

RÉSUMÉ ÉPIDÉMIOLOGIQUE AMÉLIORÉ

(ARCHIVÉ) Estimation de la prévalence et de la croissance des variants du SRAS-CoV-2 en Ontario à l'aide des profils de mutation

Publication : novembre 2021

Archivé : septembre 2022

ARCHIVÉ

Ce matériel archivé est disponible uniquement à des fins de recherche historique et de référence. Celui-ci n'est plus mis à jour et il se peut qu'il ne reflète plus les directives actuelles.

Depuis le 12 novembre 2021, l'analyse PCR n'est plus systématiquement effectuée dans le but de détecter la présence des variants préoccupants (VP) dans les échantillons affichant un résultat positif pour la COVID-19. Les échantillons positifs admissibles feront maintenant l'objet d'un séquençage du génome entier. Le présent rapport cessera d'être publié à compter du 17 novembre 2021.

On pourra trouver des données exhaustives sur les variants en Ontario dans le [résumé épidémiologique amélioré sur le séquençage du génome entier](#) de SPO. On peut trouver des données historiques sur les VP et les mutations dans les résumés épidémiologiques quotidiens et hebdomadaires sur la [page Web des données sur la COVID-19 de la province](#).

Objet

Le présent rapport décrit l'incidence, la prévalence et la croissance des variants du SRAS-CoV-2 en fonction des profils de mutation en Ontario. Le rapport traite des cas qui ont été déclarés aux autorités publiques jusqu'au **15 novembre 2021** et comprend les renseignements les plus récents tirés de la Solution GCC.

Pour de plus amples renseignements sur les variants confirmés au moyen du séquençage du génome entier, consultez le rapport hebdomadaire [Séquençage du génome entier du SARS-CoV-2](#).

(ARCHIVÉ) Estimation de la prévalence et de la croissance des variants du SRAS-CoV-2 en Ontario à l'aide des profils de mutation

Faits saillants

- À l'heure actuelle, nous estimons que la majorité (99,3 %) des cas de COVID-19 en Ontario sont associés à un variant du SRAS-CoV-2 ayant le profil de mutation N501Y- et E484K-, ce qui inclut des cas associés au variant B.1.617.2 (Delta). Les infections affichant le profil de mutation N501Y+ et E484K- (probablement B.1.1.7 [Alpha]) représentent 0,2 % des cas, tandis que 0,2 % des cas sont associés à un variant du SRAS-CoV-2 ayant le profil de mutation N501Y+ et E484K+ (probablement P.1 [Gamma], B.1.351 [Bêta] ou B.1.621 [Mu]).
- L'incidence pour le profil de mutation N501Y- et E484K- au Tableau 1 est actuellement à la hausse, comme en fait foi le taux de reproduction effectif supérieur à un. L'incidence est actuellement à la baisse pour tous les autres profils de mutation, comme l'indiquent les taux de reproduction effectifs inférieurs à un.

Tableau 1 : Estimation du cumul des cas, pourcentage des cas et taux de reproduction effectif selon le profil de mutation en Ontario du 9 au 15 novembre 2021

Profil de mutation	Total des cas	Pourcentage des cas	Taux de reproduction
N501Y+ et E484K-	7	0,2 %	0,85
N501Y+ et E484K+	7	0,2 %	0,79
N501Y- et E484K+	14	0,3 %	0,94
N501Y- et E484K-	4 139	99,3 %	1,17

Note : Le variant B.1.1.7 (Alpha) (N501Y+ et E484K-) a été détecté pour la première fois au Royaume-Uni; le variant P.1 (Gamma) (N501Y+ et E484K+) a initialement été détecté au Brésil; le variant B.1.351 (Bêta) (N501Y+ et E484K+) a d'abord été détecté en Afrique du Sud; le variant B.1.621 (Mu) (N501Y+ et E484K+) a été détecté pour la première fois en Colombie. Le variant B.1.617.2 (Delta) (inclus dans le profil N501Y- et E484K-) a initialement été détecté en Inde. Le taux de reproduction est le nombre moyen de cas secondaires générés par chaque personne infectée par la COVID-19. Des nombres de cas quotidiens totaux moins grands peuvent donner lieu à des estimations moins stables du taux de reproduction pour chacun des profils de mutation.

Source des données : Solution GCC

Contexte

- Des mutations du coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère 2 (SRAS-Cov-2) se produisent régulièrement, et l'accumulation de ces mutations peut entraîner l'apparition d'une nouvelle lignée virale. Ces nouvelles lignées de séquence génomique légèrement différentes s'appellent des variants.¹ Les variants préoccupants (VP) sont les variants qui ont une incidence importante pour la santé publique ou la pratique clinique sur le plan de la transmissibilité, de la virulence (gravité de la maladie), de l'efficacité vaccinale ou des tests diagnostiques.² Un variant d'intérêt (VI) est un variant qui peut avoir une ou plusieurs mutations en commun avec un VP qui a une incidence importante pour la santé publique ou la pratique clinique, mais les données probantes s'y rapportant sont alors insuffisantes pour le considérer comme un VP.
- Les quatre VP du SRAS-CoV-2 qui causent la COVID-19 détectés un peu partout dans le monde et en Ontario sont les suivants : B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Bêta), P.1 (Gamma), B.1.617.2 (Delta). Il a été démontré que ces VP sont plus contagieux ou peuvent entraîner des conséquences plus graves que les souches qui circulaient auparavant, en plus de diminuer l'effet neutralisant des anticorps.^{3,4} Le variant B.1.1.7 (Alpha) présente la mutation N501Y, qui semble procurer un avantage substantiel sur le plan de la transmissibilité par rapport à d'autres variants sans cette mutation.^{5,6} Les variants préoccupants P.1 (Gamma) et B.1.351 (Bêta) et le variant d'intérêt B.1.621 (Mu) présentent la mutation E484K, qui est particulièrement préoccupante en raison d'une association modérée avec une réduction de l'efficacité vaccinale et une probabilité accrue de réinfection.^{7,8,9} Le variant B.1.617.2 (Delta) ne présente pas la mutation N501Y ni E484K, mais les données préliminaires laissent entendre qu'il pourrait diminuer l'effet neutralisant des anticorps et accroître la gravité de la maladie.^{10,11}

