

RAPPORT SOMMAIRE

Variants préoccupants du SRAS-CoV-2 : Résultats d'une étude sur la prévalence ponctuelle

12 février 2021

Ce rapport fournit les résultats d'une étude sur la prévalence ponctuelle des variants préoccupants (acronyme anglais VOC utilisé) du SRAS-CoV-2, réalisée en une journée. L'étude portait sur des échantillons positifs au SRAS-CoV-2 obtenus le 20 janvier 2021 en Ontario et soumis à Santé publique Ontario (SPO). Ces résultats identifient les échantillons qui présentent la mutation N501Y du gène du pic (S), observée dans ces trois VOC :

- lignée PANGO B.1.1.7 (aussi appelée 202012/01 et détectée pour la première fois au Royaume-Uni);
- lignée PANGO B.1.351 (aussi appelée 501Y.V2 et détectée pour la première fois en Afrique du Sud);
- lignée PANGO P.1 (aussi appelée 501Y.V3 et détectée pour la première fois au Brésil).

Les experts croient que ces variants ont probablement des conséquences importantes pour les soins cliniques et la santé publique, notamment leur transmissibilité accrue, leur virulence et/ou l'efficacité réduite des vaccins.¹⁻³ Le présent rapport décrit les résultats des tests de dépistage de la mutation N501Y ainsi que le séquençage du génome entier aux fins de la confirmation et de l'identification de la lignée des VOC. Les résultats incluent les renseignements les plus à jour du Système de gestion de l'information des laboratoires de Santé publique Ontario, au 6 février 2021.

Points saillants

- Sur environ 3 003 échantillons positifs au SRAS-CoV-2 signalés en Ontario le 20 janvier 2021, un total de 2 756 échantillons ont été reçus par les laboratoires de SPO; 2 570 échantillons ont fait l'objet de tests de dépistage de la mutation N501Y, alors que 186 autres n'ont pas pu être testés, probablement en raison de leur faible charge virale.
- Dans l'ensemble, 113 des 2 750 échantillons (4,4 %) testés présentaient la mutation N501Y; la majorité, soit 91 des 113 échantillons (80,5 %) ont été détectés par le Bureau de santé du district de Simcoe Muskoka.
- Des 113 échantillons contenant la mutation N501Y, 88 ont été confirmés positifs par séquençage du génome entier; 87 d'entre eux font partie de la lignée PANGO B.1.1.7, tandis qu'un autre appartient à la lignée PANGO B.1.351 (en provenance du Bureau de santé de la région de Peel).
- Trois (2,7 %) échantillons présentant la mutation N501Y provenaient de personnes ayant effectué un voyage international avant l'obtention du diagnostic de SRAS-CoV-2; aucun des cas n'a été associé à une éclosion.

- La prévalence s'établissait à 1,1 % pour les échantillons non associés à une éclosion et à 13,2 % pour les échantillons associés à une éclosion (mutation détectée dans 2,0 % des éclosions testées).
- Dans le cas des échantillons associés à une éclosion, la prévalence de la mutation était plus élevée chez les femmes, mais similaire chez les hommes et les femmes dans le cas des échantillons non associés à une éclosion.
- La prévalence était supérieure dans les groupes plus âgés (plus de 60 ans) dans le cas des échantillons associés à une éclosion, mais similaire entre les différents groupes d'âge dans le cas des échantillons non associés à une éclosion.
- La présence de la mutation N501Y a été détectée dans des échantillons associés à six éclosions, dont trois sont survenues sur le territoire du Bureau de santé du district de Simcoe Muskoka, deux sur celui du Bureau de santé de la région de Peel et une sur celui du Bureau de santé de Toronto.
- Dans le cas des prélèvements non associés à une éclosion, la mutation N501Y a été détectée dans des échantillons provenant des bureaux de santé de Toronto (n = 7), de Peel (n = 5), de la région de York (n = 3), du district de Simcoe Muskoka (n = 3), de Durham (n = 2) et de la région de Waterloo (n = 1).

