

Rapport d'évaluation rapide des risques du variant SRAS-CoV-2 : XBB.1.5

Évaluation terminée: 20 janvier 2023

Contexte

Les variants d'Omicron ont une transmissibilité accrue et ont démontré une évasion immunitaire par rapport aux variants précédemment en circulation. Cette évaluation rapide des risques compare le risque pour la santé publique pour les Canadiens posé par le variant d'Omicron XBB.1.5 comparativement au BA.5 (à l'exclusion de BF.7 et BQ). XBB.1.5 est une sous-lignée de XBB, qui est un recombinant de deux sous-lignées BA.2 (BA.2.10 et BA.2.75). XBB.1.5 a été détecté pour la première fois aux États-Unis en octobre 2022 et a maintenant été détecté dans 38 pays. Selon l'Organisation mondiale de la santé (OMS), plus de 80 % des détections proviennent des États-Unis. Au 16 janvier 2023, le nombre d'infections par XBB.1.5 demeure faible au Canada, mais il augmente d'environ 9 % par jour. Depuis novembre 2022, il y a eu 126 détections dans 8 provinces. Cette évaluation est fondée sur les preuves disponibles en date du 17 janvier 2023. Il s'agit d'une situation en évolution et de nouvelles données probantes sont attendues.

Énoncé des risques

Le risque possible que présente XBB.1.5 pour la santé publique dépend des augmentations additionnelles relatives à la transmissibilité et à l'évasion immunitaire par rapport au variant BA.5, toutefois, la gravité de la maladie et l'efficacité thérapeutique des antiviraux sont comparables. Le nombre de cas de COVID-19 attribuables à XBB.1.5 augmentera probablement au Canada, mais on ignore pour l'instant si XBB.1.5 deviendra la souche dominante et on ignore si cela entraînerait une augmentation de l'incidence générale de la COVID-19. Le niveau d'incertitude dans cette évaluation est de modéré à élevé.

Sommaire de l'évaluation des risques

Tableau 1 : Évaluation des risques pour le variant XBB.1.5 par rapport au BA.5 (à l'exclusion de BF.7 et BQ)^a

Indicateur	Risque ^b	Incertitude	Évaluation et justification ^c
Transmissibilité ^d	Élevé	Modérée	XBB.1.5 a des mutations qui augmentent la transmissibilité par une entrée dans les cellules et une réplication virale améliorées. Les augmentations aux États-Unis, en particulier dans les régions du nord-est, démontrent l'avantage de croissance de cette souche. Au Canada, l'avantage de croissance général de cette sous-lignée est d'environ 9 % par jour. Les estimations de croissance évoluent rapidement à mesure que l'information provenant d'autres régions, y compris le Canada, devient disponible.
Sévérité de la maladie	Comparable	Élevée	Rien n'indique que la sévérité de l'infection de XBB.1.5 soit différente de celle des sous-lignées Omicron déjà en circulation.
Échappement immunitaire ^e	Élevé	Modérée	XBB* a un échappement immunitaire plus élevée que les sous-lignées d'Omicron précédentes, y compris BA.5, d'après des études évaluant les réponses des anticorps neutralisants.
Thérapeutiques	Comparable	Élevée	On ne s'attend pas à ce que XBB*, comme BA.5, soit sensible aux traitements neutralisants monoclonaux actuellement disponibles. Les traitements antiviraux devraient rester efficaces contre les sous-lignées d'Omicron.

^aBA.5 a été utilisé comme référence puisque des renseignements sont disponibles pour tous les attributs de comparaison.

^bRisque : La couleur rouge indique que le variant évalué présente un risque élevé, la couleur jaune qu'il présente un risque comparable et la couleur verte, qu'il présente un risque réduit. Voir également l'annexe 2 pour le cadre et les définitions de l'évaluation des risques

^cVoir l'annexe 1 pour les preuves à l'appui de l'évaluation.

^dAvantages sélectifs calculés par rapport aux lignées actuellement en circulation, particulièrement les plus courantes à l'époque. Les augmentations d'un taux de croissance au fil du temps peuvent être causées par des diminutions de la référence et pas nécessairement des sauts intrinsèques de croissance la par lignée évaluée.

^eL'évasion immunitaire repose sur deux indicateurs : immunité après infection et immunité après vaccination.

*L'astérisque est ici un symbole technique désignant l'inclusion des sous-lignées dans la lignée globale.

