

RÉSUMÉ DES PREUVES PERTINENTES

Variant Omicron BA.2 du SRAS-CoV-2 et sous-lignées de BA.2 : données probantes et évaluation des risques (à jour en date du 14 juin 2022)

Publication : 17 juin 2022

Messages clés

- D'après le séquençage représentatif, les variants les plus prévalents du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2) en Ontario pendant la semaine du 22 au 28 mai 2022 étaient Omicron BA.2 (41,3 %), BA.2.12.1 (25,8 %), BA.2.12 (7,7 %), BA.2.3 (7,5 %), BA.2.20 (3,8 %), BA.2.9 (3,6 %), BA.5 (2,9 %), BA.1.1 (1,3 %), BA.4 (1,3 %) et BA.2.3.4 (0,9 %).
- Le taux de croissance hebdomadaire de BA.2.12.1 est environ 1,74 fois supérieur à celui de BA.2 et il pourrait donc devenir le variant dominant au cours des prochaines semaines. Une augmentation de la prévalence de BA.4 et de BA.5 au cours des dernières semaines suggère que ces variants pourraient également devenir dominants en Ontario.
- Il existe une neutralisation croisée variable des anticorps provoquée par les infections entre les variants du SRAS-CoV-2, ce qui rend difficile l'évaluation du niveau de protection contre une réinfection par d'autres variants.
- Parmi les personnes admissibles aux tests PCR en Ontario, le nombre de cas positifs et les taux de positivité des tests continuent de diminuer; toutefois, les programmes de surveillance des eaux usées montrent des signes précurseurs d'une augmentation de la positivité à l'heure actuelle. L'impact potentiel de la prévalence croissante de BA.2.12.1, qui est plus transmissible que la lignée BA.2 actuellement dominante dont la prévalence diminue en Ontario, n'est pas clair pour l'instant.
- En dépit des tendances épidémiologiques à la baisse en Ontario, le nombre quotidien de cas de COVID-19 et les taux de positivité des tests restent élevés par rapport aux vagues précédentes de la pandémie. Certaines mesures de santé publique, comme l'obligation provinciale de porter un masque, ont été levées, ce qui entraîne une incertitude accrue quant à la progression de la pandémie. Des mesures de réduction de la transmission au niveau de la population et au niveau des individus, en particulier dans les lieux publics intérieurs essentiels (p. ex. épiceries), peuvent contribuer à réduire au minimum les effets inévitables sur les personnes les plus à risque de maladie grave en raison de facteurs médicaux ou sociaux, sur les personnes non admissibles à la vaccination (c.-à-d. les enfants de moins de 5 ans) et sur les personnes touchées par les perturbations dans les milieux scolaires et autres milieux essentiels (p. ex. lorsque des personnes ne peuvent pas assister aux cours parce qu'elles sont infectées ou symptomatiques).

- Les mesures de santé publique qui réduisent le risque de transmission peuvent être superposées à une stratégie de vaccination pour réduire le nombre de cas dus à un variant dominant plus transmissible et à l'émergence d'une sous-lignée encore plus transmissible (c.-à-d. BA.2.12.1). Les mesures de santé publique peuvent inclure la ventilation, l'utilisation d'espaces extérieurs et de moyens de transport, et le port du masque dans la mesure du possible à l'intérieur dans les milieux intérieurs clos, bondés et impliquant des contacts étroits. La prévention de niveaux élevés de transmission communautaire atténuera également l'incidence et les répercussions du syndrome post-COVID-19 (SPC, aussi appelé « COVID-19 longue »), pour lesquels des données probantes s'accumulent.

Enjeu et objet de la recherche

Il existe des sous-lignées PANGO multiples et croissantes associées au variant préoccupant (VP) B.1.1.529 (Omicron).^{1,2} Les principales sous-lignées BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 et BA.5 peuvent également avoir leurs propres sous-lignées (p. ex. BA.1.1, BA.2.12, BA.2.12.1, BA.2.3, BA.2.20, BA.2.9). Compte tenu des changements possibles à la transmissibilité et à la gravité de ces sous-lignées ou à l'efficacité des vaccins contre celles-ci comparativement aux autres VP, il est important de surveiller leurs répercussions potentielles dans le contexte de l'Ontario. Le présent résumé des preuves pertinentes met à jour le rapport sur BA.2 de Santé publique Ontario (SPO) publié le 3 juin 2022.^{3,4} Les données probantes sur les sous-lignées BA.1 et BA.3, ainsi que sur les lignées recombinantes (p. ex. XD, XE, XF), sont disponibles dans d'autres rapports et peuvent être incluses dans le présent document pour des raisons de contexte.⁵⁻⁷ Les sous-lignées Omicron BA.4 et BA.5 seront couvertes dans un rapport ultérieur.

Méthodes

Le personnel des Services de bibliothèque de SPO a effectué des recherches quotidiennes dans la littérature primaire et les prépublications à l'aide de la base de données MEDLINE (stratégies de recherche disponibles sur demande). Les prépublications sont des documents de recherche qui n'ont pas fait l'objet d'un examen par les pairs, mais qui sont mis à la disposition du public afin de fournir les données les plus récentes concernant l'évolution rapide de la pandémie de COVID-19. L'évaluation critique formelle de la littérature publiée et des prépublications sur la COVID-19 n'entre pas dans le cadre de la présente évaluation des risques effectuée par SPO. SPO a effectué quotidiennement des recherches dans la littérature grise à l'aide de divers fils d'actualité et des moteurs de recherche personnalisés. Les documents de langue anglaise examinés par les pairs et les prépublications qui décrivaient des variants de la COVID-19 ont été inclus. Les sections des évaluations de risques antérieures pour lesquelles il n'y a pas de nouvelle littérature digne d'intérêt ont été supprimées de la présente mise à jour.

Évaluation des risques en Ontario

Le risque actuel de transmissibilité d'Omicron en Ontario est élevé, avec un faible degré d'incertitude attribuable à BA.2 et aux sous-lignées qui émergent actuellement (p. ex. BA.2.12). Le risque de maladie grave est faible, avec un degré d'incertitude élevé. Le risque de réinfection est élevé avec un degré modéré d'incertitude. Le risque d'infection postvaccinale est élevé, avec un degré élevé d'incertitude. Le risque d'incidence sur les tests est faible, avec un faible degré d'incertitude. L'évaluation globale du risque peut changer à mesure que de nouvelles données probantes émergent (voir le **tableau 1**).

Autres éléments à prendre en compte

- Les séquelles post-COVID-19 (SPC ou « COVID longue ») ne sont pas prises en compte dans le tableau d'évaluation des risques, toutefois, plusieurs études suggèrent que les séquelles et leur incidence varient.⁸⁻¹² Si l'on considère le SPC dans une évaluation des risques pour une population ou une personne, le risque pourrait être modéré, avec un degré d'incertitude modéré. La prévention de niveaux élevés de transmission communautaire de la COVID-19 pourrait atténuer l'incidence du SPC et ses répercussions à long terme.
- L'émergence de nouvelles sous-lignées Omicron en Ontario introduit une incertitude jusqu'à ce que l'on en sache plus sur leur transmissibilité, leur gravité, leur évasion immunitaire et leur potentiel de détection dans le contexte de l'Ontario.
- Les données probantes montrent que BA.2.12.1 a un avantage de croissance sur BA.1 et BA.2 (voir le texte ci-dessous et la section Transmissibilité). Même s'il s'avère que BA.2.12.1 n'est pas plus grave que BA.1 et BA.2, le potentiel de transmissibilité accru de BA.2.12.1 suggère que le nombre total de cas (et potentiellement le nombre total de cas graves) devrait augmenter. La couverture vaccinale élevée, l'immunité due aux infections antérieures et la prise de mesures supplémentaires de santé publique pourraient atténuer l'augmentation du nombre de cas découlant des sous-lignées émergentes.
 - Des études sur BA.1/2 ont démontré qu'une série primaire de vaccins contre la COVID-19 complète et, pour les personnes admissibles, la ou les doses de rappel recommandées, offrent une protection accrue contre les conséquences graves. La ou les doses supplémentaires réduisent également le risque d'infection symptomatique; toutefois, l'EV contre l'infection symptomatique est plus faible et baisse plus rapidement que celle contre la maladie grave.¹³ En date du 6 juin 2022, 49,9 % (7 355 601 personnes) de la population de l'Ontario avaient obtenu leur série primaire de vaccins contre la COVID-19 et reçu au moins une dose de rappel, et 30,8 % (1 093 425 personnes) de la population admissible de l'Ontario âgée de 60 ans et plus avaient obtenu leur série primaire et reçu deux doses de rappel.¹⁴
- Au fur et à mesure que les outils de surveillance du séquençage du génome entier (WSG) s'améliorent et que de nouveaux variants se voient attribuer une lignée PANGO, d'autres sous-lignées Omicron et recombinants pourraient être identifiés. En raison de la nature dynamique des variants du SRAS-CoV-2 des limites des outils disponibles, « BA.2 » et ses sous-lignées peuvent inclure des variants émergents qui n'ont pas encore reçu de désignation PANGO.
- Les hospitalisations attribuables à la COVID-19 ont diminué après le déclin de la vague BA.1; toutefois, les absences des travailleurs de la santé, les pénuries et les répercussions sur les soins planifiés pourraient rester problématiques pendant la période actuelle de transmission communautaire prolongée. La transmission d'autres virus respiratoires (p. ex. la grippe) est un autre élément à prendre en considération dans la planification du rétablissement et de la capacité du système de soins de santé en Ontario.¹⁵

