

Pour regarder une version archivée de cette présentation, cliquer sur le lien ci-après:

<https://youtu.be/938Buzz9yNs>

Faire défiler le curseur vers le bas pour consulter les diapositives de la séance. Cet enregistrement n'est disponible qu'en anglais.

# La génomique du SRAS-CoV-2 aux fins de surveillance en santé publique

Dr. Samir N. Patel, Ph. D. FCCM (D)

ABMM Alex Marchand-Austin, M. Sc.

31 août 2021

Formation SPO

## Divulgations

- Aucun des présentateurs de cette séance n'a reçu de soutien financier ou en nature d'un parrain commercial
- Aucun des présentateurs n'a de conflits d'intérêts potentiels à déclarer

## Aperçu

- Rôle du séquençage du génome entier en santé publique
- Séquençage du génome entier du SRAS-CoV-2
- Génomique du SRAS-CoV-2 en Ontario
  - Algorithmes d'analyse et acheminement des échantillons
  - Rapports
- Génomique et éclosions
- Orientations futures

# Objectifs

Les participants apprendront ce qui suit :

- Application du séquençage du génome entier à l'appui de la réponse à la pandémie
- Décrire les principales étapes du processus de séquençage du génome entier du SRAS-CoV-2 en Ontario
- Discuter du rôle du séquençage du génome entier pour appuyer la réponse à la pandémie
- Décrire la relation entre les mutations et les lignées des variants préoccupants/d'intérêt du SRAS-CoV-2
- Localiser et identifier les composantes clés des extrants du programme de génomique de SPO pour soutenir les efforts de surveillance

# Acronymes

- SGE = séquençage du génome entier
  - Méthode de laboratoire pour déterminer la séquence génétique du virus SRAS-CoV-2
- VP/VI = variant préoccupant/variant d'intérêt
  - Variant génétique du SRAS-CoV-2 présentant des caractéristiques ayant une importance clinique et/ou pour la santé publique
- RCP = réaction en chaîne de la polymérase
  - Méthode de laboratoire utilisée pour la détection de régions précises du génome
- Ct = cycle seuil
  - Valeur numérique utilisée dans l'analyse RCP qui est associée à la quantité de matériel génétique cible dans l'échantillon. Plus élevée = moins, plus faible = plus



# Rôle du séquençage du génome entier en santé publique

# Séquençage du génome entier en microbiologie

- On a observé une croissance importante dans le SGE des agents pathogènes au cours des deux dernières décennies
- 2002- 2003 :
  - SRAS-CoV : seulement 3 génomes accessibles au public au cours du 1<sup>er</sup> mois; 31 génomes en 3 mois
- 2019-2021 :
  - SRAS-CoV-2 : 6 génomes en 3 semaines; 60 000 en 6 mois
  - Au 19 août 2021 : 2 892 198 génomes sont accessibles au public
- Amélioration dans la technologie, le coût et le rendement

Organisation mondiale de la Santé, *Genomic sequencing of SARS-CoV-2: a guide to implementation for maximum impact on public health*, 2021



## Application du SGE en microbiologie

- Développement de méthodes diagnostiques
- Compréhension de la virulence des agents pathogènes
- Détection et caractérisation des gènes résistant aux antimicrobiens
- Surveillance des changements dans l'agent pathogène (épidémiologie génomique)
- Développement des vaccins/infection postvaccinale
- Évaluation de la réinfection
- Enquête sur l'éclosion/soutien

Organisation mondiale de la Santé, *Genomic sequencing of SARS-CoV-2: a guide to implementation for maximum impact on public health*, 2021

# Impact de la génomique en santé publique

- pH1N1, 2009 : évaluation du taux de reproduction selon les séquences génétiques; les analyses rétrospectives ont identifié des cas 2 mois avant le prélèvement du 1<sup>er</sup> cas
- SRMO, 2012 : identification des chameaux comme réservoir du SRMO et manifestation de plusieurs événements indépendants de transmission du chameau à l'humain
- Ebola, 2013-2016 : l'analyse en temps réel a permis de mieux comprendre l'origine, la transmission et l'évolution du virus; la propagation s'est faite principalement par transmission interhumaine
- Zika, 2016 : infection associée à la microcéphalie fœtale et à d'autres troubles de croissance; des études phylogénétiques ont montré l'introduction d'un génotype circulant en Asie un an avant la détection de la maladie

Organisation mondiale de la Santé, Genomic sequencing of SARS-CoV-2: a guide to implementation for maximum impact on public health, 2021



# Séquençage du génome entier du SRAS-CoV-2

Aperçu

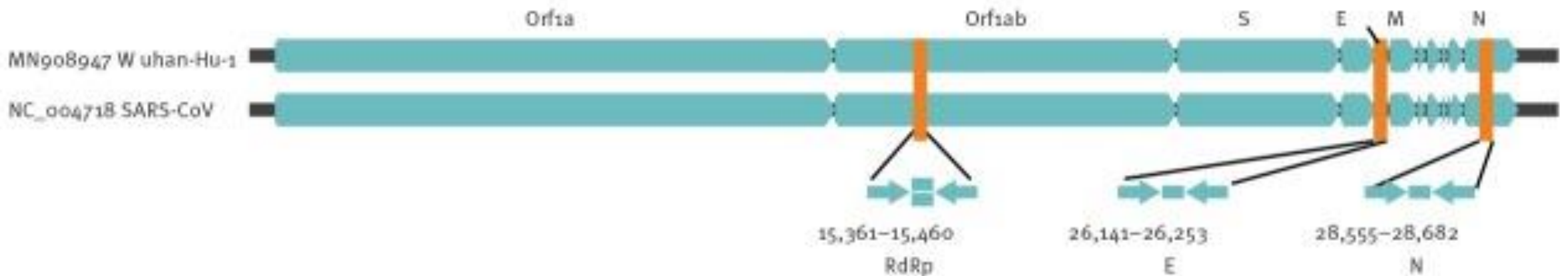
## SRAS-CoV-2

- Le virus SRAS-CoV-2 possède un génome à ARN constitué d'environ 30 000 bases
- Le génome code pour 6 protéines principales qui remplissent des fonctions de réplication, d'infection et de structure du virus
- La protéine de spicule (S) est responsable de la liaison avec des récepteurs spécifiques des cellules humaines qui permettent au virus de pénétrer et de commencer à se répliquer
- Au fur et à mesure que le virus se réplique, des erreurs sont introduites qui peuvent entraîner des modifications de la séquence du génome et de la fonction des protéines

