

APERÇU

Guide d'accompagnement sur les variants préoccupants

Contexte

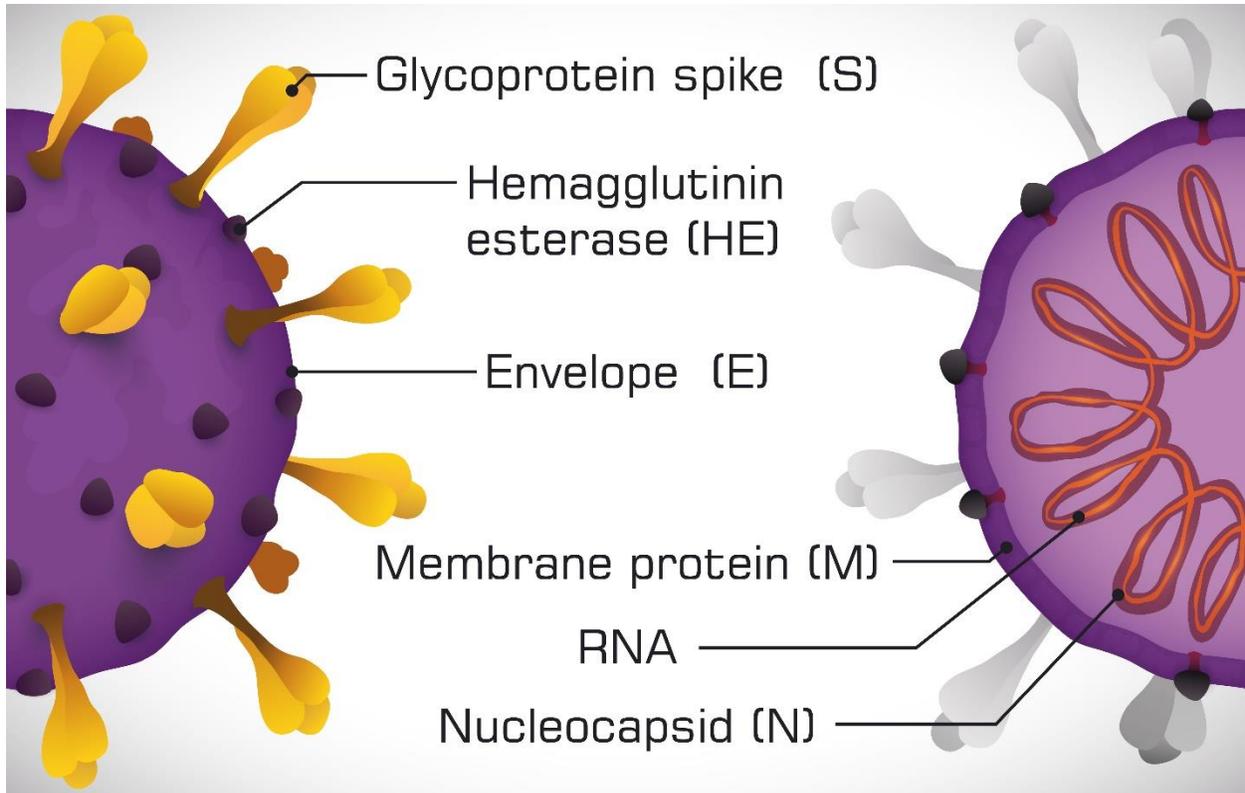
L'information contenue dans le présent document est fournie pour favoriser la compréhension du tableau de comparaison des variants préoccupants de SRAS-CoV-2. Les mutations du coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère 2 (SRAS-CoV-2) sont fréquentes. La plupart d'entre elles (qu'on qualifie de « synonymes ») n'apportent aucune modification aux protéines virales (voir le schéma 1). Les mutations non synonymes modifient la séquence d'acides aminés qui, à leur tour, peuvent modifier les protéines virales. Ces changements peuvent se produire n'importe où dans le génome, notamment le domaine de liaison au récepteur (DLR) de la protéine de spicule (S) (voir le schéma 2).¹⁻⁴ Codée par le gène S, la protéine de spicule (aussi nommée glycoprotéine de spicule ou glycoprotéine S) est la principale protéine de la surface virale qui se fixe au récepteur de surface cellulaire de l'enzyme de conversion de l'angiotensine 2 (ACE2) et assure la pénétration du virus au moment de l'infection. Elle constitue également une cible principale du système immunitaire. Par conséquent, les mutations de la protéine de spicule peuvent modifier l'infectiosité du virus, sa reproduction et sa pathogénicité, ainsi que la réponse immunitaire de l'hôte.

