA.1.1), B.1.1.529.2 (BA.2) et B.1.1.529.3 (BA.3). D'autres sous-lignées sont susceptibles de se développer au fil du temps à mesure que le SRAS-CoV-2 continue d'évoluer.

- L'émergence de variants du SRAS-CoV-2 est généralement le résultat de mutations qui se produisent au fil du temps lorsque le virus se réplique dans les cellules hôtes. Comme de nombreux virus à ARN, le SRAS-CoV-2 est sujet à des mutations fréquentes. Les taux élevés actuels de transmission communautaire du SRAS-CoV-2 dans le contexte de l'émergence d'Omicron ont suscité des inquiétudes quant à l'émergence de nouveaux variants avec une transmissibilité, une virulence ou un potentiel d'évasion immunitaire différents à ceux associés aux infections ou aux vaccins antérieurs<sup>10</sup>.
- Le présent résumé des données probantes offre une synthèse des renseignements et des données probantes disponibles au sujet de la sous-lignée BA.3 du variant Omicron concernant son risque de transmission en Ontario.

## Méthodologie

Du 17 janvier 2021 au 20 avril 2022, les Services de bibliothèque de Santé publique Ontario (SPO) ont effectué des recherches quotidiennes dans la documentation primaire et préimprimée de la base de données MEDLINE (les stratégies de recherche sont accessibles sur demande). De plus, SPO a effectué des recherches quotidiennes sur la littérature grise à l'aide de fils de nouvelles intégrés au Réseau de services bibliothécaires partagés. Des documents de langue anglaise évalués par des pairs et non évalués par des pairs (préimpression) décrivant les variants de la COVID-19 ont été inclus.

## Principaux constats

### Caractéristiques génomiques

- La protéine S de BA.3, largement responsable de l'invasion des cellules hôtes et de l'immunité dérivée du vaccin, porte 34 mutations par rapport au génome de référence SRAS-CoV-2 Wuhan-Hu-1<sup>2,11-15</sup>.
  - Parmi ces mutations, 21 sont communes à toutes les sous-lignées Omicron : G143D, G339D, S373P, S375F, K417N, N440K, S477N, T478K, E484A, Q493R, Q498R, N501Y, Y505H, D614G, H655Y, N679K, P681H, N764K, D796Y, Q954H et N969K;
  - 11 mutations sont partagées avec BA.1 et BA.1.1 : A67V, H69del, V70del, T95I, V143del, Y144del, Y145del, N211I, L212V, V213R et G446S; et
  - 2 mutations sont partagées avec BA.2 : S371F et D405N.
  - Aucune mutation de la protéine S n'a été identifiée uniquement dans BA.3 par rapport aux autres sous-lignées Omicron.
- Au-delà de la protéine S, BA.3 porte les mutations suivantes :
  - 6 mutations protéiques structurales partagées avec toutes les sous-lignées Omicron : T9I (enveloppe), P13L, ERS31del, RG203KR (nucléocapside), Q19E et A63T (membrane);
  - 1 mutation de protéine structurale partagée avec BA.2 : S413R (nucléocapside);
  - 7 mutations protéiques non structurales partagées avec toutes les sous-lignées Omicron : NSP4 T492I, NSP5 P132H, NSP6 S106del, NSP6 G107del, NSP6 F108del, NSP12 323L et NSP14 I42V;

- 4 mutations protéiques non structurales partagées avec BA.2 : NSP1 S135R, NSP3 G489S, NSP3a T223I et NSP4 T327I; et
- 4 mutations protéiques non structurales uniques à BA.3 : NSP3a T22V, NSP6 A88V, substitutions de bases C832T et substitution de bases C11235T.
- L'impact associé à l'absence de mutation unique de la protéine S, de 4 mutations uniques en dehors de la protéine S et de la synergie relative des mutations autrement partagées avec BA.1, BA.1.1 ou BA.2, n'a pas encore été entièrement élucidé. Cependant, on a émis l'hypothèse que des mutations communes à toutes les sous-lignées Omicron augmentent fonctionnellement l'infectiosité et réduisent la pathogénicité par rapport aux lignées non Omicron<sup>3,16</sup>.

