



# Priorités nationales canadiennes de surveillance génomique des variants préoccupants existants et émergents de la COVID-19

au nom du Réseau canadien de génomique COVID-19 de Génome Canada (RCanGéCO) et du groupe de travail du Réseau des laboratoires de santé publique du Canada RCanGéCO

**Citation proposée :** Génome Canada le Réseau canadien de génomique COVID-19 (RCanGéCO) et le groupe de travail du Réseau canadien de laboratoires de santé publique RCanGéCO. Priorités nationales canadiennes de surveillance génomique des variants préoccupants existants et émergents de la COVID-19. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2021;47(3):152–4. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v47i03a03f>

**Mots-clés :** Surveillance génomique, séquençage génomique, COVID-19, variants préoccupants, SRAS-CoV-2, Canada, santé publique, surveillance

Cette oeuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale Creative Commons Attribution 4.0



**Correspondance :**  
[gary.vandomselaar@canada.ca](mailto:gary.vandomselaar@canada.ca)

## Introduction

Le Réseau canadien de génomique COVID-19 (RCanGéCO) (COVID-19, maladie à coronavirus 2019) effectue une surveillance génomique du coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère 2 (SRAS-CoV-2) en circulation au Canada afin de suivre sa propagation et de détecter les variants préoccupants qui pourraient avoir une incidence sur la transmissibilité ou la gravité de la maladie, de contribuer aux enquêtes sur les épidémies et évaluer l'incidence des interventions de santé publique. Des rapports récents sur les variants préoccupants émergents à transmissibilité accrue ont été produits au Royaume-Uni et en Afrique du Sud. Le potentiel de propagation rapide de ces variants confirme la nécessité d'une surveillance génomique continue et renforcée au Canada et dans le monde entier. Dans le présent document d'orientation, nous exposons les priorités nationales en matière de surveillance génomique, y compris la surveillance ciblée des variants préoccupants existants et émergents.

## Surveillance génomique ciblée des variants préoccupants 202012/01 et N501Y.V2

Le variant préoccupant VP-202012/01 a été détecté pour la première fois en octobre 2020 au Royaume-Uni. Sa présence a été corrélée une transmissibilité accrue au Royaume-Uni et a été signalé dans d'autres pays, dont le Canada. Un autre variants préoccupants sud-africain apparu récemment, appelé N501Y.V2, présente une corrélation similaire avec une transmissibilité accrue. En date du 7 janvier 2021, le variant N501Y.V2 n'a pas encore été détecté au Canada. Les deux variants sont définis par une mutation « N501Y » dans le domaine de liaison au récepteur de la protéine de spicule du SRAS-CoV-2. Il n'y a actuellement aucune preuve que les variants préoccupants entraînent une augmentation de la gravité ou ont une incidence sur l'efficacité

du vaccin. Le RCanGéCO a défini les deux variants préoccupants comme des priorités pour la surveillance génomique ciblée.

- **Surveillance génomique ciblée prospective (priorité : la plus élevée)**  
Celle-ci inclut tous les voyageurs internationaux, y compris ceux en provenance des États-Unis, et les contacts étroits, à partir d'aujourd'hui et jusqu'à nouvel ordre.
- **Surveillance génomique ciblée rétrospective (priorité : moyenne)**  
Celle-ci inclut tous les voyageurs internationaux, y compris ceux en provenance des États-Unis, et les contacts étroits, du 1<sup>er</sup> septembre 2020 à aujourd'hui.
- **Tests de dépistage de la COVID-19 multicibles par réaction en chaîne par polymérase de transcription inverse (RT-PCR) avec abandon de la cible du gène S (priorité : élevée)**  
Le résultat du test pour le VP-202012/01 du Royaume-Uni peut être négatif pour la cible du gène S, mais positif pour les autres cibles en utilisant le test des trois cibles (N, ORF1ab, S) de Thermo Fisher (TaqPath). Les tests multicibles par réaction en chaîne de la polymérase par transcription inverse (RT PCR) qui incluent une cible du gène S touchée par les délétions présentes dans le variant peuvent être utilisés comme signal pour le suivi du séquençage du génome de confirmation.



## Surveillance génomique des variants préoccupants émergents

- **Réinfection suspectée (priorité : moyenne)**  
Nous définissons la réinfection suspectée comme une récurrence clinique de symptômes compatibles avec la COVID-19, accompagnée d'une réaction en chaîne de la polymérase (RCP) positive (Ct moins de 35), plus de 90 jours après l'apparition de l'infection primaire, appuyée par une exposition auprès d'un contact proche ou dans un milieu d'éclosion, et sans aucune preuve d'une autre cause d'infection (1). La réinfection indique une possible infection par des variants d'échappement immunitaire.
- **Forme aiguë sévère de la COVID-19 chez les personnes de moins de 50 ans sans comorbidités importantes (priorité : moyenne)**  
Une maladie d'une gravité disproportionnée chez des personnes qui sont par ailleurs en bonne santé peut indiquer un changement de la virulence de l'agent pathogène entraînant un phénotype clinique plus floride, et est donc pertinente pour la surveillance et éventuellement pour la prise en charge des patients.
- **Personnes vaccinées dont l'infection par le SRAS-CoV-2 a ensuite été confirmée en laboratoire (priorité : moyenne)**  
Bien qu'il y ait un nombre limité de personnes vaccinées à l'heure actuelle, ce nombre devrait augmenter. Il est prévu qu'avec le déploiement des vaccins, il sera nécessaire de surveiller et de caractériser les variants potentiels échappant au vaccin. Cela nécessiterait probablement une surveillance simultanée des corrélats immunitaires de la réponse au vaccin, une évaluation de la séroprotection et des tests génomiques systématiques des infections post-vaccinales pour surveiller les mutants échappant au vaccin.
- **Événements de super-propagation connus ou suspectés (priorité : moyenne)**  
Étant donné le potentiel de transmissibilité accrue proposé des variants VP-202012/01 et de N501Y.V2, et la mutation N501Y qu'ils ont en commun, le séquençage de plusieurs échantillons provenant d'un événement de super-propagation connu ou suspecté peut permettre de définir ces mutations. L'échantillonnage des cas index dans les éclosions peut fournir le rendement le plus élevé.  
  