Lu R., et coll., 2020; Hu B., et coll., 2020

# Le SGE dans le développement de méthodes diagnostiques de détection du SRAS-CoV-2

- 31 déc. 2019 : le bureau de l'OMS en Chine est informé de cas de pneumonie d'étiologie inconnue
- 10 janv. 2020 : le 1<sup>er</sup> génome a été publié
- 12 janv. 2020 : 4 autres génomes ont été publiés
- Facilité le développement d'un test diagnostique propre au SRAS-CoV-2



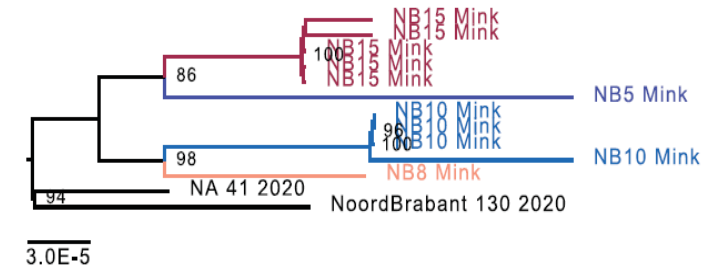
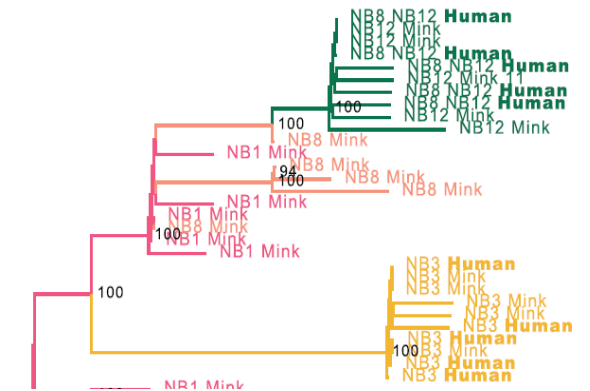
Source : Corman V.M., et coll., 2020. Licence : <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/legalcode>

## Application du SGE dans les cas de réinfection

- Homme de 33 ans, immunocompétent
  - 1<sup>er</sup> diagnostic – 26 mars 2020
  - 2<sup>e</sup> diagnostic – (valeur Ct de 26,7) 15 août, de retour d'Espagne
  - Le patient était asymptomatique durant tout le 2<sup>e</sup> diagnostic
- Analyse du génome entier :
  - 1<sup>er</sup> épisode : codon dénué de sens dans le cadre de lecture ouvert (ORF) – troncature de 58 AA
  - 23 changements de nucléotides dont 13 sont non synonymes

# Transmission du SRAS-CoV-2 entre des visons et des éleveurs aux Pays-Bas

- On a enquêté sur des éclosions dans 16 visonnières aux Pays-Bas en avril-mai 2020
- Le SGE et l'enquête épidémiologique ont conclu à une transmission entre l'humain et le vison
- De nombreuses souches du SGE présentait des différences de 0 à 9 nucléotides
- Le SGE des souches communautaires a montré une différence importante



Source : Oude Munnink B.B., et coll., 2021. Licence : <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/legalcode>

# Éclosion de SRAS-CoV-2 dans plusieurs salles d'hôpitaux en mars 2020

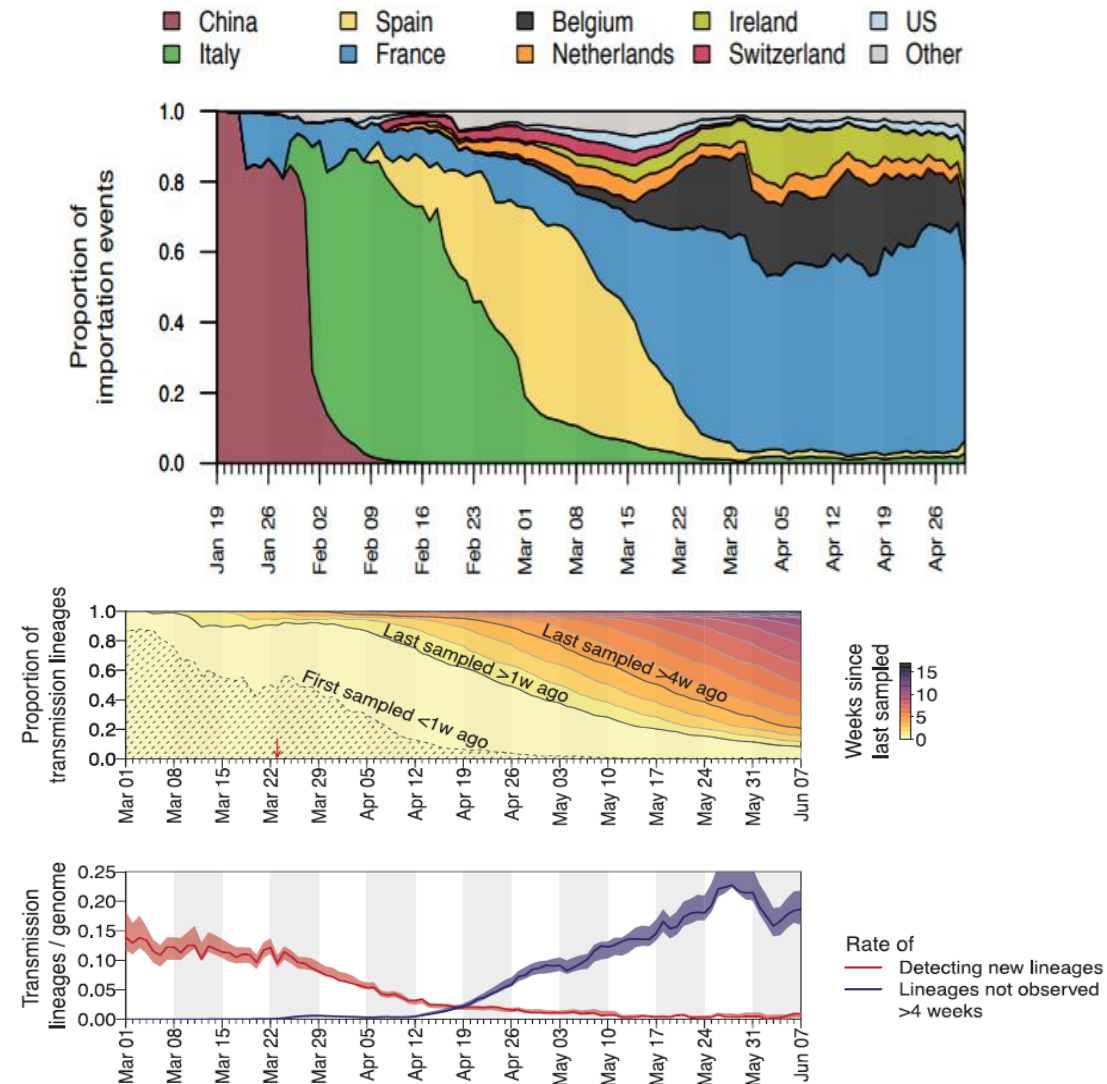
- L'éclosion s'est étendue de mars à avril 2020
  - 59 patients et 13 travailleurs de la santé
- Le SGE a permis d'identifier 6 grappes distinctes qui, lorsque combinées aux données épidémiologiques, ont confirmé la transmission intra-hospitalière
- L'augmentation des interventions de prévention et de contrôle de l'infection, y compris le port du masque chirurgical universel, le dépistage et les tests, a permis de contrôler les éclosions