## Épidémiologie

- Au 18 avril 2022, 2 875 séquences de la sous-lignée BA.3 du variant préoccupant Omicron ont été signalées dans au moins 64 pays des six régions de l'OMS. La plupart des séquences BA.3 ont été détectées au Royaume-Uni (n=648), en Pologne (n=452), en Inde (n=427), en Allemagne (n=373), en Israël (n=180), en Afrique du Sud (n=166) et aux États-Unis (n=157), à une prévalence cumulée de ≤ 1 % dans ces pays<sup>17</sup>.
  - Dans l'Union européenne, la sous-lignée BA.3 est désignée comme un variant sous surveillance compte tenu de sa faible incidence et de l'absence d'impact significatif sur l'épidémiologie de la COVID-19. Les variants sous surveillance sont ceux qui pourraient avoir des propriétés similaires à celles des variants préoccupants, mais dont les données à l'appui sont faibles ou n'ont pas encore été évaluées par le Centre européen de prévention et de contrôle des maladies<sup>18</sup>.
  - En date du 8 avril 2022, un seul cas de BA.3 a été identifié au Canada au sein du Réseau de génomique COVID-19 de l'Ontario (RGCO) dans le cadre du programme de surveillance représentative du séquençage du génome entier<sup>5</sup>. L'échantillon a été prélevé le 1<sup>er</sup> avril 2022 à Toronto, en Ontario. Aucun autre cas BA.3 n'a été signalé au Canada à ce jour<sup>17</sup>.

## Infectivité et transmissibilité

- Dans une étude *in silico* des profils de mutation de la protéine S (préimpression), Kumar et coll. suggèrent que BA.3 et BA.2 ont une affinité de liaison légèrement plus élevée du récepteur de l'enzyme de conversion de l'angiotensine humaine-2 (ECAh-2) que les lignées de type sauvage, BA.1 et BA.1.1, suggérant un tropisme et une infectiosité potentiellement accrus<sup>11</sup>.
- L'absence dans BA.3 de certaines des principales mutations de la protéine S trouvées dans BA.1 et BA.2 a été une source de spéculation par Desingu et coll., soit l'une des raisons potentielles du nombre relativement faible de cas de BA.3 signalés dans le monde jusqu'à présent<sup>2</sup>.
- Au-delà de la période d'introduction dans la population mondiale qui a surpassé la distribution dans les cas BA.3 par rapport à BA.1, BA.1.1 et BA.2, aucune donnée *in vivo* ou *in vitro* n'est autrement disponible pour confirmer si BA.3 est plus transmissible que les autres sous-lignées Omicron.

## Pathogénicité et gravité

- Dans le cadre de cette même étude *in silico*, Kumar et coll. ont calculé que les protéines S de BA.3 et BA.2 ont également un peu plus de résidus hydrophobes que le type sauvage et les lignées BA.1 et BA. 1.1, suggérant une pathogénicité potentiellement accrue<sup>11</sup>.
- Aucune donnée *in vivo* ou *in vitro* n'est autrement disponible pour indiquer si BA.3 provoque des infections plus graves par rapport aux autres sous-lignées Omicron.