- Il est nécessaire de surveiller les taux de croissance relative des variants possédant des mutations d'intérêt afin de continuer à enrayer la COVID-19 en Ontario.¹²
- Dans le présent rapport, on examine les variants du SRAS-CoV-2 en fonction de leur profil de mutation et non en fonction de leur lignée étant donné qu'il est plus rapide d'obtenir les données sur les mutations que les résultats du séquençage du génome entier (SGE) permettant de déterminer la lignée d'un variant.

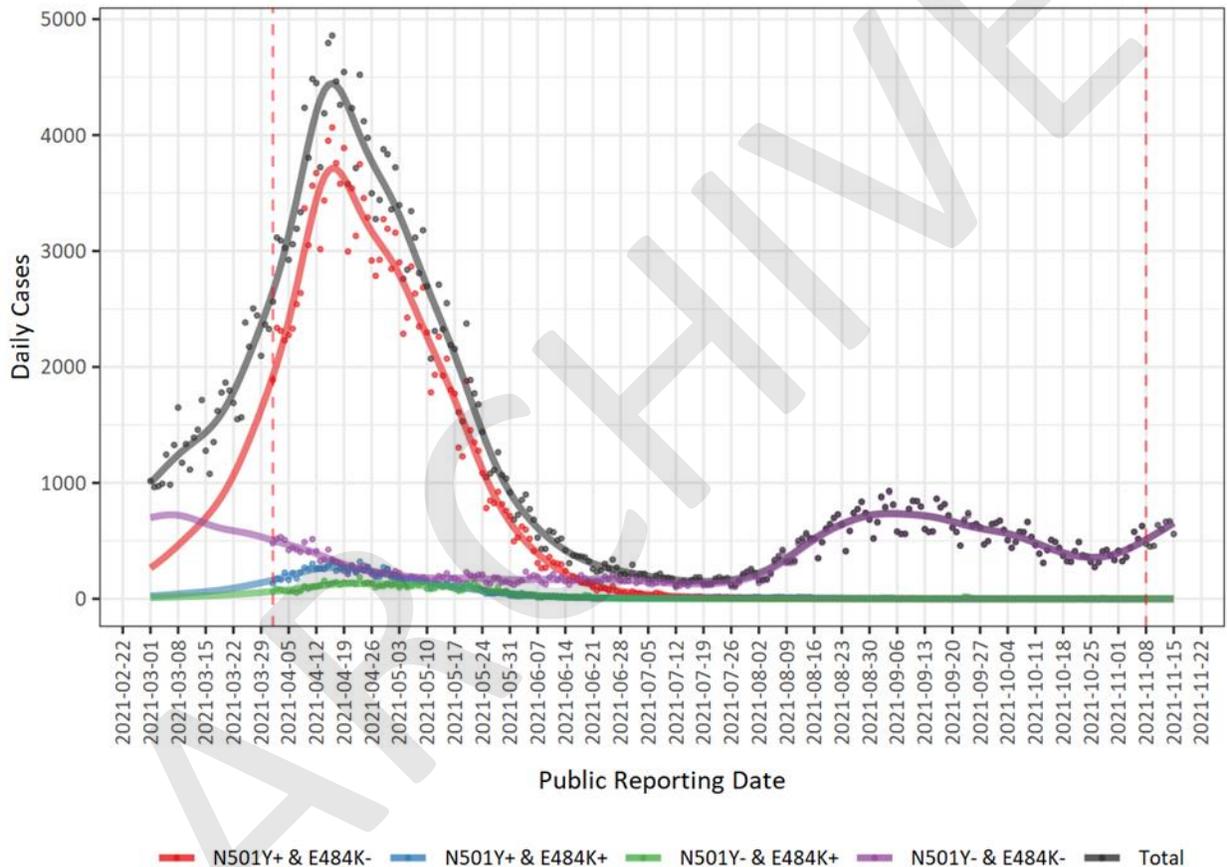
Méthodologie

- Les cas de COVID-19 ont été classés dans quatre profils de mutation entièrement définis : 1) cas présentant la mutation N501Y (N501Y+ et E484K-), 2) cas présentant la mutation E484K (N501Y- et E484K+), 3) cas présentant à la fois la mutation N501Y et la mutation E484K (N501Y+ et E484K+), et 4) cas n'ayant aucune de ces mutations sur la base d'un dépistage et d'un test en laboratoire (N501Y- et E484K-). Les cas de COVID-19 dont la lignée avait été déterminée par SGE et correspondait à un profil de mutation défini ont aussi été inclus dans ces groupes (B.1.1.7 [Alpha] dans le groupe de la mutation N501Y+ et E484K-; P.1 [Gamma], B.1.351 [Bêta] ou B.1.621 [Mu] dans celui de la mutation N501Y+ et E484K+; ceux des lignées B.1.617, incluant la sous-lignée B.1.617.2 [Delta], dans le groupe de la mutation N501Y- et E484K-).
- Les pourcentages de chaque profil entièrement défini ont été calculés en divisant le nombre de cas dans chaque profil de mutation par le nombre total de cas ayant un profil de mutation entièrement défini à une date de déclaration donnée. Ces pourcentages ont ensuite été multipliés par le pourcentage de cas chez qui une mutation commune aux VP a été détectée et par le nombre total de cas confirmés de COVID-19 à une date de publication donnée afin d'extrapoler le nombre de cas dans chaque profil de mutation.
- Des modèles additifs généralisés ont été utilisés afin d'estimer le nombre de cas quotidiens de chaque profil de mutation, y compris pour les périodes où il a été déterminé que la surveillance était biaisée en raison de changements dans les tests de dépistage en laboratoire et de décalages dans la communication des résultats (avant le 1^{er} avril 2021 et dans les 7 derniers jours). Les estimations ont été modélisées pour la période du 1^{er} mars 2021 au 31 mars 2021, lorsque moins de 50 % des échantillons étaient testés par PCR multiplex en temps réel afin de détecter la présence de VP, et pour les 7 derniers jours en raison des décalages sur le plan de la déclaration des données sur la mutation et les variants dans la Solution GCC. Le modèle tenait compte de l'autocorrélation temporelle avec un coefficient autorégressif d'ordre 1 et une moyenne mobile d'ordre 1.
- L'estimation du taux de reproduction effectif (R_e) de chaque profil de mutation a été établie à partir des taux de croissance quotidien du modèle, puis en les adaptant à un intervalle sériel de 4,5 jours.^{13,14}
- Le pourcentage des cas présentant la mutation N501Y- et E484K- dans le Tableau 2 est calculé en divisant le nombre de cas déclarés présentant le profil de mutation N501Y- et E484K- par le