# Établissement et dynamique des lignées de l'épidémie de SRAS-CoV-2 au Royaume-Uni

- On a démontré que le SGE peut être utilisé pour surveiller l'émergence virale au niveau national
- 26 000 échantillons ont été séquencés de janvier à juin 2020
- L'analyse a été difficile en raison de la diversité limitée des séquences
- Les importations multiples en provenance d'Europe ont mené à l'établissement du SRAS-CoV-2 au R.-U.
- La plupart des lignées ont disparu au fil du temps

Source : du Plessis L., et coll., 2021. Licence : <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/legalcode>



## Mutations et lignées

- Des mutations dans la séquence génomique du virus se produisent régulièrement et s'accumulent au fil du temps
- Au fur et à mesure que les mutations continuent de s'accumuler, le génome devient plus différent au fil du temps et peut être appelé une nouvelle lignée
- Les nouvelles lignées pourraient avoir des propriétés « préoccupantes » :
  - Virulence accrue
  - Transmissibilité accrue
  - Échappement aux anticorps naturels ou induits par le vaccin
  - Résistance à la thérapeutique (c.-à-d. anticorps monoclonal)
  - Incidence sur les tests de diagnostic

Organisation mondiale de la Santé, *Genomic sequencing of SARS-CoV-2: a guide to implementation for maximum impact on public health*, 2021

# Mutations et lignées

- Au début de décembre 2020, le R.-U. a signalé une lignée spécifique qui représentait 50 % des cas au R.-U.
- Désigné au départ comme un variant à suivre
- La mutation N501Y est l'un des six résidus de contact clés dans le domaine de liaison au récepteur (DLR) et on a déterminé qu'elle augmentait l'affinité de liaison à l'ECA2 humaine
- Les données épidémiologiques, cliniques et génomiques ont abouti à la désignation de cette souche comme un variant préoccupant (VOC-202012/01) ou B.1.1.7.

## Characteristic mutations of B.1.1.7

gene	amino acid
ORF1a	T100I
ORF1a	A1708D
ORF1a	I2230T
ORF1a	S3675K
ORF1a	del3676/3678
ORF1b	P314L
S	del69/70
S	del144/145
S	N501Y
S	A570D
S	D614G
S	P681H
S	T716I
S	S982A
S	D1118H
ORF8	Q27*
ORF8	R52I
ORF8	Y73C
N	D3L
N	R203K
N	G204R
N	S235F

Source : [www.outbreak.info](http://www.outbreak.info)

## Dissémination du variant préoccupant B.1.1.7

- Les 2 premiers cas ont été identifiés au Canada le 26 décembre 2020 en Ontario
- Début janvier 2021 : éclosion de grande envergure impliquant le variant B.1.1.7 et entraînant un taux de mortalité important
- En mars, plus de 80 % des cas étaient associés au variant B.1.1.7

Santé publique Ontario, Les variants préoccupants du virus de la COVID-19 en Ontario : Du 1<sup>er</sup> décembre 2020 au 9 mai 2021, 2021

# Définitions des cas préoccupants/d'intérêt

## Variant d'intérêt (VI)

- Possède un génome présentant des mutations associées à des modifications de l'épidémiologie, de l'antigénicité ou de la virulence, ou des modifications *susceptibles* d'avoir un effet négatif sur les diagnostics, les vaccins, les traitements ou les mesures de santé publique disponibles; **et**
- est connu pour être à l'origine de la transmission dans la communauté, de plusieurs cas ou de concentrations de COVID-19 au Canada ou a été détecté dans plusieurs pays; **ou**
- est par ailleurs considéré comme un variant d'intérêt par l'OMS; **ou**
- est par ailleurs considéré comme un variant d'intérêt par le groupe de surveillance des variants du SRAS-CoV-2.

Gouvernement du Canada, 2021

## Variant préoccupant (VP)

- Par une évaluation comparative, il a été démontré qu'il est associé à un ou plusieurs des éléments suivants :
- Transmissibilité accrue ou changement préjudiciable dans l'épidémiologie de la COVID-19;
- virulence accrue ou changement dans la présentation clinique de la maladie;
- diminution de l'efficacité des diagnostics, des vaccins, des traitements ou des mesures de santé publique disponibles; **ou**
- est par ailleurs considéré comme un variant préoccupant par l'OMS; **ou**
- est par ailleurs considéré comme un variant préoccupant par le groupe de surveillance des variants du SRAS-CoV-2.

# Mutations notables

- Ces propriétés de lignée peuvent être liées en partie à des mutations notables telles que :
  - **N501Y** : Une mutation déterminante dans plusieurs lignées, notamment B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Beta) et P.1 (Gamma). Augmente la liaison avec les cellules humaines
  - **E484K** : Apparaît dans plusieurs lignées. Pourrait mener à une neutralisation réduite des anticorps
  - **K417N/T** : Apparaît dans plusieurs lignées, dont B.1.351 et P.1. Pourrait aider le virus à se lier plus étroitement aux cellules
- La RCP est un moyen rapide d'identifier les mutations connues pour être associées aux lignées des variants préoccupants/variants d'intérêts, mais le SGE est le seul moyen d'identifier une lignée de variant préoccupant

Organisation mondiale de la Santé, Suivi des variants du SARS-CoV-2, 2021

Griffiths E., et coll. 2021

## Attribution des lignées

- Il existe de nombreuses façons de classer en lignées les différentes combinaisons de mutations dans les génomes du SRAS-CoV-2
- La pandémie de COVID-19 s'est largement appuyée sur le système de nomenclature Pango, qui utilise des méthodes statistiques et des critères épidémiologiques pour déterminer quand une combinaison de mutations est suffisamment « différente » pour être considérée comme une lignée à part entière
- Les lignées des variants préoccupants sont définies de manière plus rigide par des mutations notables