## Évasion immunitaire

### VACCINATION

- Arora et coll. ont rapporté que BA.3 échapperait à l'immunité acquise par la vaccination avec Pfizer-BioNTech Comirnaty COVID-19 relativement plus efficacement que B.1 (une lignée basale majeure de 2020 identique au type sauvage à l'exception d'une mutation à D614G) et BA. 2, mais avec une efficacité comparable à BA.1. L'efficacité de neutralisation des sérums d'individus vaccinés a été observée par rapport à B.1 au moyen d'essais de neutralisation et un pseudovirus conçu pour exprimer la protéine S de BA.1, BA.2, BA.3 ou B.1,<sup>7</sup> :
  - Sérums de personnes doublement vaccinées (n=10) :
    - BA.3 : réduit de 17,1 fois par rapport à B.1; P=0,0020
    - BA.2 : réduit de 8,7 fois par rapport à B.1; P=0,0020
    - BA.1 : réduit de 17,0 fois par rapport à B.1; P=0,0020
  - Sérums de personnes triplement vaccinées (n=9) :
    - BA.3 : réduit de 2,4 fois par rapport à B.1; P=0,0039
    - BA.2 : réduit de 1,9 fois par rapport à B.1; P=0,012
    - BA.1 : réduit de 2,5 fois par rapport à B.1; P=0,0020
  - Sérums d'individus triplement vaccinés (n=10) présentant une infection postvaccinale à la COVID-19 entre octobre 2021 et janvier 2022 en Allemagne (lorsque Delta était prévalent) :
    - BA.3 : réduit de 11,8 fois par rapport à B.1; P=0,0039
    - BA.2 : réduit de 11,1 fois par rapport à B.1; P=0,0039
    - BA.1 : réduit de 9,1 fois par rapport à B.1; P=0,0020
- Kurhad et coll. ont rapporté dans une étude en préimpression que BA.3 échapperait à **l'immunité acquise par la vaccination** de façon relativement plus efficace que BA.1 et BA.2. En utilisant des tests de neutralisation, les auteurs ont découvert que les sérums (n=22) collectés un mois après l'administration de la dose 3 du vaccin Pfizer-BioNTech Comirnaty COVID-19 étaient capables de neutraliser un virus chimérique du SRAS-CoV-2 conçu pour exprimer BA.1, BA.2 ou BA.3, mais avec une efficacité réduite de 3,6, 4,0 et 6,4 fois (P < 0,0001) respectivement, par rapport à la neutralisation d'une souche de type sauvage (USA-WA1/2020)<sup>8</sup>.

## INFECTION ANTÉRIEURE

- Malik et coll. (voir ci-dessus) ont signalé que BA.3 échapperait à l'immunité d'une infection antérieure survenue en Allemagne entre février et mai 2020 et décembre 2020 à février 2021 (avant l'introduction de variants d'intérêt) relativement plus efficacement que B.1 et BA.2, mais avec une efficacité comparable à BA.1. Une efficacité de neutralisation réduite contre BA.3 des sérums convalescents (n=10) par rapport à B.1 a été observée à l'aide d'un pseudovirus conçu pour exprimer la protéine S d'intérêt<sup>7</sup> :
  - BA.3 : réduit de 37,1 fois par rapport à B.1; P=0,0020
  - BA.2 : réduit de 9,2 fois par rapport à B.1; P=0,0020
  - BA.1 : réduit de 32,7 fois par rapport à B.1; P=0,0020
- En utilisant des tests de neutralisation, une étude de Zou et coll. (préimpression) indique qu'à 8 à 62 jours après le diagnostic de l'infection BA.1, les sérums prélevés sur des individus non vaccinés (n=20) étaient capables de neutraliser un virus chimérique SRAS-CoV-2 conçu pour exprimer BA.2 ou BA.3, ainsi qu'une souche de type sauvage (USA/WA1-2020), mais avec une efficacité réduite de 4,2, 4,4 et 28,4 fois (P < 0,0001) respectivement, par rapport à la neutralisation d'un virus SRAS-CoV-2 chimérique exprimant la protéine S de BA.1<sup>6</sup>.

## ANTICORPS MONOCLONAUX

- À l'aide d'essais de neutralisation, Ai et coll. ont testé la résistance des virus chimériques de la stomatite vésiculeuse exprimant les protéines S de type sauvage (avec la mutation D614G supplémentaire), BA.1, BA.1.1, BA.2 ou BA.3 vis-à-vis de 10 anticorps monoclonaux ciblant la protéine S. Ils ont signalé dans l'étude en préimpression une activité de neutralisation gravement altérée de l'imdevimab, du casirivimab, du bamlanivimab, de l'etesevimab, du tixagevimab, du regdanvimab et de l'amubarvimab contre les quatre protéines S d'Omicron par rapport à la protéine S de type sauvage. Seul le bebtelovimab est resté puissant sur les protéines S d'Omicron, tandis que le sotrovimab et le cilgavimab ont considérablement perdu leur activité neutralisante contre BA.3 (réduite de 24,5 et 12,9 fois par rapport à la protéine S de type sauvage). En comparaison, la neutralisation de BA.1 et BA.1.1 était relativement plus efficace avec le sotrovimab et moins efficace avec le cilgavimab par rapport à BA.3, tandis que BA.2 était relativement mieux neutralisé avec le sotrovimab et le cilgavimab que BA.3<sup>9</sup>.