nombre de cas chez qui une mutation commune aux VP a été détectée à une date de déclaration donnée, puis intégré avec la période de 7 jours. En raison des décalages survenus sur le plan de la déclaration, le pourcentage des cas ayant un profil de mutation N501Y- et E484K- devrait être interprété en tenant compte du nombre total de cas et du pourcentage ayant fait l'objet d'un dépistage des mutations communes aux VP.

Results

Figure 1: Estimated daily COVID-19 cases, total and mutation profiles by public reporting date in Ontario, March 1, 2021 to November 15, 2021



Note: Public reporting date is the date the public health unit reported the case to Public Health Ontario plus one day to account for the delay in public reporting. This is not the date on which a variant or mutation was identified. Data in the time period between the vertical dashed red lines (April 1, 2021 to November 8, 2021) were used to estimate daily cases before April 1, 2021 and in the most recent 7 days to account for surveillance biases and reporting lags.

N501Y+ and E484K- (red) mutation detected are likely to be lineage B.1.1.7 (Alpha).

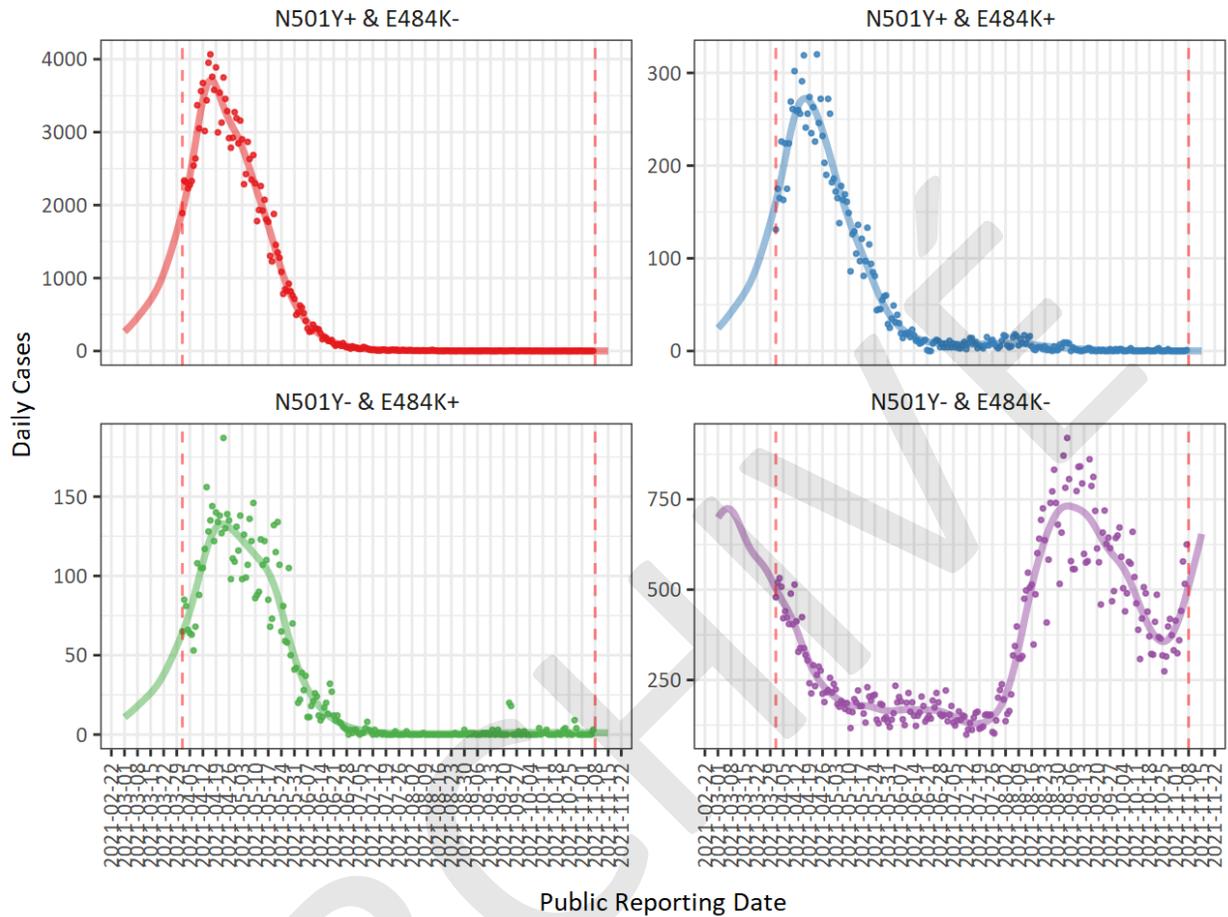
N501Y+ and E484K+ (blue) mutation detected are likely to be lineage P.1 (Gamma), B.1.351 (Beta) or B.1.621 (Mu).