- Bien que l'Ontario entre dans la période estivale, qui a été une période de transmission plus faible pour la COVID-19 au cours des deux dernières années, et que les gens puissent se rassembler à l'extérieur, ce qui réduit le risque d'événements de transmission, les principaux facteurs de risque accru en Ontario en ce moment sont les suivants (sans ordre particulier) : premièrement, l'immunité contre le SRAS-CoV-2 a diminué chez les personnes qui ont reçu leur dernier vaccin il y a plus de quatre mois, et encore plus chez les personnes qui ont reçu deux doses comparativement à trois doses; deuxièmement, BA.2.12.1 est plus transmissible que les sous-lignées antérieures et sa représentation proportionnelle en Ontario augmente selon les activités de surveillance du WGS; troisièmement, bien que les souches puissent partager un ancêtre et une sous-lignée communs, il peut y avoir des mutations ponctuelles et des changements antigéniques importants entre les souches évolutives de la même sous-lignée (p. ex. BA.2.12 par rapport à BA.2.12.1), ce qui entraîne une neutralisation croisée variable des anticorps après une infection. Par conséquent, les réinfections et les infections postvaccinales pourraient entraîner une résurgence de la COVID-19.

Épidémiologie en Ontario

Depuis le 31 décembre 2021, les tests PCR sont limités aux populations qui présentent un risque plus élevé de transmission ou de répercussions résultant de la transmission (p. ex. maladie grave, systèmes de soins de santé). Les directives provinciales sur les tests PCR ont été mises à jour le 11 avril 2022, en ce qui a trait à l'admissibilité au traitement de la COVID-19 (p. ex. l'inclusion de toutes les personnes symptomatiques âgées de 70 ans et plus).¹⁶ Le nombre de cas est principalement basé sur des tests moléculaires positifs provenant de ces populations ciblées et reste donc une sous-estimation du nombre total de cas de COVID-19 dans la province (p. ex. les populations non admissibles aux tests moléculaires ou qui utilisent des tests antigéniques ne sont pas incluses). De plus, la surveillance représentative du WGS n'est effectuée que pour les cas où les résultats du test moléculaire sont positifs. Les modifications apportées aux tests, aux rapports et à la manière de définir les variables épidémiologiques (p. ex. les hospitalisations et les décès liés à la COVID-19) ont nécessité un réétalonnage des modèles épidémiologiques et une compréhension plus approfondie des nouvelles sources de données (p. ex. les tests des eaux usées). La triangulation entre les indicateurs peut augmenter la confiance dans les tendances.¹⁷

- Le Réseau génomique COVID-19 de l'Ontario est passé du séquençage de 10 % des échantillons admissibles à 25 % le 12 mai 2022 et à 100 % le 10 juin 2022.¹⁸
 - Le variant du SRAS-CoV-2 le plus prévalent pendant la semaine du 22 au 28 mai 2022 était BA.2 (41,3 %), suivi de BA.2.12.1 (25,8 %), BA.2.12 (7,7 %), BA.2.3 (7,5 %), BA.2.20 (3,8 %), BA.2.9 (3,6 %), BA.5 (2,9 %), BA.1.1 et BA.4 (1,3 % chacun) et BA.2.3.4 (0,9 %).¹⁹
 - La proportion de BA.2 a diminué, passant de 54,5 % (du 15 au 21 mai) à 41,3 % (du 22 au 28 mai). La proportion de BA.2.12.1 a augmenté, passant de 16,8 % (du 15 au 21 mai) à 25,8 % (du 22 au 28 mai). La proportion de cas de BA.5 a augmenté, passant de 1,2 % (du 15 au 21 mai) à 2,9 % (du 22 au 28 mai). La proportion de cas de BA.4 a augmenté, passant de 0,7 % (du 15 au 21 mai) à 1,3 % (du 22 au 28 mai).
 - Du 6 mars au 28 mai 2022, le taux de croissance hebdomadaire relatif à BA.2 s'établissait à : 1,74 (intervalle de confiance [IC] de 95 % 1,69-1,80) pour BA.2.12.1 et 1,23 (IC de 95 % 1,19-1,27) pour BA.2.12.

- Le nombre hebdomadaire de cas confirmés de COVID-19 présente une tendance à la baisse depuis la semaine du 17 avril 2022.²⁰ Du 29 mai au 4 juin 2022, 5 319 cas ont été signalés aux bureaux de santé publique par rapport à 6 049 cas la semaine précédente.²¹ Toutefois, par groupe d'âge, les taux de cas ont augmenté la semaine du 29 mai au 4 juin 2022 par rapport à la semaine précédente dans les groupes d'âge de 0 à 4 ans (7,0 %), de 5 à 11 ans (1,9 %) et de 12 à 19 ans (7,9 %); il s'agit de la première augmentation dans ces groupes d'âge depuis la semaine du 3 au 9 avril 2022. En général, le nombre de cas devrait être interprété avec prudence en raison de changements à l'admissibilité aux tests.
- Depuis le début du mois d'avril 2022, le taux de positivité des tests signalé par SPO était relativement stable, autour de 18-19 %, avant d'amorcer une tendance à la baisse.²² Le 10 juin 2022, SPO a signalé un taux de positivité des tests de 7,1 %.²² Bien que le taux de positivité diminue lentement depuis la fin d'avril, il reste relativement élevé comparativement aux périodes précédentes de la pandémie.
- Le nombre de cas parmi les résidents des foyers de soins de longue durée (FSLD) était moins élevé pour les semaines du 22 mai au 4 juin 2022 (700 cas) comparativement aux deux semaines précédentes (1 190 cas du 8 au 21 mai 2022).²³ Le nombre d'éclotions (25 par rapport à 63), d'hospitalisations (13 par rapport à 31) et de décès (2 par rapport à 33) chez les résidents a également diminué pendant les semaines du 22 mai au 4 juin comparativement aux deux semaines précédentes.
- Les hospitalisations, les admissions à l'unité de soins intensifs (USI) et les décès sont des indicateurs tardifs, qui surviennent souvent plusieurs jours ou semaines après que les cas ont été initialement déclarés aux bureaux de santé publique, et font l'objet de retards de déclaration (c.-à-d. signalement à la santé publique ou saisie dans la Solution de gestion des cas et des contacts [Solution GCC]). Par conséquent, les tendances peuvent évoluer et ne sont pas nécessairement représentatives de la situation la plus récente. Sur la base des renseignements inclus dans la Solution GCC en date du 4 juin 2022, de la semaine du 1^{er} mai 2022 à la semaine du 22 mai 2022, les hospitalisations hebdomadaires ont diminué de 521 à 245, les admissions hebdomadaires en USI ont diminué de 59 à 32, et les décès hebdomadaires ont diminué de 124 à 52,²⁴
- Le 14 juin 2022, l'Ontario Dashboard indiquait que le nombre de cas de COVID-19, le taux de positivité, le taux d'occupation des hôpitaux et le nombre d'occupants des USI étaient en baisse, mais le signal des eaux usées à l'échelle provinciale présentait une tendance à la hausse, ce qui semble indiquer que la transmission communautaire pourrait être à la hausse de nouveau. L'incertitude demeure quant à la poursuite de ces tendances.²⁵

Tableau 1. Évaluation des risques pour la sous-lignée BA.2 du variant Omicron du SRAS-C-V-2 et les sous-lignées de BA.2

Problèmes	Niveau de risque	Degré d'incertitude
Transmissibilité accrue	Élevé	Bas
Gravité de la maladie	Bas	Élevé
Réinfection par la COVID-19	Élevé	Moyen
Efficacité réduite des vaccins ou infections postvaccinales	Élevé	Élevé
Répercussions sur les tests de dépistage	Bas	Bas

Épidémiologie dans d'autres territoires

Canada

La surveillance WGS à travers le Canada a indiqué que, parmi les échantillons de SRAS-CoV-2 prélevés la semaine du 22 mai 2022 (les données continuent à s'accumuler), 100 % étaient Omicron, y compris : 1,6 % BA.1.1, 90,8 % BA.2 et ses sous-lignées [38,8 % BA.2, 27,8 % BA.2.12.1, 16,9 % BA.2.3, 7,3 % autre BA.2], 4,6 % BA.4 et 3,0 % BA.5.²⁶ Le 10 juin 2022, le gouvernement du Canada a passé d'une déclaration quotidienne à une déclaration hebdomadaire des indicateurs épidémiologiques de la COVID-19. L'Agence de la santé publique du Canada (ASPC) a signalé que pour la période du 29 mai au 7 juin 2022, le nombre moyen de cas signalés quotidiennement a diminué de 6 % (de 1 464 à 1 376), le pourcentage moyen de tests positifs a diminué de 0,4 % (de 8,8 % à 8,4 %), et le nombre moyen de décès signalés quotidiennement a diminué de 28 % (de 18 à 13).²⁷

Autres territoires sélectionnés

À l'échelle mondiale : L'Organisation mondiale de la santé (OMS) a signalé qu'au cours de la semaine du 15 au 20 mai, la prévalence des sous-lignées BA.2.12.1, BA.5 et BA.4 était en hausse dans le monde et elles représentaient respectivement 28 %, 4 % et 2 % des sous-lignées en circulation.²⁸ Du 30 mai au 5 juin 2022, le nombre de cas et de nouveaux décès hebdomadaires à l'échelle mondiale ont diminué respectivement de 12 % et 22 %, comparativement à la semaine précédente. Les lignées Omicron BA.1, BA.1.1., BA.1.X (BA.1 et les sous-lignées descendantes regroupées) et BA.3 ont diminué à <1 %. L'OMS a signalé que le nombre de séquences recombinantes du SRAS-CoV-2 soumises à la base de données GISAID continue de diminuer chaque semaine, représentant désormais <0,1 % des séquences soumises pendant la semaine.²⁰ L'OMS note que les tendances devraient être interprétées avec prudence parce que plusieurs pays ont modifié leurs stratégies de tests pour la COVID-19. L'OMS recommande de maintenir une surveillance renforcée du dépistage et du séquençage du SRAS-CoV-2 pendant la phase aiguë de la pandémie.