Les mutations du SRAS-CoV-2 se produisent naturellement par l'évolution grâce à la sélection de phénotypes améliorant ses capacités virales (réplication, transmissibilité, évasion immunitaire). L'émergence de variants a été attribuée à l'évolution intra-hôte lors d'une infection prolongée à la COVID-19 de patients dont le système immunitaire était compromis, et chez lesquelles les mutations se sont accumulées pendant l'infection.^{5,6} Tegally et coll. (2012) ont émis l'hypothèse qu'une population présentant une séroprévalence et une immunité élevées pouvait entraîner une forte pression sur le plan de la sélection favorisant l'évolution des mutations.⁷

Aux fins du présent document, nous suivrons les définitions de variants préoccupants proposées par le Canadian SARS-CoV-2 Variant Surveillance Group.⁸ Un variant est préoccupant si une étude comparative a démontré qu'il était associé à un ou plusieurs des facteurs suivants :

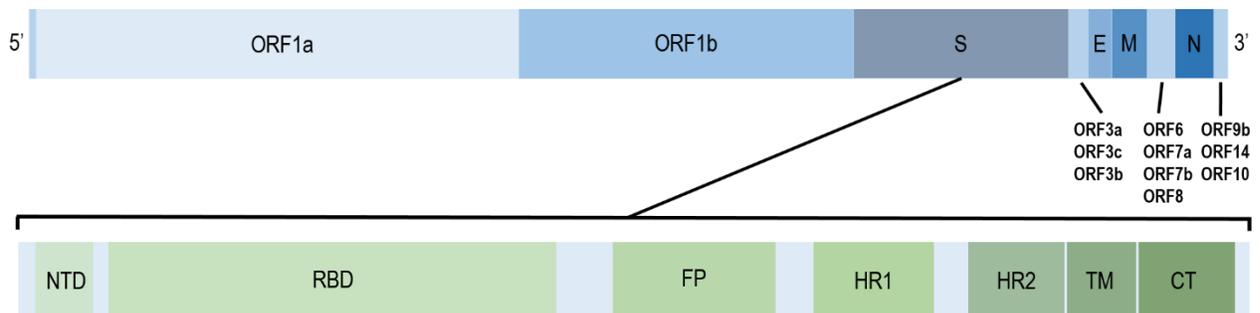
- une transmission accrue ou un changement défavorable de l'épidémiologie de la COVID-19; une virulence accrue ou un changement dans le tableau clinique de la maladie; une diminution de l'efficacité des diagnostics, vaccins, thérapeutiques disponibles ou des mesures sociales et sanitaires en place; OU
- il été jugé un variant préoccupant par l'Organisation mondiale de la Santé (OMS); OU
- il été jugé un variant préoccupant par le Canadian SARS-CoV-2 Variant Surveillance Group.

Schéma 1. Diagramme du SRAS-CoV-2 (uniquement disponible en anglais)



Source : Getty Images

Schéma 2. Génome du SRAS-CoV-2, concentration sur la protéine de spicule (uniquement disponible en anglais)



Legend:

- | | |
|--------------------------------------|-------------------------------|
| CT = cytoplasm domain | N = nucleocapsid |
| E = envelope | NTD = N-terminal domain |
| FP = fusion peptide | ORF = open reading frame |
| HR1 = heptapeptide repeat sequence 1 | RBD = receptor-binding domain |
| HR2 = heptapeptide repeat sequence 2 | S = spike |
| M = membrane | TM = TM domain |

Caractéristiques et termes importants utilisés en Ontario pour décrire les variants préoccupants

Lignée PANGO : L'outil *Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak Lineages* ([pangolin](#)) — uniquement disponible en anglais — est un logiciel utilisé pour attribuer des lignées aux séquences de génomes du SRAS-CoV-2.^{9,10} À l'aide d'une nomenclature dynamique des lignées du SRAS-CoV-2, on attribue une désignation alphanumérique aux séquences.