N501Y- and E484K+ (green) does not correspond to a variant of concern currently identified in Ontario.

N501Y- and E484K- (purple) are cases with neither mutation detected and includes sublineage B.1.617.2 (Delta).

Data Source: CCM

Figure 2: Estimated daily COVID-19 cases for each mutation profile by public reporting date in Ontario, March 1, 2021 to November 15, 2021



Note: The daily cases scale (y-axis) differ among the different panels of this figure.

Public reporting date is the date the public health unit reported the case to Public Health Ontario plus one day to account for the delay in public reporting. This is not the date on which a variant or mutation was identified.

Data in the time period between the vertical dashed red lines (April 1, 2021 to November 8, 2021) were used to estimate daily cases before April 1, 2021 and in the most recent 7 days to account for surveillance biases and reporting lags.

N501Y+ and E484K- (red) mutation detected are likely to be lineage B.1.1.7 (Alpha).

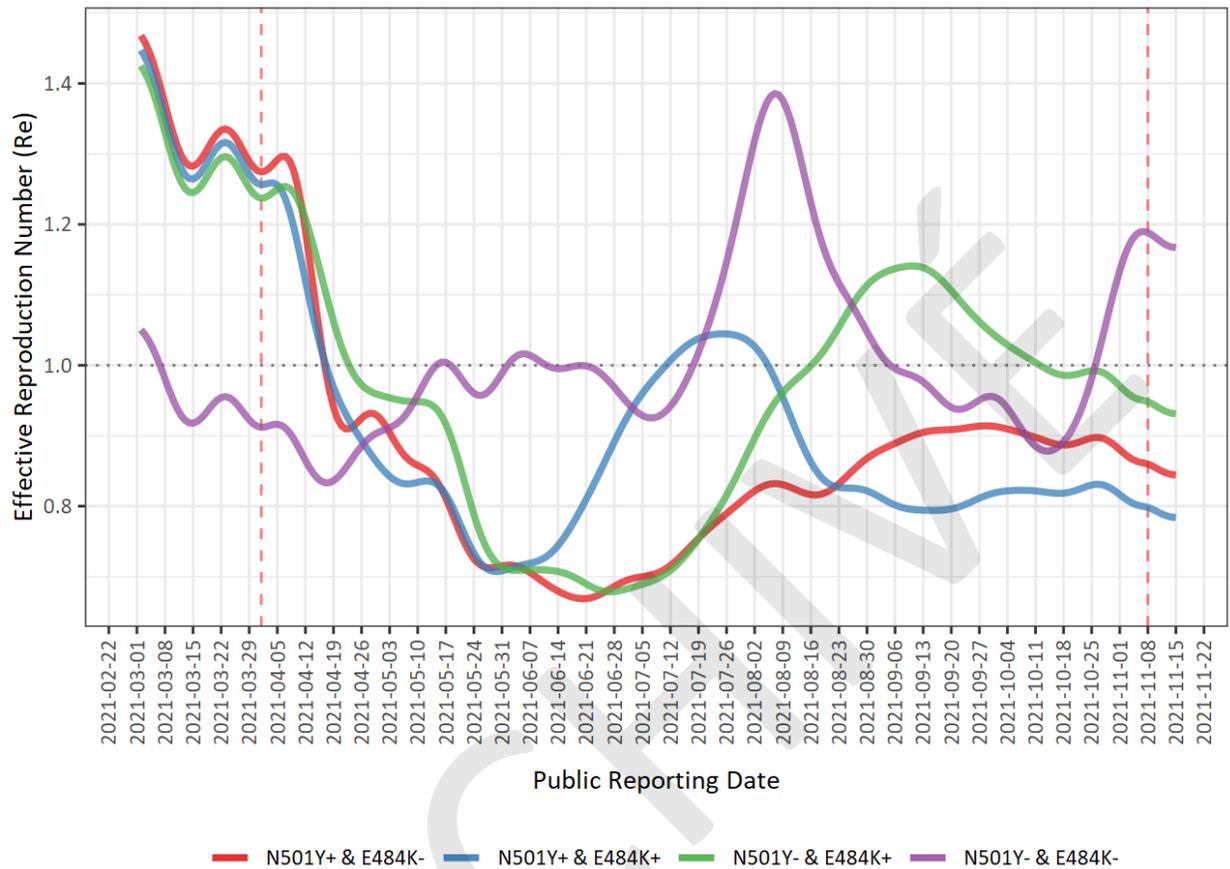
N501Y+ and E484K+ (blue) mutation detected are likely to be lineage P.1 (Gamma), B.1.351 (Beta) or B.1.621 (Mu).

N501Y- and E484K+ (green) does not correspond to a variant of concern currently identified in Ontario.

N501Y- and E484K- (purple) are cases with neither mutation detected and includes sublineage B.1.617.2 (Delta).

Data Source: CCM

Figure 3: Effective reproduction number estimates of COVID-19 mutation profiles by public reporting date in Ontario, March 1, 2021 to November 15, 2021



Note: Public reporting date is the date the public health unit reported the case to Public Health Ontario plus one day to account for the delay in public reporting. This is not the date on which a variant or mutation was identified. Data in the time period between the vertical dashed red lines (April 1, 2021 to November 8, 2021) were used to estimate daily cases before April 1, 2021 and in the most recent 7 days to account for surveillance biases and reporting lags.

N501Y+ and E484K- (red) mutation detected are likely to be lineage B.1.1.7 (Alpha).

N501Y+ and E484K+ (blue) mutation detected are likely to be lineage P.1 (Gamma), B.1.351 (Beta) or B.1.621 (Mu).