DÉFINITION : Un événement de super-propagation est un type d'éclosion où il existe des preuves épidémiologiques ou génomiques supplémentaires de la transmission surdispersée de la COVID-19 par une personne (i.e. qui transmet directement le virus à au moins cinq personnes hors du ménage). Le concept statistique de surdispersion fait référence au petit nombre d'individus infectant directement et de manière disproportionnée un grand nombre de cas secondaires par rapport à l'individu infectieux « moyen », dont l'infectiosité peut être représentée par  $R_0$ , qui est estimée à 2,0 pour la COVID-19 (2).

EXCLUSIONS : Cette définition exclut les éclosions importantes ou propagées sans preuve de surdispersion.

- **Échantillonnage géographique dans les sous-régions avec une augmentation prononcée du taux de notification des cas (priorité : élevée)**  
Une augmentation rapide du taux de positivité des cas dans une région géographique peut soit indiquer la présence possible des variants britanniques ou sud-africains susceptibles de contribuer à l'augmentation du nombre de cas et/ou de la positivité (étant donné le potentiel de transmissibilité accrue proposé des variants préoccupants britanniques et sud-africains et de la mutation N501Y), soit représenter le contexte dans lequel les variants préoccupants à potentiel de transmission accru peuvent se manifester. Les autorités de santé publique pourraient procéder à un échantillonnage géographique dans les sous-régions où le taux de positivité ou les taux par habitant ou le taux de reproduction estimé sont plus élevés et surtout s'ils augmentent plus rapidement (ou si le temps de doublement est plus court ou diminue) par rapport à la moyenne provinciale. Dans l'idéal, la définition des sous-régions pour l'échantillonnage devrait exclure les cas dans les milieux de vie en collectivité (e.g. les centres de soins de longue durée). Ces sous-régions peuvent recouper la densité des réseaux de contacts physiques (e.g. une plus grande densité de ménages ou des expositions professionnelles). Il peut s'agir d'un niveau sous-provincial (unité de santé publique, ville, etc.) ou sous-régional (e.g. quartier).

## Autres priorités

- **Poursuite de l'échantillonnage aléatoire pour la surveillance génomique nationale de routine (priorité : élevée)**  
Les directives d'échantillonnage du RCanGéCO pour les priorités nationales comprennent l'échantillonnage aléatoire pour la surveillance génomique de routine du SRAS-CoV-2. La surveillance de routine est utilisée pour surveiller les variants préoccupants existants, définir les nouveaux variants préoccupants, suivre la transmission virale et évaluer l'efficacité des interventions de santé publique. L'échantillonnage aléatoire pour la surveillance génomique de routine est en cours et se poursuivra.
- **Poursuite de l'échantillonnage pour étudier les grappes d'éclosion du SRAS-CoV-2 (priorité : moyenne)**  
Les directives d'échantillonnage du RCanGéCO comprennent des stratégies pour enquêter sur les grappes d'éclosion du SRAS-CoV-2 et intervenir à cet effet. L'échantillonnage pour les enquêtes sur les éclosions est en cours et se poursuivra.



## Réponse recommandée

Les personnes atteintes d'une infection par le SARS-CoV-2 qui sont compatibles avec les groupes ci-dessus peuvent signaler un variant préoccupant existant ou nouveau. Par conséquent, au-delà de l'ensemble des mesures de santé publique déjà en place, il est recommandé d'accorder une priorité élevée à l'obtention d'échantillons permettant un séquençage en aval. Après le prélèvement, les échantillons de ces cas doivent être envoyés au laboratoire de santé publique de leur région pour être séquencés en temps utile afin de déterminer les cas du nouveau variant. Si les variants 202012/01 ou N501Y.V2 sont détectés, une surveillance génomique renforcée doit être menée dans la communauté, la région ou l'événement.

## Intérêts concurrents

Aucun.

## Remerciements

L'apport de Génome Canada est dérivé du groupe de travail du Réseau canadien de génomique COVID-19 (RCanGéCO), et l'apport du Réseau canadien de laboratoires de santé publique (RLSPC) est dérivé du groupe de travail RLSPC RCanGéCO et nous tenons à remercier les membres du secrétariat du RLSPC, y compris M. -J. Lacombe, d'avoir coordonné la synthèse des documents.

## Financement

Aucun.

## Références

1. Yahav D, Yelin D, Eckerle I, Eberhardt CS, Want J, Cao B, Kaiser L. Definitions for COVID-19 reinfection, relapse and PCR re-positivity. *Clin Microbiol Infect* 2021;27(1):315–8. [DOI](#)
2. Liu Y, Gayle AA, Wilder-Smith A, Rocklöv J. The reproductive number of COVID-19 is higher compared to SARS coronavirus. *J. Travel Med.* 2020;27(2):taaa021. [DOI](#)