Nom de Public Health England : Public Health England a créé un système de nommage des variants.¹¹ Si un variant présente des propriétés épidémiologiques, immunologiques ou pathogéniques inquiétantes, il doit être officiellement évalué et désigné variant à l'étude. Les chiffres représentent l'année et le mois de sa détection suivis d'un nombre suivant un ordre chronologique selon le nombre de variants découverts au cours du même mois de la même année. Après l'évaluation d'un variant à l'étude, Public Health England effectue une évaluation des risques avec le comité d'experts concerné, à la suite de laquelle le variant peut être désigné variant préoccupant.

Clades de Nextstrain : [Nextstrain](#) est une plateforme de visualisation interactive (uniquement offerte en anglais) pouvant être utilisée pour analyser et afficher le séquençage du génome du SRAS-CoV-2.¹² Les clades de Nextstrain sont préfixés de l'année d'émergence suivie de la prochaine lettre de l'alphabet disponible.

Emplacement de la première détection : L'emplacement de la première détection est l'endroit où le premier échantillon (confirmé comme étant le variant préoccupant) a été prélevé d'une personne.⁹⁻¹³ Cet endroit n'est pas nécessairement le point d'origine du variant préoccupant ou même où il est prévalent. Le variant P1, par exemple, a été détecté au Japon dans un échantillon prélevé d'un voyageur brésilien.

Détecté dans plusieurs pays : Nous déclarons les variants préoccupants qui sont signalés à l'extérieur de l'emplacement où ils ont été découverts selon l'information recueillie dans [outbreak.info](#).¹³

Détecté en Ontario : Nous déclarons les variants préoccupants qui ont été détectés en Ontario. Leur présence est fondée sur les séquences du génome déposées dans des répertoires internationaux et signalée par [pangolin](#) et [outbreak.info](#) (un site Web regroupant les données de variants préoccupants du SRAS-CoV-2).^{9,13} La découverte d'un variant préoccupant en Ontario ne signifie pas nécessairement la présence de transmission communautaire. À l'heure actuelle, tous les échantillons positifs au SRAS-CoV-2 en Ontario subissent des tests pour détecter la présence d'un variant. Un sous-ensemble d'échantillons positifs aux variants préoccupants et non préoccupants du SRAS-CoV-2 font l'objet d'un séquençage du génome entier pour surveiller les variants préoccupants et émergents. Nos stratégies actuelles nous permettent de détecter la circulation de variants préoccupants connus à une prévalence d'environ 1 %, ce qui peut ensuite déclencher la détection active.

Mutations (commentaires généraux) : Pour les besoins de la comparaison, nous avons limité les mutations à celles qui sont partagées au moins deux fois parmi les variants préoccupants. Certaines mutations sont associées à une augmentation de la transmissibilité, à la gravité de la maladie ou à l'évasion immunitaire; toutefois, cette association peut changer lorsque l'on examine plusieurs mutations à la fois. Pour voir une liste complète des mutations de chaque variant préoccupant, veuillez visiter [outbreak.info](#) ou [pangolin](#).^{9,13} Les mutations sont classées de la façon suivante : 1) une lettre correspondant à l'acide aminé du génome de référence du SRAS-CoV-2; 2) le chiffre correspondant à la position de l'acide aminé; 3) une lettre correspondant à l'acide aminé substitué.

Détails sur les mutations

Mutations de la protéine de spicule

La protéine de spicule gère la capacité du SRAS-CoV-2 à se fixer aux cellules hôtes et à les infecter. La protéine de spicule du SRAS-CoV-2 se fixe au récepteur de surface cellulaire exprimant de l'ACE2 et de la sérine protéase transmembranaire 2 (TMPRSS2).^{8,14}