Rambaut A, et al, 2020

### Exemples de lignée Pango :

- AY.3
- B.1.1.7
- B.1.351
- B.1.617.2
- P.1.7



# La génomique du SRAS-CoV-2 en Ontario

Algorithmes d'analyse, acheminement des échantillons et rapports



## Réseau génomique COVID-19 de l'Ontario

- Le réseau génomique COVID-19 de l'Ontario a été créé en mars 2021 pour accroître la capacité de test génomique dans la province
- Comprend 5 laboratoires :
  - Laboratoire de Santé publique Ontario
  - The Hospital for Sick Children
  - Laboratoire hospitalier partagé
  - Centre des sciences de la santé de Kingston
  - Hamilton Regional Laboratory Medicine Program
- L'acheminement des échantillons des laboratoires de diagnostic vers les laboratoires de SGE est coordonné par Santé Ontario

## Logistiques des échantillons

- Les tests de diagnostic du SRAS-CoV-2 sont fournis par plus de 40 laboratoires dans la province, dont des laboratoires hospitaliers, communautaires et de santé publique
- Tous les échantillons positifs pour le SRAS-CoV-2 ayant une valeur Ct de  $\leq 35$  sont envoyés à l'un des 11 laboratoires de test RCP de dépistage des VP pour le test N501Y/E484K
- Les échantillons sélectionnés ayant une valeur Ct de  $\leq 30$  au test RCP de dépistage des VP sont envoyés à l'un des 5 laboratoires du réseau génomique COVID-19 de l'Ontario pour le séquençage du génome entier.

## Quels échantillons sont soumis au SGE?

- $Ct \leq 30$  pour s'assurer qu'il y a suffisamment de matériel génétique dans l'échantillon pour le séquençage
- Échantillonnage représentatif
  - Depuis mai 2021, le Réseau génomique COVID-19 de l'Ontario utilise un cadre d'échantillonnage représentatif pour le SGE
  - Cela a remplacé l'approche précédente qui consistait principalement à effectuer un séquençage fondé sur le résultat du test RCP de dépistage des VP pour confirmer les lignées
  - L'échantillonnage représentatif permet de surveiller l'évolution des proportions relatives de chaque lignée circulant en Ontario
  - Cette approche permet également d'adapter le nombre d'échantillons séquencés à la capacité du réseau de séquençage, qui est de 3 500 échantillons par semaine

Centre européen de prévention et de contrôle des maladies, 2021

## Quels échantillons sont soumis au SGE?

- Une proportion de tous les échantillons admissibles d'après la valeur Ct au test RCP de dépistage des VP est sélectionnée de manière aléatoire par le laboratoire de test RCP de dépistage des VP pour être soumise au SGE
  - 10 %-100 % selon le nombre de cas actuels et projetés
  - On considère également la proportion de tous les tests positifs avec des valeurs Ct admissibles
- L'avis de changement de proportion est fourni aux laboratoires de test RCP de dépistage des VP une semaine à l'avance
  - Les changements dans les proportions d'échantillonnage sont annoncés lors de la téléconférence de coordination de la santé publique

## Quels échantillons sont soumis au SGE?

- Échantillonnage ciblé - les échantillons sont également envoyés aux fins de SGE lorsque la demande indique :
  - voyage international
  - infection postvaccinale
- Les échantillons prélevés dans le cadre des programmes de tests aux frontières terrestres et des tests effectués le jour 8 dans les aéroports sont séquencés par le LNM
- Le SGE est également disponible sur demande pour aider à soutenir les enquêtes sur les éclosions et les réinfections soupçonnées par le biais d'analyses phylogénétiques (des restrictions s'appliquent)

# Changements dans l'échantillonnage représentatif du SGE

- Mise en œuvre initiale : montée de la 3<sup>e</sup> vague
  - SPO commence la surveillance représentative de 10 % des échantillons le 2 mai
  - Le RGCO commence la surveillance représentative de 10 % des échantillons le 26 mai
  - Premier ajustement : chute de la 3<sup>e</sup> vague
    - SPO passe à 50 % des échantillons le 30 mai
    - Le RGCO passe à 50 % des échantillons le 2 juin
- Deuxième ajustement : période entre les vagues
  - SPO et le RGCO passent à 100 % des échantillons le 14 juin
- Troisième ajustement: montée de la 4<sup>e</sup> vague
  - SPO et le RGCO passent à 50 % des échantillons le 27 août

## Demande de SGE

- Les résultats du SGE sont destinés à des fins de surveillance au niveau de la population et ont une utilité limitée pour la gestion clinique individuelle et de la santé publique
  - Réinfection
  - Regroupement en cohorte de PCI
  - Gestion des éclosions
- Lorsque l'échantillonnage proportionnel est à 100 %, il n'est pas nécessaire de demander le séquençage des échantillons
- L'échantillonnage représentatif et ciblé n'est réalisé que par les laboratoires de test RCP de dépistage des VP et n'est pas associé au processus de demande de test

# Demande de SGE

- Exige que le demandeur prenne les dispositions nécessaires pour que l'échantillon soit envoyé du laboratoire de test de dépistage des VP au laboratoire de SGE
- Les échantillons envoyés pour le SGE doivent être accompagnés de la demande figurant dans la fiche d'information sur le test de surveillance des variants préoccupants du SRAS-CoV-2
- Pour les demandes spéciales, des renseignements supplémentaires et une approbation pourraient être requis. Veuillez contacter l'équipe d'intervention en cas d'éclosion et d'incident du Laboratoire de SPO avant de demander un SGE

Public Health Ontario | Santé publique Ontario

For laboratory use only  
PHO Laboratory No.: \_\_\_\_\_

## SARS-CoV-2 Variant of Concern Testing/ Whole Genome Sequencing Requisition

ALL sections of this form must be completed.