Angleterre : Le rapport le plus récent de la UK Health Security Agency (UKHSA) sur les VP et les variants d'intérêt (VI) indique que pour l'Angleterre, parmi les cas séquencés entre le 24 avril et le 8 mai 2022, 97,0 % étaient de la lignée Omicron BA.2 (VOC-22JAN-01), 0,4 % étaient BA.1 (VOC-21NOV-01), 2,6 % étaient composés de BA.4 (VOC-22APR-03), de la lignée Omicron BA.5 (VOC-22APR-04) et de la lignée recombinante Omicron XE (V-22APR-02).^{4,29} Depuis le 1^{er} avril 2022, le dépistage des cas symptomatiques et asymptomatiques universel et gratuit n'est plus disponible pour le grand public en Angleterre (indications des tests du « deuxième pilier »).³⁰ Les taux de cas et la positivité des tests pour les indications des tests de « premier pilier » (c.-à-d. tests pour les personnes ayant un besoin clinique et les travailleurs de la santé et des soins) sont restés semblables au cours de la semaine du 6 au 12 juin 2022 comparativement à la semaine précédente.³¹ Vers la même période, les programmes d'écouvillonnage sentinelle des médecins généralistes britanniques ont signalé un test positif. Du 3 au 9 juin 2022, 58 590 personnes ont présenté un résultat de test positif confirmé, ce qui représente une augmentation de 64,5 % comparativement aux sept jours précédents.³² L'Office for National Statistics (ONS) a indiqué des signes précurseurs d'une augmentation possible du nombre de cas de COVID-19.³³ Du 5 au 12 juin 2022, 4 305 personnes ont été hospitalisées souffrant de la COVID-19, ce qui représente une augmentation de 33,0 % comparativement aux sept jours précédents.³² Du 3 au 9 juin 2022, 273 décès ont été signalés dans les 28 jours qui suivaient un test positif pour le SRAS-CoV-2, ce qui représente une baisse de 17,0 % comparativement aux sept jours précédents.

États-Unis : Selon les projections de modélisation NOWCAST, les Centres de contrôle et de prévention des maladies des États-Unis (CDC) des États-Unis ont estimé que pour la semaine se terminant le 11 juin 2022, environ 100 % des cas de SRAS-CoV-2 étaient des cas Omicron (64,2 % [IP de 95 % 59,9-68,3 %] BA.2.12.1, 14, 2 % [IP de 95 % 12,7-15,9 %] BA.2, 13,3 % [IP de 95 % 10,0-17,4 %] BA.5, et 8,3 % [IP de 95 % 6,3-10,7 %] BA.4).³⁴ Selon le COVID Data Tracker Weekly Review pour le 10 juin 2022, au 8 juin 2022, la moyenne mobile sur 7 jours des nouveaux cas quotidiens de SRAS-CoV-2 (109 032) a augmenté de 8,0 % par rapport à la moyenne mobile sur 7 jours de la semaine précédente (100 916) et représente le maintien d'une tendance à la hausse du nombre de cas.³⁵ Le taux de positivité moyen sur 7 jours est à la hausse et s'est établi à 13,7 %. La moyenne quotidienne des hospitalisations sur 7 jours du 1^{er} au 7 juin 2022 était de 4 127, soit une augmentation de 8,0 % par rapport à la semaine du 25 au 31 mai 2022 (3 820). La moyenne mobile des décès quotidiens sur 7 jours a augmenté de 18,6 %, de 258 à 306, dans le CDC June 10 2022 Interpretive Summary.

Caractéristiques génomiques et évolution

Les événements de transmission élevée, combinés à d'autres lignées co-circulantes, à une couverture vaccinale sous-optimale et à une baisse de l'immunité, peuvent entraîner une évolution de nouvelles lignées et des événements de recombinaison.^{36,37} Quelques études sont soulignées ci-dessous :

- En utilisant des lignées cellulaires exprimant des orthologues de l'enzyme de conversion de l'angiotensine-2 (ACE2) provenant de différentes espèces animales et des pseudovirus modifiés portant diverses mutations de la protéine S, Neerukonda et coll. ont étudié la capacité de BA.1, BA.1.1, BA.2 et BA.3 à utiliser les orthologues de l'ACE2 provenant du singe vert africain, de la chauve-souris chinoise en fer à cheval, du furet, de la souris, du hamster chinois, du hamster doré syrien, du cerf de Virginie, du porc, de bovins et du pangolin malais.³⁸ Les pseudovirus portant les protéines S d'Omicron ont présenté des niveaux d'infection significativement plus élevés que les pseudovirus portant les protéines S de type sauvage dans les cellules qui expriment les récepteurs ACE2 du singe vert africain, de la chauve-souris chinoise en fer à cheval, du furet, de la souris, du hamster chinois, du hamster doré syrien, du cerf de Virginie (sauf BA.1), du porc et de bovins. Les auteurs concluent que les substitutions de la protéine S dans les sous-lignées BA.1, BA.1.1, BA.2 et BA.3 permettent l'utilisation de divers orthologues de l'ACE2 pour l'entrée et ont donc le potentiel d'élargir le risque que les variants d'Omicron infectent des espèces animales et se propagent de nouveau à l'homme.
- Kannan et coll. ont analysé les séquences génétiques disponibles et les structures de confirmation des complexes combinés protéine S-récepteur ACE2 ou protéine S-anticorps, et ont effectué des simulations de dynamique moléculaire pour mieux comprendre le profil de mutation du BA.2 et l'impact des mutations sur les interactions avec le récepteur ou les anticorps monoclonaux.³⁹ Les analyses de séquences ont révélé un total de 50 mutations signatures dans BA.2 (avec une prévalence de ~100 %), par rapport aux 48 mutations présentes dans BA.1. En outre, 17 mutations de BA.1 n'étaient pas présentes dans BA.2 et BA.2 présentait 19 mutations qui n'étaient pas présentes dans BA.1. Sur les 50 mutations signatures de BA.2, 28 (56 %) se trouvaient dans la protéine S. En outre, 8 des 28 mutations de la protéine S de BA.2 n'étaient pas présentes dans BA.1, et 12 des 32 mutations de la protéine S de BA.1 n'étaient pas présentes dans BA.2. Vingt sites de mutation étaient partagés par BA.1 et BA.2. Sur les 28 mutations de la protéine S de BA.2, 24 concernaient la sous-unité S1, qui intervient dans la liaison initiale du récepteur. Les auteurs notent que la présence de la mutation G142D dans BA.2, qui était une mutation caractéristique du variant Delta hautement infectieux et pathogène, suggère que BA.2 pourrait échapper à la reconnaissance des anticorps monoclonaux par un mécanisme similaire à celui du variant Delta. En bref, les auteurs concluent qu'il semble que BA.2 ait conservé la majeure partie du profil mutationnel de BA.1, mais qu'il présente des mutations supplémentaires, notamment la G142D du variant Delta qui améliore l'évasion de la liaison des anticorps, tout en préservant certains résidus du SARS-CoV-2 de type sauvage pour maintenir la liaison du récepteur.

Tests

Tests antigéniques : La plupart des tests antigéniques utilisés en Ontario détectent la protéine de la nucléocapside (N). En théorie, le nombre limité de différences de mutation de la protéine N entre BA.1 et BA.2 (BA.2 ayant une mutation S413R supplémentaire)⁴⁰ suggère que le comportement du test antigénique entre les trois sous-lignées devrait être similaire, bien que des changements conformationnels supplémentaires éloignés de la protéine N puissent également affecter la détection.⁴¹ Récemment, Mak et coll. ont évalué la sensibilité analytique *in vitro* de 12 tests antigéniques pour détecter BA.2.⁴² Les auteurs ont signalé une sensibilité similaire entre les 12 tests, cinq d'entre eux présentant une sensibilité légèrement accrue (jusqu'à 10 fois la différence). Comme prévu, la réaction en chaîne par polymérase (PCR) était au moins 100 fois plus sensible que les tests antigéniques. Les auteurs concluent que les tests antigéniques évalués dans leur étude peuvent être utilisés pour le dépistage de première ligne de BA.2. Des résultats semblables ont été constatés au Laboratoire national de microbiologie (LNM) de l'ASPC, où la limite de détection des souches Wuhan, Alpha, BA.1 et BA.2 était relativement comparable parmi les sept tests antigéniques approuvés par Santé Canada (communication interne; non publié). D'autres études sont nécessaires pour évaluer l'impact clinique des variations des sous-lignées sur le comportement des tests antigéniques dans des contextes réels. Par exemple, la BA.2.20 présente une mutation supplémentaire de la protéine N (D348H) qui n'est pas présente dans les autres sous-lignées Omicron à l'heure actuelle, et ses répercussions sont encore inconnues. Outre les mutations, d'autres différences entre les sous-lignées d'Omicron, telles que la dynamique de la charge virale et le tropisme tissulaire, peuvent affecter l'exactitude des tests antigéniques à différents moments et sites de collecte au cours d'une infection par la COVID-19.