Méthodologie

SPO a demandé de faire acheminer à ses laboratoires tous les échantillons déclarés positifs au SRAS-CoV-2 le 20 janvier 2021 dans l'ensemble du Réseau provincial de diagnostic de la COVID-19 en Ontario afin de les soumettre à un dépistage des variants préoccupants. Le matériel génétique du virus (ARN) a été extrait de chaque échantillon, puis on a utilisé une technique de transcription inverse suivie de réaction en chaîne de la polymérase en temps réel (rRT-PCR) de polymorphismes d'un seul nucléotide (acronyme anglais SNP). Mise au point par des chercheurs des laboratoires de SPO, cette technique a été employée spécifiquement pour détecter toute mutation N501Y.

Les échantillons présentant la mutation N501Y ont fait l'objet d'un séquençage du génome entier ou sont actuellement en cours de séquençage pour confirmer la mutation N501Y, déterminer la lignée PANGO et explorer toute autre mutation d'intérêt potentielle.

Prévalence de la mutation N501Y selon la présence d'une éclosion, l'âge, le sexe et le bureau de santé

Tableau 1. Nombre et proportion d'échantillons positifs au SRAS-CoV-2 et présentant la mutation N501Y dans le gène du pic (S), selon la présence d'une éclosion, au 20 janvier 2021

	Détectée	Non détectée	Total
Éclosion	92 (13,2 %)	606 (86,8 %)	698
Non-éclosion	21 (1,1 %)	1 851 (98,8 %)	1 872
Total	113 (4,4 %)	2 457 (95,6 %)	2 570

Remarque : Exclut les échantillons pour lesquels le test de dépistage de la mutation N501Y n'a pas pu être mené à bien, probablement en raison de leur faible charge virale (n = 186). On a détecté la mutation N501Y au sein de six éclosions. Au total, des échantillons provenant de 300 éclosions différentes ont été soumis au dépistage. Les données de laboratoire de 47 échantillons n'ont pu être associées à des cas confirmés dans le CCM; la mutation N501Y n'a été détectée dans aucun de ces échantillons, qui ont été incorporés dans la catégorie « Non-éclosion ». Par conséquent, le nombre d'échantillons testés pourrait correspondre à une sous-estimation pour les éclosions ou à une surestimation pour les non-éclosions. Les notes techniques fournissent des détails sur la façon de déterminer une association avec une éclosion.

Source des données : Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO et CCM

Tableau 2. Proportion (%) d'échantillons positifs au SRAS-CoV-2 et présentant la mutation N501Y (détectée/testée) dans le gène du pic (S), selon le sexe et la présence d'une éclosion, au 20 janvier 2021

Sexe	Éclosion	Non-éclosion	Total
Homme	8,7 % (27/310)	1,1 % (11/958)	3,0 % (38/1 268)
Femme	18,2 % (65/357)	1,2 % (10/853)	6,2 % (75/1 210)
Inconnu	0,0 % (0/31)	0,0 % (0/61)	0,0 % (0/92)

Remarque : Exclut les échantillons pour lesquels le test de dépistage de la mutation N501Y n'a pas pu être mené à bien, probablement en raison de leur faible charge virale (n = 186). Le sexe n'a pas été signalé pour certains échantillons, qui ont été incorporés dans la catégorie « Inconnu ». Les données de laboratoire de 47 échantillons n'ont pu être associées à des cas confirmés dans le CCM, et la mutation N501Y n'a été détectée dans aucun de ces échantillons, qui ont été incorporés dans la catégorie « non-éclosion ». Par conséquent, le nombre d'échantillons testés pourrait correspondre à une sous-estimation pour les éclosions ou à une surestimation pour les non-éclosions. Les notes techniques fournissent des détails sur la façon de déterminer une association avec une éclosion.