- **A701V (de l'alanine à la valine au niveau de l'acide aminé 701)** : La mutation A701V est située près du site de clivage de la sous-unité S1, mais on ne comprend pas entièrement l'importance biologique de cette mutation.¹⁵
- **D614G (de l'acide aspartique à la glycine au niveau de l'acide aminé 614)** : La mutation D614G est située à l'intérieur du DLR et liée à une augmentation de la transmissibilité, de l'infectiosité et de la charge virale.^{14,16-18}
- **E484K/Q (de l'acide glutamique à la lysine/la glutamine au niveau de l'acide aminé 484)** : La mutation E484K est liée à l'évasion immunitaire et à une baisse possible de l'efficacité des vaccins. Cette mutation a donné lieu à une baisse de l'efficacité des anticorps monoclonaux, du plasma de convalescence et des sérums de personnes vaccinées.^{15,19,20} La mutation E484Q n'a pas été associée à une modification de l'avidité de liaison au récepteur²¹, mais l'efficacité clinique de certains anticorps monoclonaux pourrait être compromise.²²
- **K417N/T (de la lysine à l'asparagine/la thréonine au niveau de l'acide aminé 417)** : Les mutations K417N/T sont situées à l'intérieur du DLR et liées à une augmentation de l'affinité de fixation, de la transmissibilité et de l'évasion immunitaire.²³
- **L18F (de la leucine à la phénylalanine au niveau de l'acide aminé 18)** : La mutation L18F est située dans le domaine N-terminal et liée à l'évasion immunitaire et à une augmentation de la réplication.²⁴
- **L452R (de la leucine à l'arginine au niveau de l'acide aminé 452)** : La mutation L452R est située à l'intérieur du DLR de la protéine de spicule et a été associée à l'évasion immunitaire des anticorps monoclonaux et des sérums de convalescence thérapeutiquement pertinents,^{21,25,26} ainsi qu'à une augmentation de l'affinité de liaison et de la transmissibilité.²⁷
- **N501Y (de l'asparagine à la tyrosine au niveau de l'acide aminé 501)** : La mutation N501Y est située à l'intérieur du DLR de la protéine de spicule et liée à une augmentation de la capacité d'envahir les cellules hôtes par les récepteurs ACE2.^{15,19}
- **P681H/R (de la proline à l'histidine/l'arginine au niveau de l'acide aminé 681)** : Les mutations P681H/R sont situées près du site de liaison de la sous-unité S1/S2 et sont potentiellement liées à une augmentation de l'infectiosité et de la réplication.²⁸
- **Δ69/70 ([délétion] des acides aminés 69 et 70)** : Les acides aminés 69 et 70 sont situés dans le domaine N-terminal de la protéine de spicule, ce qui donne potentiellement lieu à des modifications dans la sous-unité S1.²⁹ Cette mutation a été liée à une évasion possible de la réponse immunitaire humaine. La mutation Δ69/70 a donné lieu à des résultats négatifs aux tests de réaction en chaîne de la polymérase (RCP) ciblant le gène S (c.-à-d. la défaillance du gène S [SGTF]). Les répercussions sur l'efficacité d'ensemble des tests diagnostiques moléculaires sont minimales étant donné que bon nombre d'épreuves ciblent de nombreux gènes.

Conséquences des variants préoccupants sur l'épidémiologie

Augmentation de la transmissibilité : On déduit l'augmentation de la transmissibilité d'un variant préoccupant au sein des populations par l'accroissement de son incidence, des taux d'infection secondaire, des taux de reproduction (R_t), de l'affinité avec les récepteurs ACE2 et des charges virales.^{14,16,17,24,30-34} On ne connaît pas encore le degré établi d'accroissement de la transmissibilité, qui dépend du mode de détection de la présence du variant utilisé, de la région géographique, de l'approche de modélisation employée, de la portée et du respect des mesures de contrôle de la pandémie adoptées et de la transmissibilité relative des autres souches en circulation.

Augmentation de la gravité de la maladie : On déduit l'augmentation de la gravité de la maladie par les données sur les hospitalisations, la symptomatologie, la durée de la maladie et les données de mortalité signalées par des régions dans lesquelles circule le variant.^{19,31-34} On ne connaît pas encore le degré de gravité exact de la maladie.

Répercussions sur les tests moléculaires : Pour évaluer les répercussions d'un variant préoccupant sur les tests diagnostiques moléculaires autorisés en Ontario, nous mettons l'accent sur des tests RT-PCR ne ciblant pas le gène S (c.-à-d. les gènes E, N, ORF1a/b et RdRp; [Schéma 2](#). Génome du SRAS-CoV-2, concentration sur la protéine de spicule (uniquement disponible en anglais)).³¹⁻³⁵

Répercussions sur les tests de détection antigénique : Les tests de détection antigénique rapide autorisés actuellement par Santé Canada et utilisés en Ontario détectent la protéine N; par conséquent, leur efficacité risque peu d'être atteinte (schéma 2). Des analyses préliminaires de laboratoire indiquent que les tests de détection antigénique rapide ciblant la protéine N sont capables de détecter le variant B.1.1.7.^{33,35,36}

Répercussions sur les épreuves sérologiques : Les répercussions des mutations sur les épreuves sérologiques n'ont pas encore été étudiées; toutefois, une baisse de détection est possible si la protéine S ou N est ciblée lors d'une épreuve en particulier (schéma 2).³⁵

Évasion immunitaire : Il est connu que les variants ou ensembles de mutations peuvent partiellement ou complètement déjouer les anticorps monoclonaux pertinents sur le plan thérapeutique et les anticorps neutralisants dans le plasma de convalescent de la COVID-19.^{18-20,23,24,30-35} On ne connaît pas encore le degré exact de l'évasion immunitaire.