<p><b>1 - Indication for SARS-CoV-2 supplemental testing</b></p> <p><input type="radio"/> VOC mutation PCR testing requested<sup>1</sup></p> <p>OR</p> <p><input type="radio"/> Whole Genome Sequencing requested<sup>2</sup></p> <p>Below, please check all that apply.</p> <p><input type="checkbox"/> Representative Surveillance<sup>3</sup></p> <p><input type="checkbox"/> International travel - SARS-CoV-2 infection during international travel (including the United States) or within 14 days of entry to Canada (for routine WGS).<sup>4</sup></p> <p>Travel country / ies, specify: _____</p> <p><input type="checkbox"/> Vaccinated individuals with subsequent laboratory confirmed SARS-CoV-2 infection ≥14 days after receipt of vaccine (for routine WGS)<sup>5</sup></p> <p><input type="radio"/> After first dose of two dose series (partially vaccinated)</p> <p><input type="radio"/> After final dose (fully vaccinated)</p> <p><input type="checkbox"/> Outbreak / suspected super spreading event –two specimens per outbreak / event (for routine WGS).<sup>6</sup></p> <p><input type="checkbox"/> Other (Specify):<sup>7</sup> _____</p>	<p><b>2 - Patient Information<sup>8</sup></b></p> <p>Health Card No.: _____ Other unique ID#: _____</p> <p>Last Name: _____</p> <p>First Name: _____</p> <p>Date of Birth (yyyy/mm/dd): _____ Sex: <input type="radio"/> M <input type="radio"/> F</p> <p>Address: _____</p> <p>Postal Code: _____ Patient Phone No.: _____</p> <p>Investigation or Outbreak No.:<sup>9</sup> _____</p> <p><b>3 - Specimen Location at Time of Request</b></p> <p><input type="radio"/> PHO Laboratory; if yes enter PHO Laboratory Specimen ID number: _____</p> <p>OR</p> <p><input type="radio"/> Non-PHO Laboratory:<sup>10</sup></p> <p>Submitting Lab director: _____</p> <p>Submitting Lab name: _____</p> <p>Submitting Lab address: _____</p> <p>CC: Requesting Authorized Healthcare Provider<sup>11</sup></p> <p>Name: _____</p> <p>OHIP   CPSO   Prof. License No.: _____</p> <p>Address: _____</p> <p>Fax number: _____</p>
<p><b>5 - Special Requests</b> (For non routine requests only)</p> <p>If none of the indications for SARS-CoV-2 whole genome sequencing are met, contact PHO Laboratory Customer Service Centre at 1-877- 804-4567 or 416-235-6556 for testing approval for "Special request" prior to submission.</p> <p><input type="checkbox"/> Special request approved by Public Health Ontario:<sup>12</sup></p> <p><input type="checkbox"/> Suspected reinfection</p> <p><input type="checkbox"/> Outbreak specimens for phylogenetic analysis</p> <p><input type="checkbox"/> Other (Specify): _____</p> <p>WGS ID assigned:<sup>13</sup> _____</p> <p>Non-PHO lab specimen ID (if applicable): _____</p> <p>Provide details: _____</p> <p>Approving PHO Laboratory microbiologist: _____</p>	<p><b>4 - Specimen Information</b></p> <p>PCR gene target:<sup>14</sup> _____</p> <p>Submitting Lab specimen Ct value (required):<sup>15</sup> _____</p> <p>Date of SARS-CoV-2 positive test (yyyy/mm/dd): _____ (required)</p> <p>Collection Date (yyyy/mm/dd): _____</p> <p>Specimen Type (check all that apply):<sup>16</sup></p> <p><input type="checkbox"/> NPS <input type="checkbox"/> BAL</p> <p><input type="checkbox"/> Deep or Mid-turbinate Nasal Swab <input type="checkbox"/> Saliva (Spit &amp; Gargle)</p> <p><input type="checkbox"/> Oral (Buccal) + Deep Nasal <input type="checkbox"/> Saliva (Neat)</p> <p><input type="checkbox"/> Throat Swab <input type="checkbox"/> Anterior Nasal (Nose)</p> <p><input type="checkbox"/> Throat + Nasal <input type="checkbox"/> Other (Specify): _____</p>

Page 1 of 2, please turn the page for footnotes and additional notes on the reverse side of this form →

Source : Santé publique Ontario, SARS-CoV-2 variant of concern testing / whole genome sequencing requisition, 2021

Santé publique Ontario, SARS-CoV-2 (COVID-19 virus) variant of concern (VoC) surveillance, 2021



## Demande de SGE : éclosions

- SPO est en train d'officialiser un processus centralisé de réception des demandes de SGE pour le soutien aux éclosions
  - Comprend des modèles de données d'admission et de rapports
- Certains échantillons d'éclosion seront séquencés dans le cadre de la surveillance représentative sans qu'une demande ne soit requise
- Des échantillons supplémentaires pourraient être demandés si les renseignements sur la lignée aideront à étayer la réponse (p. ex. multiples introductions soupçonnées)
- Une analyse phylogénétique approfondie pourrait également être demandée si l'on cherche à tester des hypothèses précises sur la transmission (avec des limites)

## Rapports de SGE – Rapports des patients individuels

- Les lignées des VP déterminées par le SGE sont signalées au fournisseur qui a passé la commande, au BSP et au SILO
  - Les lignées autres que des VP sont signalées comme un « variant préoccupant non détecté »
  - Les sous-lignées des VP sont signalées sous la lignée mère (p. ex. la sous-lignée Delta AY.3 est signalée comme B.1.617.2)
- Les lignées autres que des VP sont plus dynamiques et assujetties à des reclassements, ce qui est problématique pour les rapports individuels « ponctuels »
- La logique de Solution GCC pour alimenter automatiquement les valeurs des lignées à partir du SILO prend du temps à mettre en œuvre et ne peut pas suivre l'émergence de nouvelles lignées autres que des VP

## Rapports de SGE – Rapport d’ensemble

- SPO publie un rapport de surveillance du SGE les vendredis
- Comprend les proportions des lignées des VP/VI pour l’ensemble de l’Ontario et par BSP
- Les résultats du SGE sont liés à Solution GCC afin d’attribuer le bon BSP et d’évaluer les lignées des VP/VI en fonction de l’état de l’éclosion et de la gravité de la maladie

Source : Santé publique Ontario, Séquençage du génome entier du SARS-CoV-2 en Ontario, 2021


Mis à jour



RAPPORT DE SURVEILLANCE

### Séquençage du génome entier du SARS-CoV-2 en Ontario, 18 août 2021

Ce rapport présente un résumé des résultats du séquençage du génome entier du SARS-CoV-2, incluant les variants préoccupants (VP) et les variants d’intérêt (VI), effectué par le Réseau génomique COVID-19 de l’Ontario.