Tests moléculaires : Jusqu'à présent, la capacité de détection des sous-lignées d'Omicron (y compris BA.1 et BA.2) a été maintenue sur les plateformes de tests moléculaires. En raison de la sensibilité intrinsèque plus élevée des tests moléculaires par rapport aux tests antigéniques, une réduction de l'exactitude aux mutations de sous-lignées n'a pas encore été signalée. De plus, les sous-lignées de BA.2 ne sont pas porteuses de la mutation *del69-70* et ne devraient donc pas présenter un schéma d'échec/de perte de cible du gène S dans certains tests moléculaires. De même, comme pour les tests antigéniques, les différences entre les sous-lignées d'Omicron, telles que la dynamique de la charge virale et le tropisme tissulaire, peuvent affecter l'exactitude des tests moléculaires à différents moments et sites de collecte au cours d'une infection par la COVID-19.

Surveillance du séquençage du génome entier : Les sous-lignées de BA.2 actuelles peuvent être détectées et différenciées avec le pipeline bio-informatique pangolin utilisé par le réseau génomique COVID-19 de l'Ontario pour la surveillance WGS.⁴³

Transmissibilité

On ne sait toujours pas dans quelle mesure la transmission accrue de BA.2 comparativement à BA.1 ou à BA.1.1, et de BA.2.12.1 comparativement à BA.2, est attribuable aux caractéristiques inhérentes de ces sous-lignées (c.-à-d. la charge virale, la capacité accrue d'infecter les cellules, le tropisme tissulaire) ou à l'évasion immunitaire ou à la baisse des anticorps. Des données semblent indiquer que la charge virale plus élevée joue un rôle dans l'avantage de BA.2 par rapport à BA.1 et à BA.1.1.⁴⁴⁻⁴⁶ Pour contextualiser des choses, lorsque BA.1 et BA.1.1 sont apparus, il s'agissait des sous-lignées les plus transmissibles jusqu'alors. Lorsque BA.2 est apparu, il était plus dominant sur le plan de la transmission que BA.1 et BA.1.1. Actuellement, BA.2.12.1 est apparu en Ontario et constitue une proportion croissante des cas, selon la surveillance WGS.⁴⁷ BA.2.12.1 présente une mutation de la protéine S au niveau du résidu L452 qu'on croit conférer une transmissibilité accrue par l'entremise de caractéristiques de fusogénicité cellulaire et d'évasion immunitaire plus élevées.²⁸

- Sofonea et coll. ont analysé l'épidémiologie de BA.1 et de BA.2 en France.⁴⁸ En utilisant les données de séquençage, ils ont estimé que BA.2 avait un avantage de croissance de 48,9 % (IC de 95 % 44,2-53,6 %) par rapport à BA.1. Ils ont également observé que les cas probablement causés par Omicron avaient une valeur de seuil de cycle (Ct) considérablement plus élevée que les cas probablement causés par Delta. Les cas de BA.2 avaient un Ct plus faible que les cas de BA.1, ce qui indique une charge virale plus élevée.
- Hirose et coll. ont évalué la stabilité environnementale et l'efficacité de la désinfection de la souche Wuhan de type sauvage ainsi que des souches Alpha, Beta, Gamma, Delta, BA.1 et BA.2 sur des surfaces de plastique et de peau humaine.⁴⁹ Sur les surfaces en plastique, les durées médianes de survie des souches Wuhan, Alpha, Beta, Gamma, Delta, BA.1 et BA.2 étaient respectivement de 56,0 heures (IC de 95 %, 39,0-76,7 heures), 191,3 heures (IC de 95 %, 152,5-232,1 heures), 156,6 heures (IC de 95 %, 122,7-192,9 heures), 59,3 heures (IC de 95 %, 43,9-77,7 heures), 114,0 heures (IC de 95 %, 91,3-139,1 heures), 193,5 heures (IC de 95 %, 153,1-236,2 heures) et 199,7 heures (IC de 95 %, 163,9-237,1 heures), respectivement, et sur la peau humaine, les temps de survie médians étaient de 8,6 heures (IC de 95 %, 6,5-10,9 heures), 19,6 heures (IC de 95 %, 14,8-25,3 heures), 19,1 heures (IC de 95 %, 13,9-25,3 heures), 11,0 heures (IC de 95 %, 8,1-14,7 heures), 16,8 heures (IC de 95 %, 13,1-21,1 heures), 21,1 heures (IC de 95 %, 15,8-27,6 heures) et 22,5 heures (IC de 95 %, 16,3-29,7 heures), respectivement. Ainsi, BA.1 et BA.2 présentaient une stabilité semblable et les durées de survie les plus longs parmi les souches testées. Les analyses de la demi-vie présentaient des tendances semblables. Les analyses de désinfection *in vitro* ont montré que la souche Wuhan et Gamma étaient complètement inactivées en 15 secondes par 32,5 % d'EA (efficacité de l'éthanol, réduction log > 4), et que BA.1 et BA.2 étaient complètement inactivées en 15 secondes par 40 % d'EA. La concentration d'éthanol nécessaire pour obtenir une diminution logarithmique de 3,5 du titre de virus dans une réaction de désinfection de 15 secondes pour la souche Wuhan, Alpha, Beta, Gamma, Delta, BA.1 et BA.2 était de 27,5 %, 29,3 %, 29,7 %, 27,3 %, 30,2 %, 31,1 % et 32,7 %, respectivement. Sur la peau humaine, tous les virus ont été complètement inactivés après une exposition à 35 % d'EA pendant 15 secondes. Les auteurs affirment que la grande stabilité environnementale de BA.1 et BA.2 pourrait augmenter le risque de transmission par contact et contribuer à la propagation de ces variants.

- Zhang et coll. ont suivi les caractéristiques d'émission d'aérosols des patients infectés par BA.2 (n=51) ou BA.1 (n=34) ainsi que les taux de croissance du virus dans les cellules humaines, et ont analysé la relation entre la charge virale dans les voies respiratoires supérieures et la quantité d'aérosols viraux exhalés.⁵⁰ Le taux total de positivité des échantillons de condensat d'haleine expirée (EBC) des patients atteints de BA.1 était de 17,65 %, alors qu'il était de 29,41 % pour les patients atteints de BA.2. La valeur Ct des écouvillons de la gorge ciblant les gènes ORF1ab et N à l'admission était plus élevée chez les patients BA.2 par rapport aux patients atteints par BA.1 (pour le gène N, *P = 0,027; pour le gène ORF1ab, **P = 0,009). Le taux d'émission respiratoire (TER) moyen du virus pour les patients atteints de BA.1 était de $1,48 \times 10^4$ à $4,04 \times 10^5$ copies/heure, tandis que le TER global des patients atteints de BA.2 était de $2,06 \times 10^4$ à $2,93 \times 10^6$ copies/heure. Les patients atteints de BA.1 et ceux atteints de BA.2 présentaient un TER moyen semblable au début de l'infection. Les auteurs ont observé que la charge virale dans les voies respiratoires supérieures présentait une tendance similaire à celle du TER. Les auteurs concluent que la charge virale dans les voies respiratoires supérieures et la quantité d'aérosols viraux exhalés ont les mêmes tendances de variation, ce qui peut fournir des preuves de l'augmentation de la transmissibilité des variants du SRAS-CoV-2 lorsque les charges virales dans les voies respiratoires supérieures ont également augmenté.