Source des données : Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO et CCM

Tableau 3. Proportion (%) d'échantillons positifs au SRAS-CoV-2 et présentant la mutation N501Y (détectée/testée) dans le gène du pic (S), selon le groupe d'âge et la présence d'une éclosion, au 20 janvier 2021

Groupe d'âge	Éclosion	Non-éclosion	Total
19 ans et moins	7,1 % (2/28)	1,9 % (5/259)	2,4 % (7/287)
20-39 ans	7,2 % (14/194)	0,7 % (5/680)	2,2 % (19/874)
40-59 ans	5,5 % (10/183)	1,6 % (9/560)	2,6 % (19/743)
60-79 ans	20,5 % (27/132)	0,7 % (2/305)	6,6 % (29/437)
80 ans et plus	24,2 % (39/161)	0,0 % (0/47)	18,8 % (39/208)
Inconnu	0,0 % (0/0)	0,0 % (0/21)	0,0 % (0/21)

Remarque : Exclut les échantillons pour lesquels le test de dépistage de la mutation N501Y n'a pas pu être mené à bien, probablement en raison de leur faible charge virale (n = 186). L'âge n'a pas été signalé pour certains échantillons, qui ont été incorporés dans la catégorie « Inconnu ». Les données de laboratoire de 47 échantillons n'ont pu être associées à des cas confirmés dans le CCM, et aucun échantillon ne présentait la mutation N501Y. Ces échantillons ont été incorporés dans la catégorie « Non-éclosion ». Par conséquent, le nombre d'échantillons testés pourrait correspondre à une sous-estimation pour les éclosions ou à une surestimation pour les non-éclosions. Les notes techniques fournissent des détails sur la façon de déterminer une association avec une éclosion.

Source des données : Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO et CCM

Tableau 4. Proportion (%) d'échantillons positifs au SRAS-CoV-2 et présentant la mutation N501Y (détectée/testée) dans le gène du pic (S), selon le bureau de santé et la présence d'une éclosion, au 20 janvier 2021

Bureau de santé	Éclosion	Non-éclosion	Total
Santé publique Algoma	0,0 % (0/1)	0,0 % (0/3)	0,0 % (0/4)
Bureau de santé du comté de Brant	0,0 % (0/0)	0,0 % (0/12)	0,0 % (0/12)
Bureau de santé de Chatham-Kent	0,0 % (0/1)	0,0 % (0/4)	0,0 % (0/5)
Services de santé publique de Hamilton	0,0 % (0/28)	0,0 % (0/7)	0,0 % (0/35)
Bureau de santé de Durham	0,0 % (0/17)	2,6 % (2/76)	2,2 % (2/93)
Bureau de santé de l'Est de l'Ontario	0,0 % (0/3)	0,0 % (0/14)	0,0 % (0/17)
Bureau de santé de Grey Bruce	0,0 % (0/2)	0,0 % (0/2)	0,0 % (0/4)
Bureau de santé d'Haldimand-Norfolk	0,0 % (0/0)	0,0 % (0/5)	0,0 % (0/5)