 1.8 MB | Mis à jour le 20 août 2021

# Rapports de SGE – Rapport d’ensemble

Tableau 1. Nombre de cas de COVID-19 cases, nombre et pourcentage de cas séquencés aux fins de surveillance représentative par semaine, Ontario, 4 au 31 juillet 2021

Semaine	Nombre de cas	Nombre de cas séquencés	Pourcentage de cas séquencés
Semaine 27 (4 au 10 juillet)	1 299	780	60,0 %
Semaine 28 (11 au 17 juillet)	1 074	684	63,7 %
Semaine 29 (18 au 24 juillet)	1 099	686	62,4 %
Semaine 30 (25 au 31 juillet)	1 399	615	44,0 %
Total	4 871	2 765	56,8 %

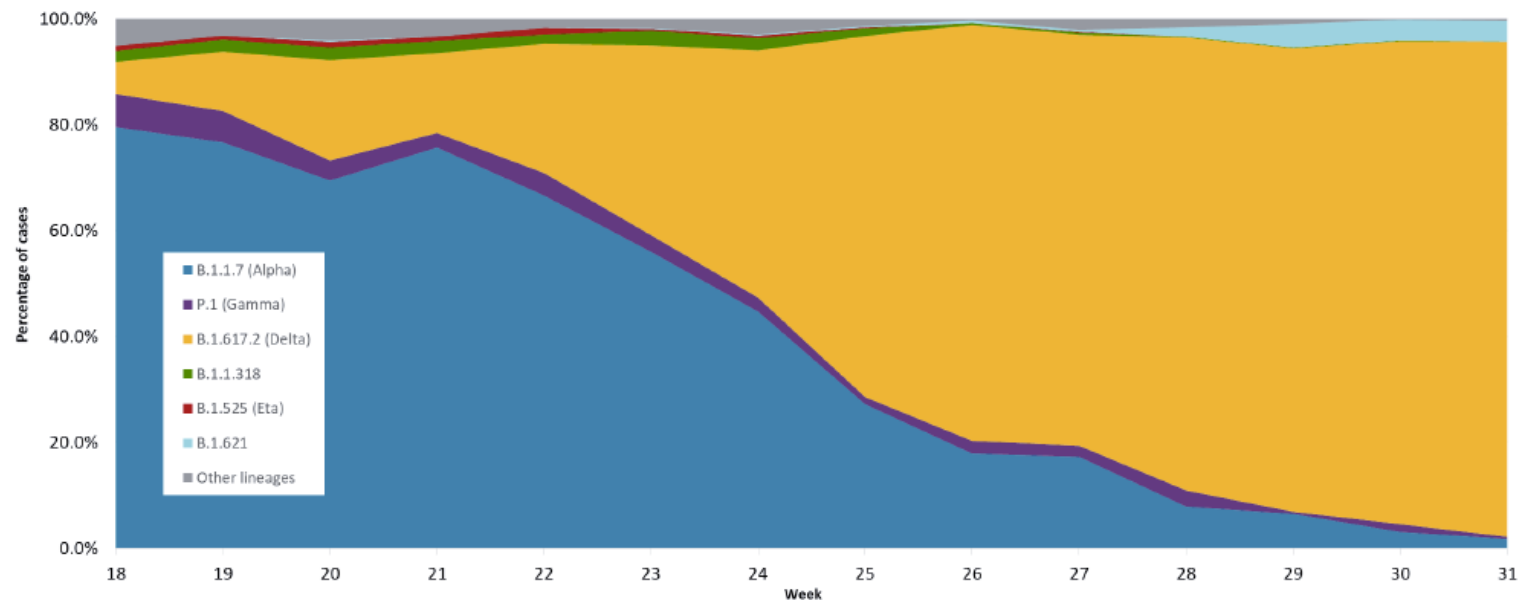
- Fournit une **ventilation** hebdomadaire de la proportion de cas séquencés
- Pourrait ne pas s’aligner sur les proportions d’échantillonnage représentatif actuelles en raison des conditions d’admissibilité de la valeur Ct et des dates de clôture des données

Source : Santé publique Ontario, Séquençage du génome entier du SARS-CoV-2 en Ontario, 2021

# Rapports de SGE – Rapport d’ensemble

- Proportions relatives des 6 lignées les plus communes (et autres) par semaine depuis le début de l'échantillonnage représentatif

Figure 1. Percentage of COVID-19 cases by top 6 most prevalent VOC/VOI lineages and week, representative surveillance, Ontario, May 2 to August 7, 2021



Source : Santé publique Ontario, Séquençage du génome entier du SARS-CoV-2 en Ontario, 2021