Gravité de la maladie

- Loconsole et coll. ont décrit les 284 premiers patients atteints de BA.2 dans le sud de l'Italie et ont évalué les différences dans les caractéristiques cliniques des patients infectés par BA.1 (n=175) par rapport à BA.2.⁵¹ Sur les 284 patients atteints de BA.2, 163 (57,4 %) étaient asymptomatiques, contre 138 (78,9 %) des cas de BA.1. 74 infections par BA.2 (26,1 %) étaient légères contre 31 (17,7 %) pour les cas de BA.1 (p=0,039), 35 infections par BA.2 (13,3 %) étaient modérées contre 6 (3,4 %) pour les cas de BA.1 (p=0,0005). 66 cas de BA.2 (23,2 %) ont nécessité une hospitalisation contre 29 (16,6 %) cas de BA.1 (p=0,086), et cinq cas de BA.2 (1,7 %) sont décédés contre aucun décès parmi les cas de BA.1. L'infection légère était définie comme l'absence de fièvre (< 38 °C) avec toux, malaise ou symptômes gastro-intestinaux, et l'infection modérée était définie comme une fièvre (≥ 38 °C), des symptômes des voies respiratoires supérieures, une anosmie/agueusie ou des symptômes gastro-intestinaux. Le nombre de réinfections a augmenté, passant de 0,06 % au cours de la semaine 6 de 2022 à 2,2 % au cours de la semaine 10. Bien qu'aucun de ces patients ne présentait une maladie grave (présence d'une fièvre ≥ 38 °C avec dyspnée et infection des voies respiratoires inférieures), six d'entre eux ont dû être hospitalisés.
- Sievers et coll. ont utilisé le WGS et la base de données de surveillance nationale allemande pour estimer le rapport de cotes de la progression de la maladie grave associée aux infections par BA.1 et par BA.2 par rapport à l'infection par Delta dans une étude de cohorte rétrospective.⁵² Un pourcentage plus élevé de cas de Delta (8,3 %) a entraîné des hospitalisations par rapport aux cas de BA.1 et de BA.2 (3,0 % d'hospitalisation dans les deux cas); cependant, chez les enfants de moins de 15 ans, il n'y avait pas de différence entre les infections par Delta (1,5 %; 77/5 230) et par BA.1 (1,5 %; 40/2 738) ou BA.2 (1,4 %; 14/977) en matière de fréquence d'hospitalisation. Après ajustement en fonction de la tranche d'âge, du statut vaccinal, du sexe, de l'État fédéral de l'autorité sanitaire notificatrice et de la semaine civile de la notification, le rapport de cotes ajusté (adjOR) de l'hospitalisation pour les infections par BA.1 et BA.2 par rapport à une infection par le variant Delta était similaire (adjOR de

BA.1 : 0,35; IC 95 % : 0,29–0,43 et adjOR de BA.2 : 0,30; IC 95 % : 0,22–0,40). L'analyse par âge a montré que les personnes de 0 à 14 ans ne présentaient pas de différence significative en matière d'hospitalisation en fonction du variant, mais qu'un effet important était observé dans les groupes d'âge de 35 ans et plus (probabilité d'hospitalisation réduite jusqu'à 80 % pour BA.1 et BA.2). En utilisant les mêmes covariables que pour l'hospitalisation, la probabilité qu'un cas de COVID-19 soit admis en soins intensifs était réduite de plus de 80 % pour BA.1 et BA.2 par rapport à Delta (adjOR de BA.1 : 0,20 [IC de 95 % : 0,12–0,32]; adjOR de BA.2 : 0,17 [IC de 95 % : 0,07–0,39]). En utilisant les mêmes covariables que pour l'hospitalisation, la probabilité de décès après une infection par BA.1 ou BA.2 était réduite par rapport à Delta (adjOR de BA.1 : 0,38 [IC 95 % : 0,25–0,58]; adjOR de BA.2 : 0,16 [IC 95 % : 0,08–0,3]).

- Fowle et coll. ont décrit une cohorte affiliée à une université de 44 cas de BA.2 en Arizona, aux États-Unis.⁵³ L'âge médian des patients était de 21 ans (intervalle interquartile 19-24). Au moins 26 (59 %) cas ont présenté au moins un symptôme, dont la plupart étaient compatibles avec une infection virale des voies respiratoires supérieures (p. ex. mal de gorge, rhinorrhée et symptômes de type froid, toux ou fièvre). Seuls 8 (18 %) des cas ont consulté un médecin de la clinique universitaire <7 jours avant ou après la date de prélèvement de leur échantillon positif de BA.2. Aucun des cas n'a été hospitalisé et aucun n'est décédé. Les auteurs notent que, comme leur étude portait sur une cohorte affiliée à une université, les résultats pourraient ne pas être généralisables à des populations plus diverses.

EV et réinfections

La surveillance de l'EV et du risque de réinfection pour BA.2.12.1 et d'autres sous-lignées émergentes de BA.2 est importante pour évaluer l'impact associé à ces sous-lignées en Ontario. Les données probantes sur l'EV et les réinfections continueront d'être confondues par les différences dans les mesures de santé publique et les programmes de vaccination, les antécédents d'infections et le caractère récent et la couverture des programmes de dose de rappel dans l'ensemble des territoires. Plusieurs nouvelles études qui ont vu le jour depuis la dernière évaluation des risques par SPO sont décrites ci-dessous :

- Chemaitelly et coll. ont utilisé une étude cas-témoins à tests appariés négatifs pour estimer la durée de protection des deuxième et troisième doses de vaccins à ARNm contre la COVID-19 contre les infections symptomatiques par BA.1 et BA.2 au Qatar.⁵⁴ L'EV de BNT162b2 (Pfizer-BioNTech) contre l'infection par BA.2 était la plus élevée, soit 51,7 % (IC de 95 % : 43,2-58,9 %) dans les 3 premiers mois après la deuxième dose, puis a diminué jusqu'à environ 10 % ou moins, et a ensuite augmenté à 43,7 % (IC de 95 % : 36,5-50,0 %) au cours du premier mois suivant l'administration d'une troisième dose, puis diminuant légèrement à 40,2 % (IC de 95 % : 34,2–45,7 %) pendant le deuxième mois et par la suite. Les auteurs signalent qu'un schéma similaire a été observé pour l'efficacité du mRNA1273 (Moderna). L'EV contre la COVID-19 grave, critique ou mortelle due à une infection par Omicron (p. ex. BA.1 ou BA.2) était comprise entre 70 et 80 % à tout moment après la deuxième dose de Pfizer-BioNTech ou de Moderna; cependant, l'EV de Pfizer-BioNTech était >90 % et les IC à 95 % pour l'EV de Moderna manquaient de précision statistique en raison du petit nombre de cas hospitalisés. Une analyse de baisse différentielle pour BA.1 par rapport à BA.2 n'a montré aucune différence dans le modèle de baisse dans le temps entre les deux sous-lignées. Les auteurs concluent que l'EV d'un vaccin à ARNm contre les conséquences graves dues aux infections par Omicron est forte après la deuxième dose (>70 %), et encore plus forte après une troisième dose (>90 %) et suggèrent la nécessité d'envisager la mise en œuvre rapide d'une dose supplémentaire de vaccin coïncidant avec l'émergence d'une nouvelle vague ou d'un nouveau variant, au moins pour les personnes les plus vulnérables aux conséquences graves.
- Neerukonda et coll. ont étudié l'activité neutralisante dans les sérums de personnes ayant reçu trois doses du vaccin Pfizer-BioNTech.³⁸ Les titres de neutralisation contre les pseudovirus exprimant les protéines BA.1 (titre moyen géométrique [TMG]:1 087), BA.2 (TMG:961), BA.3 (TMG:916) et BA.1.1 (TMG:916) ont été réduits de 6,6 fois ($p \leq 0,05$), 7,8 fois ($p \leq 0,0005$), 8,2 fois ($p \leq 0,0001$) et 7,7 fois ($p \leq 0,0005$), respectivement, par rapport aux pseudovirus exprimant des protéines S de type sauvage (TMG:7527). D'après les sérums de cinq personnes vaccinées qui ont connu une infection postvaccinale après une troisième dose de vaccin, lorsque BA.1 ou BA.1.1 étaient prédominants, l'activité de neutralisation la plus élevée était contre les pseudovirus exprimant des protéines S de type sauvage (TMG : 16 270) suivi de BA.1 (TMG : 6 204), BA.1.1 (TMG : 5 873), BA.3 (TMG : 5 407) et BA.2 (TMG : 3 906), ce qui est inférieur de 7-8 fois par rapport au type sauvage.