## Dépistage et surveillance

- Sur la base de son profil de mutation et des cas signalés détectés dans le monde, les tests moléculaires de routine sont probablement capables de détecter BA.3 de la même manière que les autres principales sous-lignées Omicron.
- Compte tenu des mutations communes partagées entre BA.1, BA.1.1, BA.2 et BA.3, il est prévu que la plupart des tests antigéniques fonctionnent de la même manière parmi ces sous-lignées, bien que davantage de tests *in vitro* ou *in vivo* sont nécessaires pour confirmer cette hypothèse.
- Les activités de surveillance de routine du séquençage du génome entier menées par le Réseau de génomique COVID-19 de l'Ontario (RGCO) seraient en mesure de détecter BA.3, de la même manière que les autres principales sous-lignées d'Omicron. C'est la méthode qui a été utilisée pour confirmer le premier cas de BA.3 identifié au Canada.

- Bien que le dépistage des variants préoccupants par réaction en chaîne de la polymérase (PCR) par échec d’amplification de la cible du gène S (SGTF) ne soit plus effectué de façon routinière dans la province, la sous-lignée BA.3 partagerait un modèle similaire à BA.1 et BA.1.1 (présence de SGTF) en raison des mutations H69del/V70del, qui pourraient être utilisées pour distinguer ces sous-lignées de la sous-lignée BA.2 actuellement prévalente (absence de SGTF).

## Évaluation du risque pour l’Ontario

Le risque actuel de transmission de la sous-lignée BA.3 d’Omicron en Ontario est modéré, avec un degré d’incertitude élevé. La prévalence de BA.3 est susceptible d’augmenter dans les conditions qui conduisent à la propagation du virus SRAS-CoV-2 dans la population, c’est-à-dire une couverture vaccinale (et un rappel) sous-optimale, une immunité décroissante et la capacité du variant préoccupant Omicron à échapper à l’immunité acquise par une infection naturelle ou par la vaccination, sa transmissibilité accrue, la concurrence réduite de la transmission par d’autres souches en circulation et un manque de mesures préventives et de protection pour réduire la transmission. L’évaluation globale du risque peut changer à mesure que les données probantes deviennent disponibles (voir [Table 1](#)).

**Tableau 1. Évaluation des risques associés à la sous-lignée BA.3 du variant Omicron**

Enjeu	Niveau de risque	Degré d’incertitude
Importation en Ontario	Modéré	Élevé
Transmissibilité accrue	Information insuffisante	Élevé
Gravité accrue de la maladie	Information insuffisante	Élevé
Réinfection	Information insuffisante	Élevé
Efficacité vaccinale réduite/infection postvaccinale	Information insuffisante	Élevé
Impacts sur les tests moléculaires et antigéniques	Faible	Modéré
Incidences sur le dépistage et la surveillance	Faible	Modéré

## Incidence sur les pratiques en matière de santé publique

- Le risque d’apparition de mutations du SRAS-CoV-2 augmente avec la transmission continue, et le risque d’émergence de nouvelles sous-lignées reste très élevé étant donné la transmissibilité élevée et l’évasion immunitaire du variant Omicron actuellement prévalent, les niveaux élevés actuels de transmission d’Omicron dans la province et dans le monde, et la levée des mesures de santé publique au Canada et dans le monde.
- Une stratégie de surveillance complète incluant le séquençage génomique pour l’identification rapide de nouveaux variants qui facilite les interventions de santé publique en temps opportun, réduisant leur introduction et leur propagation locale contribue de façon importante à atténuer l’émergence et la propagation de nouveaux variants.
- En raison des limites des mesures de santé publique individuelles (c.-à-d. la vaccination, le port du masque, la réduction des contacts), une approche qui superpose diverses mesures devrait être utilisée pour atténuer la propagation dans la communauté, notamment :