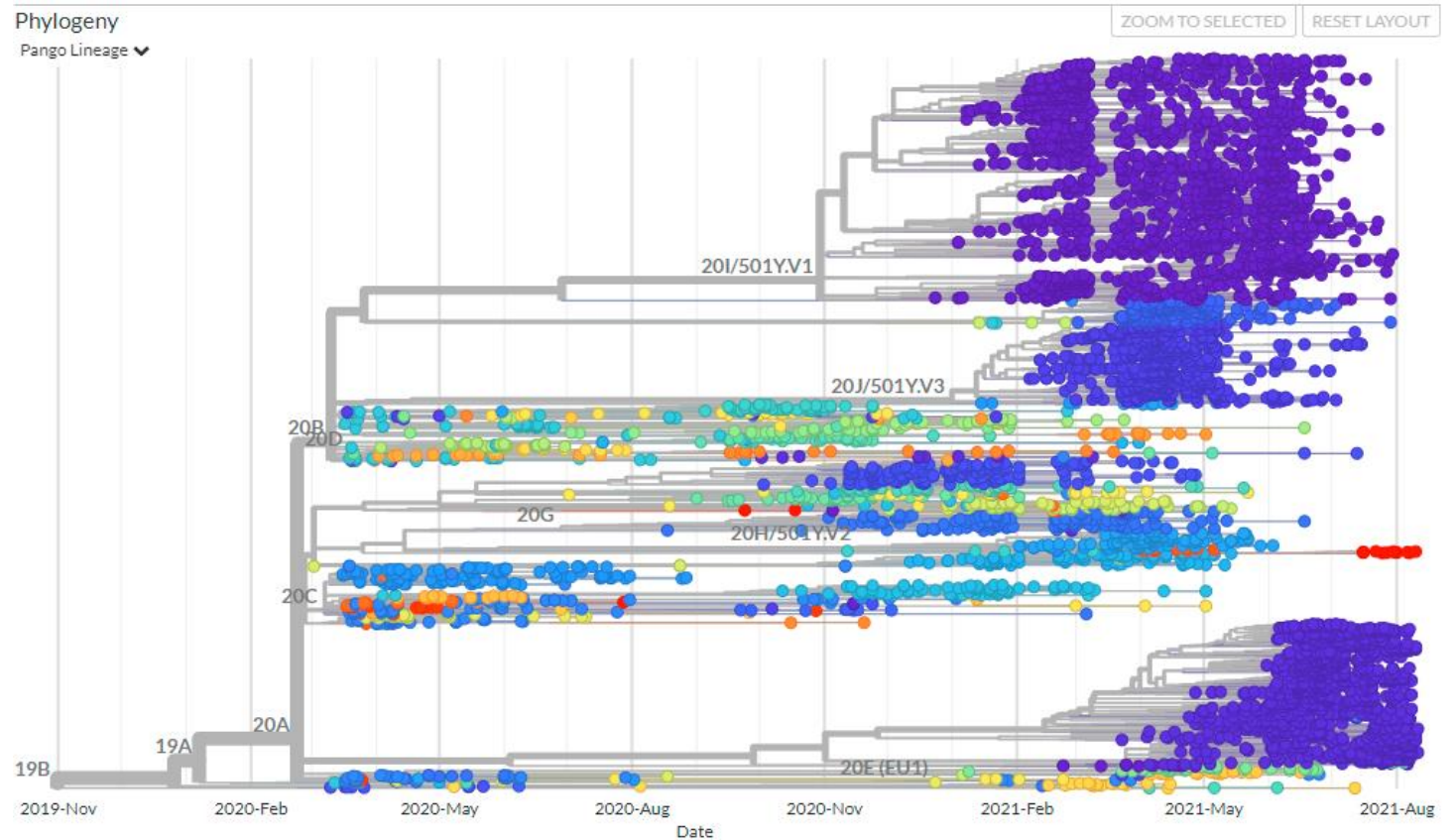
# Rapports de SGE – Rapport d’ensemble

**Tableau 5. Nombre et pourcentage (ligne %) de cas associés et non associés à une éclosion par lignée Pango des VP/VI, surveillance représentative, Ontario, 4 au 31 juillet 2021**

Lignée Pango (étiquette de l’OMS)	Cas associés à une éclosion	Cas non associés à une éclosion	Total de cas
<b>Variant préoccupant</b>			
B.1.1.7 (Alpha)	46 (19,7 %)	188 (80,3 %)	234 (100 %)
B.1.351 (Beta)	0 (0,0 %)	2 (100 %)	2 (100 %)
P.1 (Gamma)	16 (34,8 %)	30 (65,2 %)	46 (100 %)
B.1.617.2 (Delta)	261 (11,6 %)	1 983 (88,4 %)	2 244 (100 %)
<b>Variant d’intérêt</b>			
A.23.1	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)
B.1.1.318	0 (0,0 %)	7 (100 %)	7 (100 %)
B.1.427/B.1.429 (Epsilon)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)
B.1.525	0 (0,0 %)	1 (100 %)	1 (100 %)
B.1.526 (Iota)	0 (0,0 %)	1 (100 %)	1 (100 %)
B.1.616	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)
B.1.617.1 (Kappa)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)
B.1.617.3	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)
B.1.621	14 (23,0 %)	47 (77,0 %)	61 (100 %)
C.37 (Lambda)	0 (0,0 %)	1 (100 %)	1 (100 %)
P.2 (Zeta)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)
P.3 (Theta)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)	0 (0,0 %)
<b>Variants autres que VP/VI</b>	5 (13,5 %)	32 (86,5 %)	37 (100 %)
<b>Total de cas séquencés</b>	342 (13,0 %)	2 292 (87,0 %)	2 634 (100 %)

Source : Santé publique Ontario, Séquençage du génome entier du SARS-CoV-2 en Ontario, 2021

# NextStrain



- Présente un échantillon aléatoire de 5 000 cas parmi tous les cas séquencés par Santé publique Ontario
- Contient toutes les lignées (pas seulement les VP/VI) et les données peuvent être cherchées et filtrées selon la région sanitaire et la lignée)

Source : Santé publique Ontario, Analyse phylogénétique du SARS-CoV-2 en Ontario, 2021

## Orientations futures

- SPO est en train de construire un dépôt centralisé de séquences qui facilitera la liaison de toutes les séquences des laboratoires du réseau génomique aux données de GCC et COVAX
  - Des processus provisoires pour les rapports de surveillance provinciaux sont en place et sont continuellement améliorés
- Inclusion de renseignements supplémentaires sur les voyages provenant des programmes de tests aux frontières
- Le rapport de surveillance hebdomadaire doit inclure la lignée des VP/VI par statut vaccinal
- Intégration de technologies de séquençage supplémentaires (Nanopore) pour fournir des flux de travaux de séquençage plus flexibles



# Bibliographie 1 de 5

- Corman V.M., Landt O., Kaiser M., Molenkamp R., Meijer A., Chu D.K.W., et coll. Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. Euro Surveill. 2020; vol. 25, n° 3, 2000045. Disponible à : <https://doi.org/10.2807/1560-7917.es.2020.25.3.2000045>
- du Plessis L., McCrone J.T., Zarebski A.E., Hill V., Ruis C., Gutierrez B., et coll. Establishment and lineage dynamics of the SARS-CoV-2 epidemic in the UK. Science. 2021; vol. 371, n° 6530, p. 708-12. Disponible à : <https://doi.org/10.1126/science.abf2946>
- Centre européen de prévention et de contrôle des maladies. Guidance for representative and targeted genomic SARS-CoV-2 monitoring [Internet]. Stockholm : Centre européen de prévention et de contrôle des maladies; 2021 [cité le 31 août 2021]. Disponible à : <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/maladies/2019-nouveau-coronavirus/professionnels-sante/tests-diagnostic-declaration-cas/variants-sars-cov-2-definitions-classifications-mesures-sante-publique-nationales.html>
- Gouvernement du Canada. Variants du SRAS-CoV-2 : Définitions, classifications et mesures de santé publique nationales [Internet]. Ottawa, Ont. : Gouvernement du Canada; 2021 [cité le 31 août 2021]. Disponible à : <https://www.canada.ca/en/public-health/services/diseases/2019-novel-coronavirus-infection/health-professionals/testing-diagnosing-case-reporting/sars-cov-2-variants-national-definitions-classifications-public-health-actions.html>