- Qasmieh et coll. ont mené une enquête transversale à New York pendant l'explosion de BA.2/BA.2.12.1, lorsque le nombre officiel de cas de SRAS-CoV-2 était de 49 253 et que BA.2.12.2 représentait 20 % des cas signalés.⁵⁵ Les intervalles de confiance étaient plutôt larges dans leurs analyses. Ils ont observé que la prévalence du SRAS-CoV-2 était plus élevée chez les personnes entièrement vaccinées ayant reçu au moins une dose de rappel (25,2 %, IC de 95 % 19,8 %-30,5 %) que chez les personnes vaccinées qui n'ont pas reçu de dose de rappel (11,8 %, IC de 95 % 3,5 %-20,1 %) et les personnes non vaccinées (18,9 %, IC de 95 % 10,2 %-27,5 %). Les auteurs affirment que ces différences sont probablement dues à des différences d'exposition au SRAS-CoV-2 et de comportements entre les deux groupes. Les personnes qui ont déclaré avoir eu un résultat de test positif au SRAS-CoV-2 une fois dans les 14 jours précédant l'enquête de l'étude (40,4 %, IC de 95 % 27,2 %, IC de 95 % 27,2 %-53,6 %) ou plus d'une fois (39,2 %, IC de 95 % 28,2 %-50,2 %) avaient une prévalence plus élevée que les personnes qui ont déclaré n'avoir jamais eu de résultat de test positif (10,7 %, IC de 95 % 4,7 %-16,6 %). Parmi les personnes qui étaient soit entièrement vaccinées, soit vaccinées avec une dose de rappel, celles qui avaient déjà été infectées par le SRAS-CoV-2 (protection hybride) avaient une prévalence de 28,9 % (IC de 95 % 22,6 %-35,1 %), contre 12,9 % (IC de 95 % 5,6 %-20,1 %) chez celles qui n'avaient pas été infectées par le SRAS-CoV-2 (protection induite par le vaccin uniquement). Parmi les personnes qui n'ont pas été vaccinées ou qui n'avaient pas eu de dose de rappel, celles qui n'avaient qu'une protection induite par l'infection avaient une prévalence de 29,8 % (IC de 95 % 16,6 %-43,1 %), contre 0,9 % (IC de 95 % 0,0 %-2,7 %) parmi celles qui n'avaient aucune protection par le vaccin ou l'infection. Les auteurs déclarent que cela suggère qu'une infection antérieure est un marqueur fort de l'exposition pendant les périodes d'explosion et pourrait être un marqueur de compensation des risques. Les auteurs suggèrent que l'augmentation des premières et deuxièmes doses de vaccin et des doses suivantes dans ce groupe est une stratégie clé pour réduire le risque de COVID grave et de décès dans la population.
- L'étude susmentionnée de Sievers et coll. a également analysé la gravité de BA.2 par rapport à Delta, en fonction du statut vaccinal.⁵² En stratifiant par le statut vaccinal, les proportions d'hospitalisations pour les cas vaccinés (ou ayant reçu au moins une dose de rappel) par rapport aux cas non vaccinés ont été réduites (pour BA.1 : 2,3 % d'hospitalisations (244/10 440) chez les cas vaccinés (ou ayant reçu au moins une dose de rappel) contre 4,3 % chez les non-vaccinés; pour BA.2 : 2,3 % d'hospitalisations (113/4 963) chez les cas vaccinés (ou ayant reçu au moins une dose de rappel) contre 4,7 % chez les non-vaccinés; pour Delta : 7,3 % d'hospitalisations (768/10 482) chez les cas vaccinés (ou ayant reçu au moins une dose de rappel) contre 9,1 % chez les non-vaccinés). Quel que soit le statut vaccinal, la probabilité d'être hospitalisé après une infection par BA.1 ou BA.2 était considérablement réduite par rapport à Delta.
- Hachmann et coll. ont signalé que BA.2.12.1 échappe en grande partie aux anticorps neutralisants (NAb) induits par la vaccination et l'infection.⁵⁶ Deux semaines après l'administration d'une troisième dose du vaccin Pfizer-BioNTech contre la COVID-19, les titres médians d'anticorps neutralisants ont augmenté, mais ont été réduits de 6,4, 7,0 et 14,1 fois pour BA.1, BA.2 et BA.2.12.1, respectivement, par rapport à une souche de type sauvage (WA1/2020). Les titres médians de BA.2.12.1 étaient 2,2 fois plus faibles que ceux de BA.1. Dans la cohorte infectée, une seule personne n'était pas vaccinée (donc presque exclusivement des cas postvaccinaux), les sérums ayant été recueillis une médiane de 29 jours après le diagnostic. Ces sérums ont montré une réduction de 6,4, 5,8 et 9,6 fois des titres de neutralisation à BA.1, BA.2 et BA.2.12.1, par rapport à WA1/2020, respectivement. Les titres médians de BA.2.12.1

étaient 1,5 fois plus faibles que les titres médians de BA.1. Les auteurs concluent que leurs observations indiquent que BA.2.12.1 échappe en grande partie aux anticorps neutralisants induits à la fois par la vaccination et l'infection. Les titres de BA.2.12.1 étaient inférieurs aux titres de BA.1 et de BA.2, ce qui suggère une évolution continue du SARS-CoV-2 avec une capacité croissante à échapper à la neutralisation.

Répercussions pour la pratique

- Bien que les indicateurs épidémiologiques montrent que la vague de BA.2 est en déclin en Ontario, l'émergence de sous-lignées de BA.2 (p. ex. BA.2.12.1, BA.2.3, BA.2.20), ainsi que BA.4 et BA.5, exige une surveillance étroite de leur impact potentiel et de leurs caractéristiques. Tout comme la vague de BA.2 qui a émergé au milieu de la vague de BA.1 et de BA.1.1 en Ontario, d'autres sous-lignées d'Omicron avec une transmissibilité accrue, comme BA.2.12.1, pourraient provoquer une augmentation des cas de COVID-19 pendant l'été et potentiellement inverser les tendances actuelles à la baisse des cas. L'affaiblissement de l'immunité vaccinale, la neutralisation croisée variable des anticorps entre les sous-lignées du SRAS-CoV-2 après une infection et la réduction progressive des mesures de santé publique exigent que l'épidémiologie de la COVID-19 en Ontario soit étroitement surveillée.
- Alors que nous continuons à en apprendre davantage sur les sous-lignées d'Omicron qui circulent en Ontario, pour atteindre les objectifs globaux de l'intervention en cas de pandémie, qui consistent à réduire au minimum la morbidité et la mortalité (y compris le syndrome post-COVID-19), ainsi qu'à réduire au minimum les perturbations sociétales, les interventions actuelles en matière de santé publique pourraient être complétées par des interventions visant à réduire la transmission du SRAS-CoV-2. Il convient d'envisager les mesures les moins restrictives et les plus équitables pour atteindre les objectifs d'intervention en cas de pandémie en fonction des tendances épidémiologiques. Il convient de continuer à promouvoir les différents niveaux de protection pour tous, notamment la vaccination, le fait de rester à la maison en cas de maladie ou de symptômes de la COVID-19, la distanciation physique et l'évitement des lieux bondés, le fait de passer du temps à l'extérieur ou dans des espaces intérieurs bien ventilés, le port d'un masque bien ajusté dans des espaces intérieurs ou des espaces publics fermés (p. ex. les transports publics) et la pratique de l'étiquette respiratoire et du lavage des mains.⁵⁷
- La vaccination contre la COVID-19 demeure une composante essentielle de l'intervention en matière de santé publique dans le contexte actuel, l'accent étant mis sur l'amorce et l'achèvement d'une série primaire au sein de toutes les communautés (y compris celles qui sont sous-vaccinées), ainsi que sur les doses de rappel pour les personnes admissibles. Les groupes présentant un risque plus élevé de conséquences graves devraient être traités en priorité.
 - Bien que la vaccination soit un outil de santé publique essentiel pour la pandémie, parce que la vaccination contre la COVID-19 et l'infection antérieure par le SRAS-CoV-2 ne confèrent pas une immunité stérilisante, une stratégie de lutte contre la pandémie de COVID-19 qui repose entièrement l'immunité induite par la vaccination et l'infection antérieure offrira une capacité limitée à réduire la transmission. En outre, l'EV contre l'infection s'estompe avec le temps, c'est-à-dire que la protection contre l'infection est limitée dans le temps. Bien qu'elles fassent partie intégrante de la réponse à la COVID-19, les limites des vaccins sont plus évidentes dans le contexte des variants qui réduisent l'EV.

De plus en plus de données associées montrent une neutralisation croisée variable des anticorps entre les variants du SRAS-CoV-2 après une infection, ce qui rend difficile l'évaluation du niveau d'immunité contre une réinfection par de futurs variants. Une surveillance continue du WGS, la surveillance des répercussions de la mise en œuvre et de l'élimination des mesures de santé publique et les efforts visant à accroître l'équité en matière de vaccins peuvent aider à préparer l'Ontario aux prochaines étapes de la pandémie de COVID-19.

- Les preuves qu'un nouveau VP du SRAS-CoV-2 pourrait émerger et modifier le cours de la pandémie restent préoccupantes.⁵⁸⁻⁶⁰ Lors d'une conférence de presse tenue le 11 mai 2022, la responsable technique de l'OMS pour la réponse à la COVID-19 a déclaré que « plus le virus circule, plus il a de possibilités de se transformer. ». ⁶¹ L'émergence de la sous-lignée BA.2 au moment où les juridictions connaissaient un déclin des vagues BA.1 et BA.1.1, et l'identification d'autres sous-lignées telles que BA.2.12, BA.4 et BA.5 en Ontario,⁶² en Afrique du Sud et au Portugal,⁶³ soulignent la nécessité d'une surveillance WGS soutenue.
- Il peut être utile de communiquer en permanence à la population les risques élevés de transmission du SRAS-CoV-2 et de la maladie COVID-19, en particulier dans le contexte d'une diminution du nombre de cas, mais d'une forte positivité des tests (parmi les personnes admissibles aux tests), d'une couverture vaccinale <50 % pour la troisième dose et l'émergence de sous-lignées plus transmissibles en Ontario.¹⁴