Bureau de santé	Écllosion	Non-écllosion	Total
Bureau de santé du district d'Haliburton, Kawartha et Pine Ridge	0,0 % (0/12)	0,0 % (0/10)	0,0 % (0/22)
Bureau de santé de la région de Halton	0,0 % (0/16)	0,0 % (0/43)	0,0 % (0/59)
Bureau de santé de Hastings et Prince Edward	0,0 % (0/0)	0,0 % (0/2)	0,0 % (0/2)
Circonscription sanitaire de Huron et Perth	0,0 % (0/6)	0,0 % (0/15)	0,0 % (0/21)
Bureau de santé de Kingston, Frontenac, Lennox et Addington	0,0 % (0/0)	0,0 % (0/5)	0,0 % (0/5)
Bureau de santé publique de Lambton	0,0 % (0/4)	0,0 % (0/21)	0,0 % (0/25)
Bureau de santé du district de Leeds, Grenville et Lanark	0,0 % (0/1)	0,0 % (0/4)	0,0 % (0/5)
Bureau de santé de Middlesex-London	0,0 % (0/13)	0,0 % (0/39)	0,0 % (0/52)
Bureau de santé de la région du Niagara	0,0 % (0/46)	0,0 % (0/57)	0,0 % (0/103)
Bureau de santé du district de North Bay-Parry Sound	0,0 % (0/1)	0,0 % (0/0)	0,0 % (0/1)
Bureau de santé du Nord-Ouest	0,0 % (0/0)	0,0 % (0/0)	0,0 % (0/0)
Santé publique Ottawa	0,0 % (0/5)	0,0 % (0/47)	0,0 % (0/52)
Bureau de santé de la région de Peel	1,9 % (2/103)	1,2 % (5/427)	1,3 % (7/530)
Bureau de santé de Peterborough	0,0 % (0/2)	0,0 % (0/7)	0,0 % (0/9)
Bureau de santé Porcupine	0,0 % (0/0)	0,0 % (0/0)	0,0 % (0/0)
Service de santé publique de Sudbury et du district	0,0 % (0/6)	0,0 % (0/7)	0,0 % (0/13)
Bureau de santé de la région de Waterloo et services d'urgence	0,0 % (0/40)	1,6 % (1/64)	1,0 % (1/104)
Bureau de santé du comté et du district de Renfrew	0,0 % (0/0)	0,0 % (0/0)	0,0 % (0/0)

Bureau de santé	Éclosion	Non-éclosion	Total
Bureau de santé du district de Simcoe Muskoka	73,9 % (88/119)	12,0 % (3/25)	63,2 % (91/144)
Bureau de santé du Sud-Ouest	0,0 % (0/3)	0,0 % (0/9)	0,0 % (0/12)
Bureau de santé de Témiskamingue	0,0 % (0/0)	0,0 % (0/0)	0,0 % (0/0)
Bureau de santé du district de Thunder Bay	0,0 % (0/50)	0,0 % (0/3)	0,0 % (0/53)
Bureau de santé de Toronto	1,8 % (2/109)	1,2 % (7/572)	1,3 % (9/681)
Bureau de santé de Wellington-Dufferin-Guelph	0,0 % (0/21)	0,0 % (0/27)	0,0 % (0/48)
Unité sanitaire de Windsor-Essex	0,0 % (0/34)	0,0 % (0/111)	0,0 % (0/145)
Service de santé de la région de York	0,0 % (0/55)	1,4 % (3/207)	1,1 % (3/262)
Inconnu	0,0 % (0/0)	0,0 % (0/47)	0,0 % (0/47)

Remarque : Exclut les échantillons pour lesquels le test de dépistage de la mutation N501Y n'a pas pu être mené à bien, probablement en raison de leur faible charge virale (n = 186). SPO n'a pas reçu tous les échantillons signalés le 20 janvier 2021. Ainsi, dans certains bureaux de santé, il se peut qu'une faible proportion d'échantillons positifs au SRAS-CoV-2 fassent l'objet du dépistage de la mutation N501Y au moment du présent rapport. Les données de laboratoire de 47 échantillons n'ont pu être associées à des cas confirmés dans le CCM; la mutation N501Y n'a été détectée dans aucun de ces échantillons, qui ont été incorporés dans la catégorie « Non-éclosion ». Par conséquent, le nombre d'échantillons testés pourrait correspondre à une sous-estimation des éclosions ou à une surestimation des non-éclosions. Les notes techniques fournissent des détails sur la façon de déterminer une association avec une éclosion.

Source des données : Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO et CCM

Confirmation des résultats par séquençage du génome entier

Tableau 5. Nombre et proportion d'échantillons présentant la mutation N501Y confirmés par séquençage du génome entier (lignée PANGO), 20 janvier 2021

Lignée	Nombre (%)
B.1.1.7 (détectée pour la première fois au Royaume-Uni)	87 (77,0 %)
B.1.351 (détectée pour la première fois en Afrique du Sud)	1 (0,9 %)
En attente de confirmation	22 (19,4 %)

Lignée	Nombre (%)
Confirmation impossible – probablement en raison de la faible charge virale	3 (2,7 %)
Total	113 (100,0 %)