## Bibliographie 2 de 5

- Griffiths E., Tanner J., Knox N., Hsiao W., Van Domselaar G.; Réseau des laboratoires de santé publique du Canada; Réseau canadien de génomique COVID-19 (RCanGéCO). CanCOGeN interim recommendations for naming, identifying, and reporting SARS-CoV-2 variants of concern [Internet]. Winnipeg, Man. : Génome Canada; 2021 [cité le 31 août 2021]. Disponible à : <https://nccid.ca/wp-content/uploads/sites/2/2021/02/CanCOGeN-Interim-Recommendations-for-Naming-Identifying-and-Reporting-SARS-CoV-2-Variants.pdf>
- Hu B., Guo H., Zhou P., Shi Z.L. Characteristics of SARS-CoV-2 and COVID-19. Nat Rev Microbiol. 2021; vol. 19, n° 3, p. 141-4. Disponible à : <https://doi.org/10.1038/s41579-020-00459-7>
- Lu R., Zhao X., Li J., Niu P., Yang B., Wu H., et coll. Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. Lancet. 2020; vol. 395, n° 10224, p. 565-74. Disponible à : [https://doi.org/10.1016/s0140-6736\(20\)30251-8](https://doi.org/10.1016/s0140-6736(20)30251-8)
- Lucey M., Macori G., Mullane N., Sutton-Fitzpatrick U., Gonzalez G., Coughlan S., et coll. Whole-genome sequencing to track severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) transmission in nosocomial outbreaks. Clin Infect Dis. 2021; vol. 72, n° 11, p. 727-35. Disponible à : <https://doi.org/10.1093/cid/ciaa1433>

## Bibliographie 3 de 5

- Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Les variants préoccupants du virus de la COVID-19 en Ontario : Du 1<sup>er</sup> décembre 2020 au 9 mai 2021 [Internet]. Toronto, Ont. : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2021 [cité le 31 août 2021]. Disponible à : [https://www.publichealthontario.ca/-/media/documents/ncov/epi/covid-19-variant-epi-summary.pdf?sc\\_lang=fr](https://www.publichealthontario.ca/-/media/documents/ncov/epi/covid-19-variant-epi-summary.pdf?sc_lang=fr)
- Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Analyse phylogénétique du SARS-CoV-2 en Ontario [Internet]. Toronto, Ont. : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2021 [cité le 31 août 2021]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/fr/data-and-analysis/infectious-disease/covid-19-data-surveillance/nextstrain#:~:text=This%20interactive%20tool%20supports%20genomics,diversity%20across%20the%20entire%20genome>
- Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). SARS-CoV-2 (COVID-19 virus) variant of concern (VoC) surveillance [Internet]. Toronto, Ont. : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2021 [cité le 31 août 2021]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/en/laboratory-services/test-information-index/covid-19-voc>

## Bibliographie 4 de 5

- Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). SARS–CoV-2 variant of concern testing / whole genome sequencing requisition [Internet]. Toronto, Ont. : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2021 [cité le 31 août 2021]. Disponible à : [https://www.publichealthontario.ca/-/media/documents/lab/sars-cov-2-voc-screening-request-form.pdf?sc\\_lang=en](https://www.publichealthontario.ca/-/media/documents/lab/sars-cov-2-voc-screening-request-form.pdf?sc_lang=en)
- Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Séquençage du génome entier du SARS-CoV-2 en Ontario [Internet]. Toronto, Ont. : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2021 [cité le 31 août 2021]. Disponible à : [https://www.publichealthontario.ca/-/media/documents/ncov/epi/covid-19-sars-cov2-whole-genome-sequencing-epi-summary.pdf?sc\\_lang=fr](https://www.publichealthontario.ca/-/media/documents/ncov/epi/covid-19-sars-cov2-whole-genome-sequencing-epi-summary.pdf?sc_lang=fr)
- Santé Ontario. Prélèvement et analyse des tests de la COVID-19 [Internet]. Toronto, Ont. : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2021 [cité le 31 août 2021]. Disponible à : <https://www.ontariohealth.ca/fr/COVID-19/testing-analysis>
- Oude Munnink B.B., Sikkema R.S., Nieuwenhuijse D.F., Molenaar R.J., Munger E., Molenkamp R., et coll. Transmission of SARS-CoV-2 on mink farms between humans and mink and back to humans. Science. 2021; vol. 371, n° 6525, p. 172-7. Disponible à : <https://doi.org/10.1126/science.abe5901>

## Bibliographie 5 de 5

- Rambaut A., Holmes E.C., O'Toole Á., Hill V., McCrone J.T., Ruis C., et coll. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. Nat Microbiol. 2020; vol. 5, n° 11, p. 1403-7. Disponible à : <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0770-5>
- To K.K., Hung I.F., Ip J.D., Chu A.W., Chan W.M., Tam A.R., et coll. COVID-19 re-infection by a phylogenetically distinct SARS-coronavirus-2 strain confirmed by whole genome sequencing. Clin Infect Dis. 25 août 2020 [publié en version électronique avant la version imprimée]. Disponible à : <https://doi.org/10.1093/cid/ciaa1275>
- Wellcome Sanger Institute. COVID-19 genomic surveillance [Internet]. Cambridge: Wellcome Sanger Institute; 2021 [cité le 31 août 2021]. Disponible à : <https://covid19.sanger.ac.uk/lineages/raw>
- Organisation mondiale de la Santé. Genomic sequencing of SARS-CoV-2: a guide to implementation for maximum impact on public health. Genève : Organisation mondiale de la Santé; 2021. Disponible à : <https://www.who.int/publications/i/item/9789240018440>
- Organisation mondiale de la Santé. Suivi des variants du SARS-CoV-2 [Internet]. Genève : Organisation mondiale de la Santé; 2021 [cité le 31 août 2021]. Disponible à : <https://www.who.int/fr/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/tracking-SARS-CoV-2-variants>

# Remerciements

- Santé publique Ontario
  - Traitement initial
  - Diagnostics moléculaires
  - Science de laboratoire
  - Information de laboratoire
  - Équipe d'intervention en cas d'incident et d'éclosion
  - Protection de la santé
  - Immunisation et préparation aux situations d'urgence
- Santé Ontario
- Réseau génomique COVID-19 de l'Ontario
  - The Hospital for Sick Children
  - Laboratoire hospitalier partagé
  - Centre des sciences de la santé de Kingston
  - Hamilton Regional Laboratory Medicine Program
  - Groupes de travail du RGCO
- Réseau de diagnostic de la COVID-19

## Coordonnées

Alex Marchand-Austin

[Alex.marchand-Austin@oahpp.ca](mailto:Alex.marchand-Austin@oahpp.ca)

Dr. Samir Patel

[Samir.Patel@oahpp.ca](mailto:Samir.Patel@oahpp.ca)