Bibliographie

1. World Health Organization. Weekly epidemiological update on COVID-19 - 22 March 2022 edition 84 [Internet]. Geneva: World Health Organization; 2022 [cited 2022 May 3]. Available from: <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---22-march-2022>
2. Outbreak.info. BA.2 lineage report [Internet]. Munich: GISAID; 2022 [cited 2022 May 3]. Available from: https://outbreak.info/situation-reports?pango=BA.2&selected=DNK&loc=USA&loc=USA_US-CA&loc=DNK&loc=NOR&loc=CAN&overlay=false
3. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). SARS-CoV-2 Omicron variant sub-lineages BA.4 and BA.5 [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 Jun 14]. Available from: https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/voc/2022/04/omicron-variant-sub-lineage-ba4-ba5.pdf?sc_lang=en
4. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). COVID-19 Omicron variant sub-lineage BA.2 and sub-lineages of BA.2: evidence and risk assessment (up to date as of May 31, 2022) [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 Jun 14]. Available from: https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/voc/covid-19-omicron-risk-assessment.pdf?sc_lang=en
5. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). COVID-19 Omicron variant recombinant lineage: XE [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 Jun 16]. Available from: https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/voc/2022/04/omicron-variant-recombinant-lineage-xe.pdf?sc_lang=en
6. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). Enhanced epidemiological summary: genomic surveillance of emerging SARS-CoV-2 variant, BA.2.20, in Ontario [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 Jun 16]. Available from: https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/epi/covid-19-enhanced-epi-summary-gen-surveillance-emerging-variant-ba220-ontario.pdf?sc_lang=en
7. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). SARS-CoV-2 Omicron variant sub-lineage BA.3 [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 Jun 16]. Available from: https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/voc/2022/04/omicron-variant-sub-lineage-ba3.pdf?sc_lang=en
8. Nguyen NN, Hoang VT, Dao TL, Dudouet P, Eldin C, Gautret P. Clinical patterns of somatic symptoms in patients suffering from post-acute long COVID: a systematic review. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*. 2022;41(4):515-45. Available from: <https://doi.org/10.1007/s10096-022-04417-4>
9. Raman B, Bluemke DA, Lüscher TF, Neubauer S. Long COVID: post-acute sequelae of COVID-19 with a cardiovascular focus. *Eur Heart J*. 2022;43(11):1157-72. Available from: <https://doi.org/10.1093/eurheartj/ehac031>

10. Stefanou M-I, Palaiodimou L, Bakola E, Smyrnis N, Papadopoulou M, Paraskevas GP, et al. Neurological manifestations of long-COVID syndrome: a narrative review. *Ther Adv Chronic Dis*. 2022;13:20406223221076890. Available from: <https://doi.org/10.1177/20406223221076890>
11. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). Impact of vaccination on post-acute COVID-19 syndrome (PACS) – what we know so far [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 May 17]. Available from: https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/COVID-WWKSF/2022/04/impact-vaccination-post-acute-covid-19-syndrome.pdf?sc_lang=en
12. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). Post-acute COVID-19 syndrome (PACS) in adults [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 May 17]. Available from: https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/ipac/2022/04/post-acute-covid-syndrome-pacs.pdf?sc_lang=en
13. European Centre for Disease Prevention and Control. Public health considerations and evidence to support decisions on the implementation of a second mRNA COVID-19 vaccine booster dose: technical report [Internet]. Stockholm: European Centre for Disease Prevention and Control; 2022 [cited 2022 Jun 16]. Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/Public-health-considerations-to-support-decisions-on-implementing-a-second-mRNA-COVID-19-vaccine-booster-dose.pdf>
14. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). COVID-19 vaccine uptake in Ontario: December 14, 2020 to June 5, 2022 [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 Jun 16]. Available from: https://www.publichealthontario.ca/-/media/documents/ncov/epi/covid-19-vaccine-uptake-ontario-epi-summary.pdf?sc_lang=en
15. Australian Government. Department of Health. Australian influenza surveillance report [Internet]. Canberra: Australian Government; 2022 [cited 2022 Jun 16]. Available from: [https://www1.health.gov.au/internet/main/publishing.nsf/Content/cda-surveil-ozflu-flucurr.htm/\\$File/flu-05-2022.pdf](https://www1.health.gov.au/internet/main/publishing.nsf/Content/cda-surveil-ozflu-flucurr.htm/$File/flu-05-2022.pdf)
16. Government of Ontario. COVID-19 clinical assessments and testing [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [modified 2022 Apr 11; cited 2022 May 3]. Available from: <https://covid-19.ontario.ca/covid-19-clinical-assessments-and-testing>
17. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). Omicron in Ontario: risk analysis for approaching public health measures in winter 2022 [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 May 17]. Available from: https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/phm/2022/01/covid-19-omicron-ontario-risk-analysis.pdf?sc_lang=en
18. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). Epidemiologic summary: SARS-CoV-2 whole genome sequencing in Ontario, June 10, 2022. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022. Forthcoming.
19. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). Epidemiologic summary: SARS-CoV-2 whole genome sequencing in Ontario, May 31, 2022. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022. Forthcoming.

20. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). Ontario COVID-19 data tool: case trends [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 May 31]. Available from: <https://www.publichealthontario.ca/en/Data-and-Analysis/Infectious-Disease/COVID-19-Data-Surveillance/COVID-19-Data-Tool?tab=trends>
21. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). Weekly epidemiologic summary: COVID-19 in Ontario – focus on May 29, 2022 to June 4, 2022 [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 Jun 14]. Available from: https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/epi/covid-19-weekly-epi-summary-report.pdf?sc_lang=en
22. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). Ontario COVID-19 data tool: lab tests [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 Jun 14]. Available from: <https://www.publichealthontario.ca/en/data-and-analysis/infectious-disease/covid-19-data-surveillance/covid-19-data-tool?tab=labTests>
23. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). COVID-19 in long-term care homes: focus on May 22, 2022 to June 4, 2022 [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 Jun 14]. Available from: https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/epi/covid-19-long-term-care-epi-summary.pdf?sc_lang=en
24. Ontario Agency for Health Protection and Promotion (Public Health Ontario). COVID-19 cases with severe outcomes: December 12, 2021 to June 4, 2022 [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 Jun 14]. Available from: https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/epi/covid-19-cases-severe-outcomes-epi-summary.pdf?sc_lang=en&hash=28C2B0D9B08EE302946AB7DE6DC8AF7E
25. Jüni P, Maltsev A, Katz GM, Perkhun A, Yan S, Bodmer NS; Ontario COVID-19 Science Advisory Table. Ontario dashboard: tracking Omicron [Internet]. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [cited 2022 Jun 14]. Available from: <https://covid19-sciencetable.ca/ontario-dashboard/>
26. Government of Canada. COVID-19 daily epidemiology update: current situation [Internet]. Ottawa, ON: Government of Canada; 2022 [cited 2022 Jun 14]. Available from: https://health-infobase.canada.ca/covid-19/epidemiological-summary-covid-19-cases.html?stat=rate&measure=total_last7&map=pt#a2
27. Public Health Agency of Canada. Canada COVID-19 weekly epidemiology report [Internet]. Ottawa, ON: Government of Canada; 2022 [cited 2022 Jun 14]. Available from: <https://www.canada.ca/content/dam/phac-aspc/documents/services/diseases/2019-novel-coronavirus-infection/surv-covid19-weekly-epi-update-20220610-en.pdf>
28. World Health Organization. Weekly epidemiological update on COVID-19 - 8 June 2022: edition 95 [Internet]. Geneva: World Health Organization; 2022 [cited 2022 Jun 14]. Available from: <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---8-june-2022>

29. UK Health Security Agency. SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation in England: technical briefing 42 [Internet]. London: Crown Copyright; 2022 [cited 2022 Jun 3]. Available from: https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1077180/Technical-Briefing-42-20May2022.pdf
30. UK Health Security Agency. Weekly national influenza and COVID-19 surveillance report: week 19 report (up to week 18 data) 12 May 2022 [Internet]. London: Crown Copyright; 2022 [cited 2022 May 17]. Available from: [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1075079/National flu and COVID-19 surveillance report 12 May 2022 week 19.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1075079/National_flu_and_COVID-19_surveillance_report_12_May_2022_week_19.pdf)
31. UK Health Security Agency. Weekly national Influenza and COVID-19 surveillance report: week 23 report (up to week 22 data) 9 June 2022 [Internet]. London: Crown Copyright; 2022 [cited 2022 Jun 14]. Available from: [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1081504/Weekly Flu and COVID-19 report w23 v2.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1081504/Weekly_Flu_and_COVID-19_report_w23_v2.pdf)
32. UK Health Security Agency. Coronavirus (COVID-19) in the UK: simple summary for United Kingdom [Internet]. London: Crown Copyright; 2022 [cited 2022 June 14]. Available from: https://coronavirus.data.gov.uk/easy_read
33. UK Office for National Statistics. Coronavirus (COVID-19) latest insights [Internet]. London: Office for National Statistics; 2022 [cited 2022 Jun 14]. Available from: <https://www.ons.gov.uk/peoplepopulationandcommunity/healthandsocialcare/conditionsanddiseases/articles/coronaviruscovid19/latestinsights>
34. Centers for Disease Control and Prevention. COVID data tracker [Internet]. Atlanta, GA: Centers for Disease Control and Prevention; 2021 [cited 2022 Jun 14]. Available from: <https://covid.cdc.gov/covid-data-tracker/#variant-proportions>
35. Centers for Disease Control and and Prevention. COVID data tracker weekly review [Internet]. Atlanta, GA: Centers for Disease Control and and Prevention; 2022 [cited 2022 Jun 14]. Available from: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/covid-data/covidview/index.html>
36. Bolze A, Basler T, White S, Rossi AD, Wyman D, Roychoudhury P, et al. Evidence for SARS-CoV-2 Delta and Omicron co-infections and recombination. medRxiv 22272113 [Preprint]. 2022 Mar 28 [cited 2022 Apr 04]. Available from: <https://doi.org/10.1101/2022.03.09.22272113>
37. Gu H, Ng DY, Liu GY, Cheng SS, Krishnan P, Chang LD, et al. Detection of a BA.1/BA.2 recombinant in travelers arriving in Hong Kong, February 2022. medRxiv 22273020 [Preprint]. 2022 Apr 2 [cited 2022 Apr 5]. Available from: <https://doi.org/10.1101/2022.03.28.22273020>
38. Neerukonda SN, Wang R, Vassell R, Baha H, Lusvarghi S, Liu S, et al. Characterization of entry pathways, species-specific ACE2 residues determining entry, and antibody neutralization evasion of Omicron BA.1, BA.1.1, BA.2, and BA.3 variants. bioRxiv 494385 [Preprint]. 2022 Jun 2 [cited 2022 Jun 14]. Available from: <https://doi.org/10.1101/2022.06.01.494385>