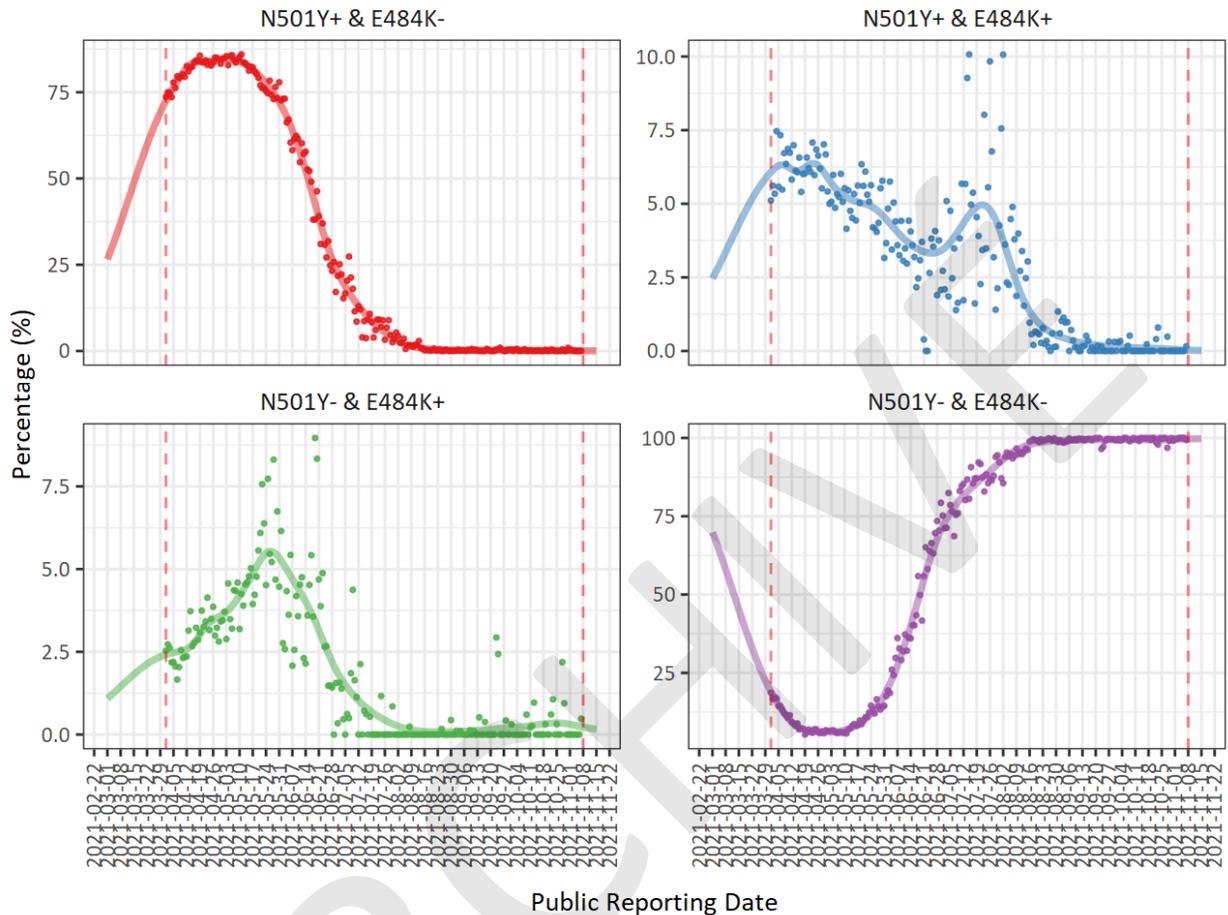
N501Y- and E484K+ (green) does not correspond to a variant of concern currently identified in Ontario.

N501Y- and E484K- (purple) are cases with neither mutation detected and includes sublineage B.1.617.2 (Delta).

Data Source: CCM

The reproduction number is the average number of secondary cases of infection generated by each person infected with COVID-19. A reproduction number greater than one means that the overall number of new cases is growing, while a reproduction number less than one means the overall number of new cases is decreasing and suggests that COVID-19 is coming under control. Lower total daily case counts may result in less stable reproduction number estimates for each mutation profile.

Figure 4: Percentage of COVID-19 cases by mutation profile and public reporting date in Ontario, March 1, 2021 to November 15, 2021



Note: The percentage scale (y-axis) differ among the different panels of this figure.

Public reporting date is the date the public health unit reported the case to Public Health Ontario plus one day to account for the delay in public reporting. This is not the date on which a variant or mutation was identified.

Data in the time period between the vertical dashed red lines (April 1, 2021 to November 8, 2021) were used to estimate daily cases before April 1, 2021 and in the most recent 7 days to account for surveillance biases and reporting lags.

N501Y+ and E484K- (red) mutation detected are likely to be lineage B.1.1.7 (Alpha).