Remarque : L'échantillon confirmé de lignée B.1.351 provenait d'une personne vivant sur le territoire du Bureau de santé de Peel.
Source des données : Base de données du séquençage du génome entier du SRAS-CoV-2 de SPO

Notes techniques et mises en garde concernant les données

Sources des données

Les données relatives aux patients et les résultats des tests de PCR pour le variant N501Y ont été extraits du Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO le **4 février 2021 à 14 h** (données relatives aux patients) et le **6 février 2021 à 13 h** (résultats des tests de PCR pour le variant N501Y).

Les résultats de confirmation du séquençage du génome entier ont été extraits de la base de données du séquençage du génome entier du SRAS-CoV-2 de SPO le **7 février 2021 à 16 h**.

Le nombre total d'échantillons positifs au SRAS-CoV-2 signalé le 20 janvier 2021 provient du Réseau provincial de diagnostic de la COVID-19.

Les données sur les éclosions, les bureaux de santé publique et les antécédents de voyage ont été extraites de la solution de gestion des cas et des contacts de la santé publique (CCM) par SPO le **4 février 2021 à 13 h** :

- Données extraites de la solution de gestion des cas et des contacts de la santé publique (CCM) par SPO le 4 février 2021 à 13 h.
- Le CCM est un système dynamique de déclaration des maladies qui permet de mettre à jour continuellement les données précédemment saisies. Par conséquent, les données extraites du CCM constituent un portrait ponctuel au moment de l'extraction et peuvent différer de celles des rapports précédents ou ultérieurs.

Mises en garde concernant les données : données relatives aux patients (Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO)

- Les résultats présentés dans ce rapport reflètent la prévalence sur une journée parmi les échantillons reçus par SPO en date du 4 février 2021 et devraient être interprétés avec prudence.
- Environ 91,8 % (2 756/3 003) des échantillons positifs au SRAS-CoV-2 recensés en Ontario le 20 janvier 2021 ont été reçus et analysés par le laboratoire de Santé publique Ontario en date du 4 février 2021. Les échantillons restants n'ont pas été reçus, ou encore n'étaient pas admissibles ou n'ont pas été envoyés en raison de leur faible charge virale (c.-à-d., valeurs du cycle seuil (Ct)

obtenues par la rRT-PCR élevées [> 35] ou faibles volumes [$< 500 \mu\text{l}$]). Par conséquent, le nombre d'échantillons ayant fait l'objet d'un test de dépistage du variant N501Y dans un bureau de santé publique particulier peut être inférieur au nombre de personnes infectées par le SRAS-CoV-2 recensées le 20 janvier 2021.

- Les échantillons pour lesquels le test de dépistage de la mutation N501Y n'a pas pu être mené à bien ($n = 186$) sont exclus des analyses. Certains laboratoires ont envoyé à SPO tous les échantillons positifs au SRAS-CoV-2 sans tenir compte de leur charge virale. Par conséquent, c'est probablement en raison de leur faible charge virale que les échantillons non analysés n'ont pas fait l'objet d'un test de dépistage pour la mutation N501Y (c.-à-d., valeurs élevées).
- Les nombres de cas figurant dans le présent résumé sont fondés sur les échantillons plutôt que sur les personnes. À ce titre, il est possible que plusieurs échantillons par personne aient fait l'objet d'un test de dépistage. Toutefois, personne n'a fourni plus d'un échantillon où le variant N501Y a été détecté.