Répercussions sur l'efficacité des vaccins : Dans le cas de l'efficacité des vaccins, nous nous concentrons sur les vaccins dont l'utilisation est approuvée au Canada, soit le Moderna mRNA-1273, le Pfizer-BioNTech BNT162b2 mRNA, l'Oxford/AstraZeneca AZD1222 et le Janssen Ad26.COVS.2.^{20, 29,31-34,37} On ne connaît pas encore le degré exact des répercussions des variants préoccupants sur l'efficacité des vaccins.

Bibliographie

1. Nakagawa S, Miyazawa T. Genome evolution of SARS-CoV-2 and its virological characteristics. *Inflamm Regen*. 10 août 2020. [Diffusion en ligne avant l'impression]. Disponible à : <https://doi.org/10.1186/s41232-020-00126-7>
2. Gordon DE, Jang GM, Bouhaddou M, Xu J, Obernier K, White KM, et coll. A SARS-CoV-2 protein interaction map reveals targets for drug repurposing. *Nature*. 2020;583(7816):459-68. Disponible à : <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2286-9>
3. Alanagreh La, Alzoughool F, Atoum M. The human coronavirus disease COVID-19: its origin, characteristics, and insights into potential drugs and its mechanisms. *Pathogens*. 2020;9(5):331. Disponible à : <https://doi.org/10.3390/pathogens9050331>
4. Huang Y, Yang C, Xu X-f, Xu W, Liu S-w. Structural and functional properties of SARS-CoV-2 spike protein: potential antiviral drug development for COVID-19. *Acta Pharmacol Sin*. 2020;41(9):1141-9. Disponible à : <https://doi.org/10.1038/s41401-020-0485-4>
5. Choi B, Choudhary MC, Regan J, Sparks JA, Padera RF, Qiu X, et coll. Persistence and evolution of SARS-CoV-2 in an immunocompromised host. *N Engl J Med*. 2020;383(23):2291-3. Disponible à : <https://doi.org/10.1056/NEJMc2031364>
6. Avanzato VA, Matson MJ, Seifert SN, Pryce R, Williamson BN, Anzick SL, et coll. Case study: prolonged infectious SARS-CoV-2 shedding from an asymptomatic immunocompromised individual with cancer. *Cell*. 2020;183(7):1901-2.e9. Disponible à : <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.10.049>
7. Tegally H, Wilkinson E, Giovanetti M, Iranzadeh A, Fonseca V, Giandhari J, et coll. Emergence and rapid spread of a new severe acute respiratory syndrome-related coronavirus 2 (SARS-CoV-2) lineage with multiple spike mutations in South Africa. *medRxiv* 20248640 [Prépublication]. 22 déc. 2020 [cité le 25 janvier 2021]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2020.12.21.20248640>
8. Gouvernement du Canada. Variants du SRAS-CoV-2 : Définitions, classifications et mesures de santé publique nationales [Internet]. Ottawa, ON : Gouvernement du Canada; 2021 [mis à jour le 14 mai 2021; cité le 17 mai 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>
9. O'Toole Á SE, Underwood A, Jackson B, Hill V, McCrone JT, et coll. Pangolin : lineage assignment in an emerging pandemic as an epidemiological tool [Internet]. Edinburgh : SARS-CoV-2 lineages; 2021 [cité le 26 févr. 2021]. Disponible à : <https://cov-lineages.org/index.html>
10. Rambaut A, Holmes EC, O'Toole Á, Hill V, McCrone JT, Ruis C, et coll. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nat Microbiol*. 2020;5(11):1403-7. Disponible à : <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0770-5>
11. Public Health England. Variants : distribution of cases data : mis à jour le 9 février 2021 [Internet]. London : Crown Copyright; 2021.
12. Bedford T, Neher D. Nextstrain : SARS-CoV-2 resources [Internet]. Trevor Bedford et Richard Neher; 2021 [cité le 13 mars 2021]. Disponible à : <https://nextstrain.org/sars-cov-2/>
13. Gangavarapu K, Alkuzweny M, Cano M, Haag E, Latif AA, Mullen JL, et coll. outbreak.info [Internet]. Jupiter, FL : Scripps Research; 2020 [cité le 26 févr. 2021]. Disponible à : <https://outbreak.info/>