- L'atteinte d'une couverture vaccinale élevée et équitable (des séries primaires et des doses de rappel) dans le monde aussi rapidement que possible. La vaccination est un outil de santé publique clé, en particulier pour réduire les risques d'hospitalisations et de décès liés à la COVID-19<sup>19</sup>. Cependant, comme la vaccination contre la COVID-19 et une infection antérieure par le SRAS-CoV-2 ne fournissent pas d'immunité stérilisante, une stratégie COVID-19 qui repose entièrement sur la vaccination et une infection antérieure ne contiendra pas la transmission dans un contexte où l'efficacité des vaccins est réduite contre certains variants.
- L'auto-isolement des personnes infectées ou potentiellement contagieuses; le port d'un masque bien ajusté dans les lieux publics intérieurs; le maintien d'une bonne ventilation dans les espaces intérieurs; la distanciation physique, la réduction des contacts et de la fréquentation d'espaces intérieurs bondés et clos; et la pratique de l'étiquette respiratoire et du lavage des mains. Il convient que la promotion de ces mesures soit poursuivie auprès de tous.

## Bibliographie

1. O'Toole Á, Scher E, Rambaut A. VOC reports: lineage list. Oxford: SARS-CoV-2 lineages; 2022 [cited 2022 Apr 20]. Available from: [https://cov-lineages.org/lineage\\_list.html](https://cov-lineages.org/lineage_list.html)
2. Desingu PA, Nagarajan K, Dhama K. Emergence of Omicron third lineage BA.3 and its importance. *J Med Virol*. 2022;94(5):1808-10. Available from: <https://doi.org/10.1002/jmv.27601>
3. Viana R, Moyo S, Amoako DG, Tegally H, Scheepers C, Althaus CL, et al. Rapid epidemic expansion of the SARS-CoV-2 Omicron variant in southern Africa. *Nature*. 2022;603(7902):679-86. Available from: <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04411-y>
4. World Health Organization. COVID-19 weekly epidemiological update: edition 86: 5 April 2022 [Internet]. Geneva: World Health Organization; 2022 [cited 2022 Apr 18]. Available from: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20220405-weekly-epi-update-86.pdf?sfvrsn=3f01a460\\_4&download=true](https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20220405-weekly-epi-update-86.pdf?sfvrsn=3f01a460_4&download=true)
5. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). Weekly epidemiological summary: SARS-CoV-2 whole genome sequencing in Ontario, April 19, 2022 [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 Apr 25]. Available from: [https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/epi/covid-19-sars-cov2-whole-genome-sequencing-epi-summary.pdf?sc\\_lang=en](https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/epi/covid-19-sars-cov2-whole-genome-sequencing-epi-summary.pdf?sc_lang=en)
6. Zou J, Kurhade C, Xia H, Liu M, Xie X, Ren P, et al. Cross-neutralization of Omicron BA.1 against BA.2 and BA.3 SARS-CoV-2. *bioRxiv* 486409 [Preprint]. 2022 Mar 31 [cited 2022 Apr 7]. Available from: <https://doi.org/10.1101/2022.03.30.486409>
7. Arora P, Zhang L, Rocha C, Sidarovich A, Kempf A, Schulz S, et al. Comparable neutralisation evasion of SARS-CoV-2 omicron subvariants BA.1, BA.2, and BA.3. *Lancet Infect Dis*. 2022 Apr 12 [Epub ahead of print]. Available from: [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(22\)00224-9](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(22)00224-9)
8. Kurhade C, Zou J, Xia H, Cai H, Yang Q, Cutler M, et al. Neutralization of Omicron BA.1, BA.2, and BA.3 SARS-CoV-2 by 3 doses of BNT162b2 vaccine. *bioRxiv* 485633 [Preprint]. 2022 Mar 28 [cited 2022 Apr 7]. Available from: <https://doi.org/10.1101/2022.03.24.485633>
9. Ai J, Wang X, He X, Zhao X, Zhang Y, Jiang Y, et al. Antibody resistance of SARS-CoV-2 Omicron BA.1, BA.1.1, BA.2 and BA.3 sub-lineages. *bioRxiv* 487489 [Preprint]. 2022 Apr 7 [cited 2022 Apr 8]. Available from: <https://doi.org/10.1101/2022.04.07.487489>
10. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). Conditions for the emergence of new SARS-Cov-2 variants [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 Apr 20]. Available from: [https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/voc/2022/03/covid-19-conditions-emergence-new-variants.pdf?sc\\_lang=en](https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/voc/2022/03/covid-19-conditions-emergence-new-variants.pdf?sc_lang=en)
11. Kumar S, Karuppanan K, Subramaniam G. Omicron (BA.1) and sub-variants (BA.1, BA.2 and BA.3) of SARS-CoV-2 spike infectivity and pathogenicity: a comparative sequence and structural-based computational assessment. *bioRxiv* 480029 [Preprint]. 2022 Feb 11 [cited 2022 Apr 18]. Available from: <https://doi.org/10.1101/2022.02.11.480029>