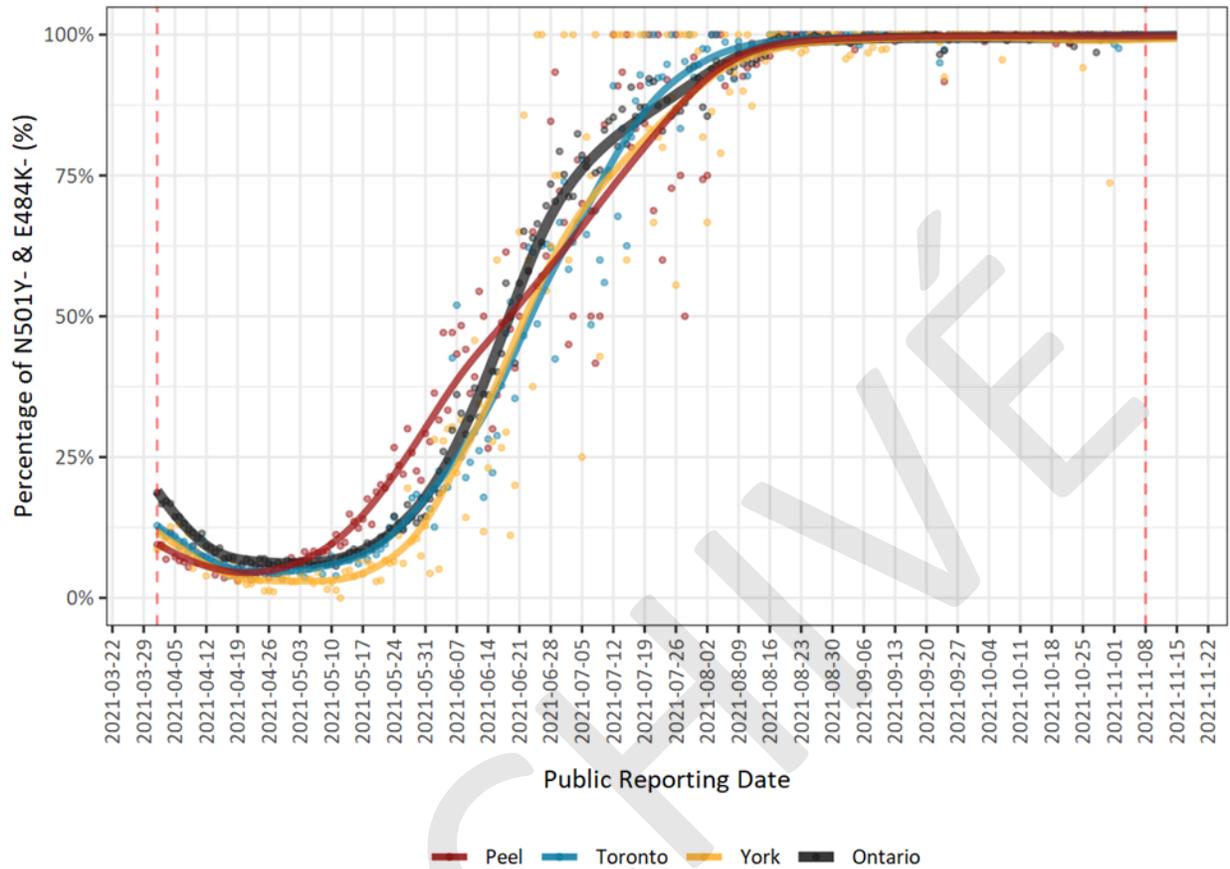
N501Y+ and E484K+ (blue) mutation detected are likely to be lineage P.1 (Gamma), B.1.351 (Beta) or B.1.621 (Mu).

N501Y- and E484K+ (green) does not correspond to a variant of concern currently identified in Ontario.

N501Y- and E484K- (purple) are cases with neither mutation detected and includes sublineage B.1.617.2 (Delta).

Data Source: CCM

Figure 5: Percentage of COVID-19 cases that are N501Y- and E484K-, Ontario and selected PHUs, April 1, 2021 to November 15, 2021



Note: Public reporting date is the date the public health unit reported the case to Public Health Ontario plus one day to account for the delay in public reporting. This is not the date on which a variant or mutation was identified. Data in the time period between the vertical dashed red lines (April 1, 2021 to November 8, 2021) were used to estimate daily cases in the most recent 7 days to account for surveillance biases and reporting lags. N501Y- and E484K- are cases with neither mutation detected and includes sublineage B.1.617.2 (Delta). Percentages presented by public health unit (PHU) are based on the diagnosing health unit.

Data Source: CCM

Table 2: Number and percentage of N501Y- and E484K- cases by public health unit, November 2, 2021 to November 15, 2021

Public Health Unit	Number N501Y negative/E484K negative (November 2 to November 8)	Percentage N501Y negative/E484K negative (November 2 to November 8)	Number N501Y negative/E484K negative (November 9 to November 15)	Percentage N501Y negative/E484K negative (November 9 to November 15)
Algoma Public Health	22	100	8	100
Brant County Health Unit	30	100	18	100
Chatham-Kent Public Health	36	97.3	20	100
City of Hamilton Public Health Services	65	100	44	100
Durham Region Health Department	36	100	41	100
Eastern Ontario Health Unit	15	100	4	100
Grey Bruce Health Unit	26	89.7	24	100
Haldimand-Norfolk Health Unit	35	100	48	98
Haliburton, Kawartha, Pine Ridge District Health Unit	2	100	5	100
Halton Region Public Health	62	100	63	100
Hastings Prince Edward Public Health	3	100	7	100
Huron Perth Public Health	34	97.1	40	100
Kingston, Frontenac and Lennox & Addington Public Health	52	100	56	100
Lambton Public Health	24	92.3	45	100
Leeds, Grenville & Lanark District Health Unit	4	100	2	100
Middlesex-London Health Unit	83	100	35	100
Niagara Region Public Health	26	100	31	100
North Bay Parry Sound District Health Unit	0	0	2	100
Northwestern Health Unit	1	100	3	100
Ottawa Public Health	123	98.4	75	100

Public Health Unit	Number N501Y negative/E484K negative (November 2 to November 8)	Percentage N501Y negative/E484K negative (November 2 to November 8)	Number N501Y negative/E484K negative (November 9 to November 15)	Percentage N501Y negative/E484K negative (November 9 to November 15)
Peel Public Health	159	100	135	100
Peterborough Public Health	7	100	12	92.3
Porcupine Health Unit	2	100	8	100
Public Health Sudbury & Districts	120	100	133	100
Renfrew County and District Health Unit	3	100	4	100
Simcoe Muskoka District Health Unit	108	100	71	100
Southwestern Public Health	82	98.8	98	98
Thunder Bay District Health Unit	9	100	11	100
Timiskaming Health Unit	2	100	6	100
Toronto Public Health	316	99.7	111	98.2
Waterloo Public Health and Emergency Services	92	100	59	100
Wellington-Dufferin-Guelph Public Health	25	100	45	100
Windsor-Essex County Health Unit	113	98.3	98	100
York Region Public Health	100	98	125	100

Note: Public reporting date is the date the public health unit reported the case to Public Health Ontario plus one day to account for the delay in public reporting. This is not the date on which a variant or mutation was identified. Cases and percentages presented by public health unit (PHU) are based on the diagnosing health unit. The percentage of N501Y- and E484K- (includes sublineage B.1.617.2 [Delta]) is subject to reporting delays that may vary by geography and should be interpreted within the context of total case numbers and percentage screened for mutations common to VOCs.