Mises en garde concernant les données : données sur les éclosions, le bureau de santé publique et les voyages (CCM)

- Un total de 47 échantillons acheminés au laboratoire de SPO aux fins de dépistage du variant préoccupant n'ont pas pu être associés à des cas confirmés dans le CCM. Par conséquent, les données sur les éclosions, les bureaux de santé publique et les antécédents de voyage n'ont pas été communiquées pour ces cas.
- La répartition géographique des nombres de cas se fonde sur l'emplacement du bureau de santé permanent (BSP). Il s'agit du bureau de santé publique sur le territoire duquel le cas résidait au moment de l'apparition de la maladie et pas nécessairement du lieu d'exposition. Les cas dont le BSP déclaré est SPO (indiquant que le cas n'est pas un résident de l'Ontario) sont exclus des analyses.
- On entend par « cas associés à une éclosion » les cas qui ont un lien avec une éclosion locale confirmée.
- En raison de retards dans le signalement des cas et de variations possibles touchant les processus de saisie des données dans les bureaux de santé publique, il se peut que des cas associés à une éclosion n'aient pas été entrés dans le CCM ou liés à une éclosion.
- Les médecins-hygiénistes locaux ou leur délégué déclarent les éclosions conformément à la *Loi sur la protection et la promotion de la santé* et aux critères énoncés dans les [documents d'orientation du ministère](#).
- On entend par « cas liés à un voyage » les cas classés dans la catégorie « voyage » à titre de source vraisemblable d'acquisition. La source vraisemblable d'acquisition est déterminée par l'examen des champs du CCM relatifs aux liens épidémiologiques et à leur évolution. Si ces champs n'indiquent aucun lien épidémiologique, on examine les champs relatifs aux facteurs de risque pour déterminer si le cas a voyagé, est associé à une éclosion confirmée, est un contact d'un cas, n'a aucun lien épidémiologique connu (transmission communautaire sporadique), a une source inconnue ou ne fait l'objet d'aucun renseignement communiqué. Il arrive qu'aucun renseignement ne soit consigné

relativement à un cas non traçable, perdu au cours du suivi ou renvoyé à la Direction générale de la santé des Premières nations et des Inuits. Les cas ayant plusieurs facteurs de risque sont placés dans un groupe à source d'acquisition unique vraisemblable selon une hiérarchie déterminée comme suit : associés à une éclosion > contact étroit avec un cas confirmé > voyage > aucun lien épidémiologique connu > données manquantes ou inconnues.

- L'information sur les facteurs de risque et l'exposition associés au voyage ont été examinés pour déterminer si des cas ont voyagé à l'extérieur du Canada durant la période d'incubation.

Références

1. Grubaugh ND, Hodcroft EB, Fauver JR, Phelan AL, Cevik M. Public health actions to control new SARS-CoV-2 variants. *Cell*. 2021 Jan 29, [Diffusion en ligne avant l'impression]. Disponible à : <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.01.044>
2. Wu K, Werner AP, Moliva JI, Koch M, Choi A, Stewart-Jones GBE, Bennett H, Boyoglu-Barnum S, Shi W, Graham BS, Carfi A, Corbett KS, Seder RA, Edwards DK. mRNA-1273 vaccine induces neutralizing antibodies against spike mutants from global SARS-CoV-2 variants. *bioRxiv*, [Prépublication]. 2021 Jan 25 [cité le 31 janvier 2021]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2021.01.25.427948>
3. Public Health England. Investigation of novel SARS-COV-2 variant: Variant of Concern 202012/01 [En ligne]. London, England: Wellington House; 2021 [cité le 31 janvier 2021]. Disponible à : https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/947048/Technical_Briefing_VOC_SH_NJL2_SH2.pdf

Remerciements

Nous reconnaissons les contributions de tous les laboratoires du Réseau provincial de diagnostic de la COVID-19 et de Santé Ontario dans le cadre de leur collaboration à cette initiative.

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 ne peut être reproduit sans l'autorisation de SPO. Aucune modification ne doit lui être apportée sans l'autorisation écrite explicite de SPO.

Modèle proposé pour citer le document

Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Variants préoccupants du SRAS-CoV-2 : Résultats d'une étude sur la prévalence ponctuelle, Toronto, ON : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario, 2021.

©Imprimeur de la Reine pour l'Ontario, 2021.

Information additionnelle

Pour obtenir de l'information additionnelle, envoyer un courriel à : communications@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

Santé publique Ontario est un organisme du gouvernement de l'Ontario.