12. Abbas Q, Kusakin A, Sharrouf K, Jyakhwo S, Komissarov AS. Follow-up investigation and detailed mutational characterization of the SARS-CoV-2 Omicron variant lineages (BA.1, BA.2, BA.3 and BA.1.1). bioRxiv 481941 [Preprint]. 2022 Feb 26 [cited 2022 Apr 7]. Available from: <https://doi.org/10.1101/2022.02.25.481941>
13. European Centre for Disease Prevention and Control. Assessment of the further spread and potential impact of the SARS-CoV-2 Omicron variant of concern in the EU/EEA, 19th update [Internet]. Stockholm: European Centre for Disease Prevention and Control; 2022 [cited 2022 Apr 18]. Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/RRA-19-update-27-jan-2022.pdf>
14. Communicable Diseases Genomics Network. PHLN/CDGN laboratory case definition: SARS-CoV-2 variant of concern (VOC) Omicron [Internet]. Melbourne: Communicable Diseases Genomics Network; 2021 [cited 2022 Apr 18]. Available from: <https://static1.squarespace.com/static/5e4f5b7ee8b790561bbb65e4/t/61c39eec284ead034cd90776/1640210157313/FINAL+-+CDGN+laboratory+case+definition+SARS-CoV-2+variant+of+concern+VOC+Omicron+-+20+December+2021.pdf>
15. cov-lineages; O'Toole Á, Hinrichs A, Rambaut A. pango-designation [Internet]. 2021 [cited 2022 Apr 18]. GitHub. Third sublineage in B.1.1.529 (Omicron-related) #367. Available from: <https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/367>
16. Jung C, Kmiec D, Koepke L, Zech F, Jacob T, Sparrer Konstantin MJ, et al. Omicron: what makes the latest SARS-CoV-2 variant of concern so concerning? J Virol. 2022;96(6):e02077-21. Available from: <https://doi.org/10.1128/jvi.02077-21>
17. Latif AA, Mullen JL, Alkuzweny M, Tsueng G, Cano M, Haag E, et al; Center for Viral Systems Biology. outbreak.info: BA.3 lineage report [Internet]. La Jolla, CA: SuLab; 2022 [cited 2022 Apr 20]. Available from: <https://outbreak.info/situation-reports?pango=BA.3>
18. European Centre for Disease Prevention and Control. Communicable disease threats report: CDTR week 14, 3-9 April 2022 [Internet]. Stockholm: European Centre for Disease Prevention and Control; 2022 [cited 2022 Apr 18]. Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/Communicable-disease-threats-report-9-april-2022-public.pdf>
19. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). Enhanced epidemiological summary: confirmed cases of COVID-19 following vaccination in Ontario: December 14, 2020 to April 10, 2022 [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 Apr 25]. Available from: [https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/epi/covid-19-epi-confirmed-cases-post-vaccination.pdf?sc\\_lang=en](https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/epi/covid-19-epi-confirmed-cases-post-vaccination.pdf?sc_lang=en)

## Citation

Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). SRAS-CoV-2 Omicron variante sous-lignée BA.3. 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.

## Pour en savoir plus

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

## Santé publique Ontario

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

Pour obtenir plus de renseignements au sujet de SPO, veuillez consulter [santepubliqueontario.ca](http://santepubliqueontario.ca).