Data Source: CCM

Notes et limites relatives aux données

- Les données utilisées aux fins du présent rapport reposent sur les renseignements ayant pu être extraits de la Solution de gestion des cas et des contacts (GCC) par SPO pour tous les bureaux de santé publique le **14 novembre 2021 à 13 h**.
- Les données concernant le dépistage des VP aux fins du présent rapport reposent sur les renseignements ayant pu être extraits de la Solution GCC par SPO dans l'objet laboratoire pour certains noms et codes LOINC (Logical Observation Identifiers Names and Codes) en ce qui a trait aux cas déclarés entre le 7 février 2021 et le 17 août 2021 pour tous les bureaux de santé publique en date du 29 septembre 2021 à 13 h. Des renseignements tirés des champs lignée (Investigation lineage) et mutation (Investigation mutation) complètent ces données pour les cas déclarés entre le 7 février 2021 et le 17 août 2021. Pour les cas déclarés à partir du 18 août 2021, le résultat concernant le dépistage des VP est fondé sur les renseignements tirés uniquement des champs lignée et mutation pour tous les bureaux de santé publique.
- La Solution GCC est un système dynamique qui permet de mettre à jour les données de façon continue. Par conséquent, les données extraites de ce système représentent un instantané de la situation au moment de l'extraction et peuvent être différentes de celles des rapports antérieurs ou subséquents.
- Les données reflètent uniquement les cas déclarés aux bureaux de santé publique et enregistrés dans la Solution GCC. Par conséquent, tous les chiffres peuvent faire l'objet de différents degrés de sous-déclaration en raison de divers facteurs, comme la sensibilisation à la maladie et la sollicitation de soins médicaux, qui peuvent dépendre de la gravité de la maladie, de la pratique clinique, de changements dans l'exécution des analyses en laboratoire et des comportements en matière de déclaration.
- La date variable utilisée dans les graphiques illustrant les courbes épidémiques et les taux de reproduction dans le rapport fait référence à la date à laquelle le cas a été enregistré pour la première fois dans le jeu de données compilées, plus un jour. Cela correspond à la « date de déclaration » de chaque cas à l'échelle provinciale.
 - Afin de tenir compte de circonstances dans le cadre desquelles il y a eu de longs intervalles entre le prélèvement de l'échantillon et l'entrée des données dans la Solution GCC, nous avons remplacé la date de déclaration par la date du prélèvement, plus trois jours (le mode de distribution entre le prélèvement de l'échantillon et la date de déclaration). Ce remplacement a été fait pour les cas dont l'intervalle entre le prélèvement de l'échantillon et la date de déclaration se situait entre 7 et 90 jours.
 - Dans les rares circonstances où ce décalage était de plus de 90 jours, nous n'avons pas remplacé la date.

- L'orientation du nombre de cas selon la région géographique repose sur le bureau de santé où a été fait le diagnostic (BSD). Il s'agit du bureau de santé publique sur le territoire de résidence de la personne infectée au moment de l'apparition de la maladie et pas nécessairement du lieu d'exposition.
- La détection en laboratoire d'un variant préoccupant est un processus comportant de multiples étapes. Les échantillons ayant un résultat positif de SRAS-CoV-2 et qui ont un cycle seuil (Ct) de ≤ 35 peuvent faire l'objet d'un test pour détecter la présence de mutations communes aux VP (c.-à-d., N501Y – mutation commune aux variants B.1.1.7 [Alpha], B.1.351 [Bêta], P.1 [Gamma] et B.1.621 [Mu]; ou E484K – mutation commune aux variants B.1.351 [Bêta], P.1 [Gamma] et B.1.621 [Mu] seulement). En cas de résultats positifs pour les mutations communes aux VP avec un Ct de ≤ 30 , ces échantillons peuvent faire l'objet d'une analyse génomique afin de déterminer la lignée du VP.
- Les taux de reproduction effectifs estimés pour chacun des profils de mutation peuvent être moins stables quand le nombre total des cas déclarés est moins grand. Des changements dans la proportion des échantillons qui font l'objet d'un test pour détecter la présence de mutations communes aux VP peuvent aussi avoir une incidence sur les estimations du nombre de cas quotidiens, des pourcentages et des taux de reproduction.
- L'algorithme de dépistage des variants a évolué au fil du temps en Ontario. Depuis le 3 février 2021, tous les échantillons ayant obtenu un résultat positif de SRAS-CoV-2 à la suite d'une analyse PCR et qui ont un Ct de ≤ 35 sont testés pour la présence de la mutation N501Y. Depuis le 22 mars 2021, ces échantillons sont aussi testés pour la présence de la mutation E484K. Depuis le 26 mai 2021, les cas chez qui la mutation E484K est détectée ne feront pas automatiquement l'objet d'un séquençage étant donné que les laboratoires de dépistage des VP ont maintenant adopté une méthode d'échantillonnage représentatif, où seule une certaine proportion de résultats positifs avec un Ct de ≤ 30 est acheminée aux fins d'une analyse génomique plus poussée.
- Santé publique Ontario effectue des tests de dépistage et des analyses génomiques des échantillons positifs du SRAS-CoV-2 à l'aide des critères décrits dans le document suivant : <https://www.publichealthontario.ca/fr/laboratory-services/test-information-index/covid-19-voc>