39. Kannan SR, Spratt AN, Sharma K, Goyal R, Sönnerborg A, Apparsundaram S, et al. Complex mutation pattern of Omicron BA.2: evading antibodies without losing receptor interactions. *Int J Mol Sci.* 2022;23(10):5534. Available from: <https://doi.org/10.3390/ijms23105534>
40. Dhawan M, Priyanka, Choudhary OP. Emergence of Omicron sub-variant BA.2: Is it a matter of concern amid the COVID-19 pandemic? *Int J Surg.* 2022;99:106581. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.ijisu.2022.106581>
41. 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 Jun 14]. Available from: <https://doi.org/10.1101/2022.02.11.480029>
42. Mak GCK, Lau SSY, Wong KKY, Lau C-S, Ng KHL, Lam ETK, et al. Analytical sensitivity of the Rapid Antigen Test kits for detection of SARS-CoV-2 Omicron variant BA.2 sublineage. *J Med Virol.* 2022 Jun 2 [Epub ahead of print]. Available from: <https://doi.org/10.1002/jmv.27908>
43. GitHub. Pango designation [Internet]. GitHub; 2022 [cited 2022 Jun 17]. Available from: https://github.com/cov-lineages/pango-designation/blob/master/lineage_notes.txt
44. Lentini A, Pereira A, Winqvist O, Reinius B. Monitoring of the SARS-CoV-2 Omicron BA.1/BA.2 variant transition in the Swedish population reveals higher viral quantity in BA.2 cases. *medRxiv* 22272984 [Preprint]. 2022 Mar 27 [cited 2022 May 3]. Available from: <https://doi.org/10.1101/2022.03.26.22272984>
45. Qassim SH, Chemaitelly H, Ayoub HH, AlMukdad S, Tang P, Hasan MR, et al. Effects of BA.1/BA.2 subvariant, vaccination, and prior infection on infectiousness of SARS-CoV-2 Omicron infections. *medRxiv* 22271771 [Preprint]. 2022 Mar 4 [cited 2022 May 3]. Available from: <https://doi.org/10.1101/2022.03.02.22271771>
46. UK Health Security Agency. SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation in England: technical briefing 38 [Internet]. London: Crown Copyright; 2022 [cited 2022 May 3]. Available from: https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1060337/Technical-Briefing-38-11March2022.pdf
47. Centers for Disease Control and and Prevention. Transcript for CDC media telebriefing: update on COVID-19 [Internet]. Atlanta, GA: Centers for Disease Control and and Prevention; 2022 [cited 2022 May 18]. Available from: <https://www.cdc.gov/media/releases/2022/t0426-covid-19-update.html>
48. Sofonea MT, Roquebert B, Foulongne V, Morquin D, Verdurme L, Trombert-Paolantoni S, et al. Analyzing and modeling the spread of SARS-CoV-2 Omicron lineages BA.1 and BA.2, France, September 2021-February 2022. *Emerg Infect Dis.* 2022;28(7). Available from: <https://doi.org/10.3201/eid2807.220033>
49. Hirose R, Itoh Y, Ikegaya H, Miyazaki H, Watanabe N, Yoshida T, et al. Differences in environmental stability among SARS-CoV-2 variants of concern: both Omicron BA.1 and BA.2 have higher stability. *Clin Microbiol Infect.* 2022:S1198-743X(22)00279-8. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2022.05.020>

50. Zhang Y, Li J, Jiang L, Chen Q, Fu Y, Jin Y, et al. Comparison of SARS-CoV-2 aerosol emission from patients with Omicron BA.1 or BA.2 subvariant infection. *J Infect.* 2022 Jun 1 [Epub ahead of print]. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2022.05.035>
51. Loconsole D, Centrone F, Sallustio A, Accogli M, Casulli D, Sacco D, et al. Characteristics of the first 284 patients infected with the SARS-CoV-2 Omicron BA.2 subvariant at a single center in the Apulia Region of Italy, January-March 2022. *Vaccines.* 2022;10(5):674. Available from: <https://doi.org/10.3390/vaccines10050674>
52. Sievers C, Zacher B, Ullrich A, Huska M, Fuchs S, Buda S, et al. SARS-CoV-2 Omicron variants BA.1 and BA.2 both show similarly reduced disease severity of COVID-19 compared to Delta, Germany, 2021 to 2022. *Eurosurveillance.* 2022;27(22):2200396. Available from: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.22.2200396>
53. Fowle N, Garrett B, Floyd OL, Collins J, Krasnow AD, Islas M, et al. University-associated SARS-CoV-2 Omicron BA.2 infections, Maricopa County, Arizona, USA, 2022. *Emerg Infect Dis.* 2022;28(7). Available from: <https://doi.org/10.3201/eid2807.220470>
54. Chemaitelly H, Ayoub HH, AlMukdad S, Coyle P, Tang P, Yassine HM, et al. Duration of mRNA vaccine protection against SARS-CoV-2 Omicron BA.1 and BA.2 subvariants in Qatar. *Nature Comm.* 2022;13(1):3082. Available from: <https://doi.org/10.1038/s41467-022-30895-3>
55. Qasmieh SA, Robertson MM, Teasdale CA, Kulkarni SG, McNairy M, Borrell LN, et al. The prevalence of SARS-CoV-2 infection and uptake of COVID-19 antiviral treatments during the BA.2/BA.2.12.1 surge, New York City, April-May 2022. *medRxiv* 22275603 [Preprint]. 2022 May 26 [cited 2022 Jun 14]. Available from: <https://doi.org/10.1101/2022.05.25.22275603>
56. Hachmann NP, Miller J, Collier A-rY, Ventura JD, Yu J, Rowe M, et al. Neutralization escape by the SARS-CoV-2 Omicron variants BA.2.12.1 and BA.4/BA.5. *medRxiv* 22275151 [Preprint]. 2022 May 15 [cited 2022 Jun 14]. Available from: <https://doi.org/10.1101/2022.05.16.22275151>
57. Ontario. Ministry of Health. Management of cases and contacts of COVID-19 in Ontario [Internet]. Version 14.1. Toronto, ON: Queen's Printer for Ontario; 2022 [modified 2022 Apr 19; cited 2022 Apr 20]. Available from: https://www.health.gov.on.ca/en/pro/programs/publichealth/coronavirus/docs/contact_mngmt/management_cases_contacts.pdf
58. Bedford T. Continuing SARS-CoV-2 evolution under population immune pressure 6 Apr 2022 [Internet]. Presented at: FDA. Vaccines and Related Biological Products Advisory Committee Meeting. 2022 Apr 06 [cited 2022 Apr 19]; Washington, DC. Available from: <https://bedford.io/talks/sars-cov-2-continuing-evolution-vrbpac/#/15>.
59. Colson P, Delerce J, Marion-Paris E, Lagier J-C, Levasseur A, Fournier P-E, et al. A 21L/BA.2-21K/BA.1 "MixOmicron" SARS-CoV-2 hybrid undetected by qPCR that screen for variant in routine diagnosis. *medRxiv* 22273010 [Preprint]. 2022 Mar 31 [cited 2022 Apr 4]. Available from: <https://doi.org/10.1101/2022.03.28.22273010>
60. Ou J, Lan W, Wu X, Zhao T, Duan B, Yang P, et al. Tracking SARS-CoV-2 Omicron diverse spike gene mutations identifies multiple inter-variant recombination events. *bioRxiv* 484129 [Preprint]. 2022 Mar 14 [cited 2022 Apr 4]. Available from: <https://doi.org/10.1101/2022.03.13.484129>

61. World Health Organization. Live Q&A on COVID-19 virtual press conference transcript - 11 May 2022 [Internet]. Geneva: World Health Organization; 2022 [cited 2022 May 17]. Available from: <https://www.who.int/publications/m/item/live-q-a-on-covid-19-virtual-press-conference-transcript---11-may-2022>
62. Doucleff M. 2 new Omicron variants are spreading in N.Y. and elsewhere. Here's what we know. NPR News [Internet], 2022 Apr 14 [cited 2022 May 3]. Available from: <https://www.npr.org/sections/goatsandsoda/2022/04/14/1092812456/two-new-omicron-variants-are-spreading-in-n-y-and-elsewhere-heres-what-we-know>
63. Prater E. BA.4 and BA.5, two new Omicron variants sweeping South Africa, detected in U.S. Fortune [Internet], 2022 Apr 30 [cited 2022 May 3]; Health. Available from: <https://fortune.com/2022/04/30/are-ba4-ba5-in-united-states-detected-omicron-covid-stealth-omicron-more-transmissible/>

Modèle proposé pour citer le document

Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Variant Omicron BA.2 du SRAS-CoV-2 et sous-lignées de BA.2 : données probantes et évaluation des risques (à jour en date du 14 juin 2022). 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 