14. Plante JA, Liu Y, Liu J, Xia H, Johnson BA, Lokugamage KG, et coll. Spike mutation D614G alters SARS-CoV-2 fitness. *Nature*. 2021;592(7852):116-21. Disponible à : <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2895-3>
15. West Jr. AP, Barnes CO, Yang Z, Bjorkman PJ. Detection and characterization of the SARS-CoV-2 lineage B.1.526 in New York. *bioRxiv* 431043 [Prépublication]. 22 avril 2021 [cité le 28 mai 2021]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2021.02.14.431043>
16. Hou YJ, Chiba S, Halfmann P, Ehre C, Kuroda M, Dinnon KH, et coll. SARS-CoV-2 D614G variant exhibits efficient replication ex vivo and transmission in vivo. *Science (New York, NY)*. 2020;370(6523):1464-8. Disponible à : <https://doi.org/10.1126/science.abe8499>
17. Zhang L, Jackson CB, Mou H, Ojha A, Peng H, Quinlan BD, et coll. SARS-CoV-2 spike-protein D614G mutation increases virion spike density and infectivity. *Nat Commun*. 2020;11(1):6013. Disponible à : <https://doi.org/10.1038/s41467-020-19808-4>
18. Li Q, Wu J, Nie J, Zhang L, Hao H, Liu S, et coll. The impact of mutations in SARS-CoV-2 spike on viral infectivity and antigenicity. *Cell*. 2020;182(5):1284-94.e9. Disponible à : <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.07.012>
19. Annavajhala MK, Mohri H, Zucker JE, Sheng Z, Wang P, Gomez-Simmonds A, et coll. A novel SARS-CoV-2 variant of concern, B.1.526, identified in New York. *medRxiv* 21252259 [Prépublication]. 15 avril 2021 [cité le 28 mai 2021]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2021.02.23.21252259>
20. Wise J. Covid-19 : the E484K mutation and the risks it poses. *BMJ*. 2021;372:n359. Disponible à : <https://doi.org/10.1136/bmj.n359>
21. Public Health England. SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation in England: technical briefing 9 [Internet]. London : Crown Copyright; 2021 [cité le 28 mai 2021]. Disponible à : https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/979818/Variants_of_Concern_VOC_Technical_Briefing_9_England.pdf
22. Chen J, Gao K, Wang R, Wei G-W. Revealing the threat of emerging SARS-CoV-2 mutations to antibody therapies. *bioRxiv* 439473 [Prépublication]. 12 avril 2021 [cité le 28 mai 2021]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2021.04.12.439473>
23. Fratev F. The N501Y and K417N mutations in the spike protein of SARS-CoV-2 alter the interactions with both hACE2 and human derived antibody: A Free energy of perturbation study. *bioRxiv* 424283 [Prépublication]. 31 déc. 2020 [cité le 11 mars 2021]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2020.12.23.424283>
24. Grabowski F, Kocharczyk M, Lipniacki T. L18F substrain of SARS-CoV-2 VOC-202012/01 is rapidly spreading in England. *medRxiv* 21251262 [Prépublication]. 9 févr. 2021 [cité le 3 mars 2021]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2021.02.07.21251262>
25. Science Media Centre. Expert reaction to cases of variant B.1.617 (the 'Indian variant') being investigated in the UK [Internet]. 19 avril 2021. London : Science Media Centre; 2021 [cité le 28 mai 2021]. Disponible à : https://www.sciencemediacentre.org/expert-reaction-to-cases-of-variant-b-1-617-the-indian-variant-being-investigated-in-the-uk/?cli_action=1619140157.66
26. Motozono C, Toyoda M, Zahradnik J, Ikeda T, Saito A, Tan TS, et coll. An emerging SARS-CoV-2 mutant evading cellular immunity and increasing viral infectivity. *bioRxiv* 438288 [Prépublication]. 5 avril 2021 [cité le 28 mai 2021]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2021.04.02.438288>