Références

1. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Résumé épidémiologique hebdomadaire : Séquençage du génome entier du SARS-CoV-2 en Ontario, 9 juin 2021 [En ligne]. Toronto, ON : Imprimeur de la reine pour l'Ontario; 2021 [cité le 18 juin 2021]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/-/media/documents/ncov/epi/covid-19-sars-cov2-whole-genome-sequencing-epi-summary.pdf?la=fr>
2. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Variants préoccupants de la COVID-19 [En ligne]. Toronto, ON : Imprimeur de la reine pour l'Ontario; 2021 [cité le 18 juin 2021]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/fr/diseases-and-conditions/infectious-diseases/respiratory-diseases/novel-coronavirus/variants>
3. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Guide d'accompagnement sur les variants préoccupants [En ligne]. Toronto, ON : Imprimeur de la reine pour l'Ontario; 2021 [cité le 14 juin 2021]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/-/media/documents/ncov/voc/2021/04/covid-19-companion-guide-variants.pdf?la=fr>
4. Public Health England. SARS-COV-2 variants of concern and variants under investigation in England: technical briefing 14 [En ligne]. London: Crown Copyright; 2021 [cité le 10 juin 2021]. Disponible à : https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/991343/Variants_of_Concern_VOC_Technical_Briefing_14.pdf
5. Davies NG, Abbott S, Barnard RC, Jarvis CI, Kucharski AJ, Munday JD, et al. Estimated transmissibility and impact of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7 in England. *Science*. 2021;372(6538):eabg3055. Disponible à : <https://doi.org/10.1126/science.abg3055>
6. Brown KA, Gubbay J, Hopkins J, Patel S, Buchan SA, Daneman N, et al. S-gene target failure as a marker of variant B.1.1.7 among SARS-CoV-2 isolates in the Greater Toronto Area, December 2020 to March 2021. *JAMA*. 2021;325(20):2115-6. Disponible à : <https://doi.org/10.1001/jama.2021.5607>
7. Sabino EC, Buss LF, Carvalho MPS, Prete CA, Crispim MAE, Fraiji NA, et al. Resurgence of COVID-19 in Manaus, Brazil, despite high seroprevalence. *Lancet*. 2021;397(10273):452-5. Disponible à : [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(21\)00183-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(21)00183-5)
8. Jangra S, Ye C, Rathnasinghe R, Stadlbauer D, Krammer F, Simon V, et al. The E484K mutation in the SARS-CoV-2 spike protein reduces but does not abolish neutralizing activity of human convalescent and post-vaccination sera. medRxiv 21250543 [Prépublication]. 2021 Jan 29 [cité le 14 juin 2021]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2021.01.26.21250543>
9. Laiton-Donato K, Franco-Muñoz C, Álvarez-Díaz DA, Ruiz-Moreno HA, Usme-Ciro JA, Prada DA, et al. Characterization of the emerging B.1.621 variant of interest of SARS-CoV-2. *Infect Genet Evol*. 2021;105038. Disponible à : <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2021.105038>
10. Wall EC, Wu M, Harvey R, Kelly G, Warchal S, Sawyer C, et al. Neutralising antibody activity against SARS-CoV-2 VOCs B.1.617.2 and B.1.351 by BNT162b2 vaccination. *Lancet*. 2021;397(10292):2331-3. Disponible à : [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(21\)01290-3](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(21)01290-3)

11. Sheikh A, McMenam J, Taylor B, Robertson C. SARS-CoV-2 Delta VOC in Scotland: demographics, risk of hospital admission, and vaccine effectiveness. *Lancet*. 2021;S0140-6736(21)01358-1 Disponible à : [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(21\)01358-1](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(21)01358-1)
12. Sah P, Vilches TN, Shoukat A, Pandey A, Fitzpatrick MC, Moghadas SM, et al. Quantifying the potential for dominant spread of SARS-CoV-2 variant B.1.351 in the United States. *medRxiv* 21256996 [Prépublication]. 2021 May 12 [cité le 14 juin 2021]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2021.05.10.21256996>
13. Nishiura H, Linton NM, Akhmetzhanov AR. Serial interval of novel coronavirus (COVID-19) infections. *Int J Infect Dis*. 2020;93:284-6. Disponible à : <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.02.060>
14. Du Z, Xu X, Wu Y, Wang L, Cowling BJ, Ancel Meyers L. Serial interval of COVID-19 among publicly reported confirmed cases. *Emerg Infect Dis*. 2020;26(6):1341-3. Disponible à : <https://doi.org/10.3201/eid2606.200357>

Modèle proposé pour citer le document

Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Estimation de la prévalence et de la croissance des variants du SRAS-CoV-2 en Ontario à l'aide des profils de mutation. Toronto, ON : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2021.

Avis de non-responsabilité

Le présent document a été produit par Santé publique Ontario (SPO). SPO fournit des conseils scientifiques et techniques au gouvernement, aux organismes de santé publique et aux fournisseurs de soins de santé de l'Ontario. SPO fonde ses travaux sur les meilleures données probantes disponibles au moment de sa 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 autorisation à des fins non commerciales uniquement, sous réserve d'une mention appropriée de SPO. Aucune modification ne doit lui être apportée sans l'autorisation écrite explicite de Santé publique Ontario.

Pour en savoir plus

Pour obtenir de l'information additionnelle, envoyer un courriel à : epir@oahpp.ca.

Santé publique Ontario

Santé publique Ontario est une société de la Couronne vouée à la protection et à la promotion de la santé de l'ensemble de la population ontarienne, ainsi qu'à la réduction des inégalités 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 fournisseurs de soins de première ligne et des chercheurs.

Pour obtenir plus d'information au sujet de SPO, consultez santepubliqueontario.ca