27. Public Health England. Variants of concern: technical briefing 9 - underlying data [Internet]. London : Crown Copyright; 2021 [mis à jour le 22 avril 2021; cité le 18 mai 2021]. Disponible à : https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/979795/Variants_of_Concern_Technical_Briefing_9_Data_England.xlsx
28. Maison DP, Ching LL, Shikuma CM, Nerurkar VR. Genetic characteristics and phylogeny of 969-bp S gene sequence of SARS-CoV-2 from Hawaii reveals the worldwide emerging P681H mutation. bioRxiv 425497 [Prépublication]. 7 janv. 2021 [cité le 7 avril 2021]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2021.01.06.425497>
29. Xie X, Liu Y, Liu J, Zhang X, Zou J, Fontes-Garfias CR, et coll. Neutralization of SARS-CoV-2 spike 69/70 deletion, E484K, and N501Y variants by BNT162b2 vaccine-elicited sera. Nat Med. 2021;27:620-1. Disponible à : <https://doi.org/10.1038/s41591-021-01270-4>
30. Tchesnokova V, Kulakesara H, Larson L, Bowers V, Rechkina E, Kisiela D, et coll. Acquisition of the L452R mutation in the ACE2-binding interface of Spike protein triggers recent massive expansion of SARS-Cov-2 variants. bioRxiv 432189 [Prépublication]. 11 mars 2021 [cité le 7 avr. 2021]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2021.02.22.432189>
31. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Variants préoccupants de la COVID-19 [Internet]. Toronto, ON : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2021 [mis à jour le 19 mai 2021; cité le 7 juin 2021]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/fr/diseases-and-conditions/infectious-diseases/respiratory-diseases/novel-coronavirus/variants>
32. Brown KA, Gubbay J, Hopkins J, Patel S, Buchan SA, Daneman N, et coll. Rapid rise of S-gene target failure and the UK variant B.1.1.7 among COVID-19 isolates in the Greater Toronto Area, Canada. medRxiv 21251225 [Prépublication]. 12 févr. 2021 [cité le 14 févr. 2021]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2021.02.09.21251225>
33. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Ce que nous savons jusqu'à présent sur... le variant préoccupant B.1.1.7 (501Y.V1) de la COVID-19 [Internet]. Toronto, ON : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2021 [cité le 16 mai 2021]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/-/media/documents/ncov/covid-wwksf/2020/12/what-we-know-uk-variant.pdf?la=fr>
34. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Le variant préoccupant P1 de la COVID-19 – Ce que nous savons jusqu'à présent [Internet]. Toronto, ON : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2021 [cité le 16 mai 2021]. Disponible à : <https://www.publichealthontario.ca/-/media/documents/ncov/covid-wwksf/2021/02/wwksf-covid-19-p1-variant-of-concern.pdf?la=fr>
35. Foundation for Innovative New Diagnostics (FIND). The impact of novel variants of SARS-CoV-2 on diagnostic testing [Internet]. Genève : FIND; 2021 [cité le 17 févr. 2021]. Disponible à : <https://www.finddx.org/covid-19/novel-variants/>
36. Public Health England. Guidance : SARS-CoV-2 lateral flow antigen tests: evaluation of VUI-202012/01 [Internet]. London : Crown Copyright; 2020 [cité le 8 févr. 2021]. Disponible à : <https://www.gov.uk/government/publications/sars-cov-2-lateral-flow-antigen-tests-evaluation-of-vui-20201201/sars-cov-2-lateral-flow-antigen-tests-evaluation-of-vui-20201201>
37. Collier DA, De Marco A, Ferreira IATM, Meng B, Datir R, Walls AC, et coll. Sensitivity of SARS-CoV-2 B.1.1.7 to mRNA vaccine-elicited antibodies. Nature. 2021;593:136-41 [Diffusion en ligne avant l'impression]. Disponible à : <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03412-7>

Modèle proposé pour citer le document

Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Guide d'accompagnement sur les variants préoccupants. Toronto, ON. Imprimeur de la Reine pour l'Ontario, 2021.

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 au présent document sans la permission écrite explicite de Santé publique Ontario.

Aperçu

Un *Aperçu* est un court document offrant un survol d'un sujet ou des étapes d'un processus de façon concise.

Santé publique Ontario

Santé publique Ontario (SPO) 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.