Mesures pour les professionnels de la santé publique

Ces mesures doivent être examinées par chaque administration en fonction de leur épidémiologie, de leurs politiques, de leurs ressources et de leurs priorités. En raison du niveau d'incertitude actuel associé à XBB.1.5, il est important que l'intervention de santé publique soit proportionnelle au risque.

Surveillance et déclaration

- Continuer à surveiller les changements associés à l'épidémiologie de XBB.1.5, particulièrement en ce qui concerne le taux de croissance, la gravité des cas et l'évasion immunitaire
- Continuer à séquencer SRAS-CoV-2 pour mieux comprendre les variants en circulation
- Continuer à diffuser les données probantes émergentes aux niveaux local, provincial, territorial et fédéral afin de guider l'intervention de santé publique

Communication des risques

- Continuer de communiquer régulièrement avec la population canadienne et les professionnels de la santé au sujet de la situation actuelle liée à la COVID-19 et diffuser les lignes directrices connexes. Au besoin, corriger l'information et lutter contre la désinformation.

Interventions de santé publique

- Poursuivre les interventions de santé publique en fonction de l'épidémiologie locale. Aucun changement n'a été apporté aux lignes directrices fédérales sur les [mesures individuelles de santé publique](#), la [vaccination contre la COVID-19](#), les [mesures de prévention et de contrôle des infections](#) et l'utilisation d'[antiviraux](#).

Annexe 1 : Renseignements complémentaires

Tableau 2 : Indicateurs et preuves à l'appui de l'évaluation en date du 17 janvier 2023 (à moins d'indication contraire)

Indicateur	Preuves
<p>Transmissibilité</p>	<ul style="list-style-type: none"> • XBB.1.5 est une sous-lignée de la lignée SRAS-CoV-2 XBB.1, un recombinant des variants d'Omicron BA.2.10* et BA.2.75*. XBB.1.5 a acquis une mutation supplémentaire dans la protéine de spicule (mutation des domaines de liaison des récepteurs 486P). Ainsi, XBB.1.5 est probablement plus transmissible que XBB.1 en raison de l'affinité accrue d'ACE2¹. <p>À l'échelle internationale</p> <ul style="list-style-type: none"> • En date du 11 janvier 2023, 5 288 séquences avaient été signalées dans 38 pays différents. La plupart de ces soumissions proviennent des États-Unis, mais il y a aussi un nombre croissant de détections en Europe². • En date du 16 janvier 2023, XBB.1.5 est estimé avoir un avantage de croissance (environ 10 % par jour) par rapport aux lignées actuellement en circulation en Amérique du Nord et en Europe. Cependant, les estimations de croissance locale varient d'environ 10 à 20 % par jour par rapport aux lignées circulant dans ces États américains ou dans les pays de l'UE³. • D'après les données publiées le 13 janvier 2023, le CDC américain estime la proportion actuelle de XBB.1.5 à 11,5 % pour la semaine se terminant le 24 décembre 2022. Les projections pour la semaine se terminant le 14 janvier 2023 suggèrent que XBB.1.5 comptera 43,0 % des séquences aux États-Unis. Il y a une grande variation géographique notée, avec 2 régions du nord-est des États-Unis qui prévoient que XBB.1.5 comprendra plus de 80 % des séquences et 5 autres régions qui projettent entre 8 et 16 % des séquences pour la semaine se terminant le 14 janvier 2023⁴. <p>À l'échelle nationale</p> <ul style="list-style-type: none"> • En date du 16 janvier 2023, 126 détections de XBB.1.5 au Canada ont été signalées à l'ASPC depuis le 20 novembre 2022. La plupart d'entre elles venant de l'Ontario. • L'Ontario a signalé une augmentation de la proportion de XBB.1.5 et prévoit que XBB.1.5 représentera 22,2 % d'ici le 18 janvier 2023. XBB.1.5 a été détecté dans plusieurs régions sanitaires⁵. • En date du 16 janvier 2023, XBB.1.5 devrait représenter 7 % des séquences signalées à l'Agence de santé publique du Canada. • L'avantage global de croissance de cette sous-lignée par rapport à toutes les autres souches en circulation au Canada est d'environ 9 % par jour (de 6 à 10 %, IC à 95 %).
<p>Sévérité de la maladie</p>	<p>À l'échelle internationale</p> <ul style="list-style-type: none"> • L'évaluation du CEDC de la sous-lignée XBB.1.5 indique qu'il n'y a pas suffisamment d'informations disponibles indiquant que les infections à XBB.1.5 diffèrent, en termes de sévérité, de celle des variants Omicron circulant actuellement⁶. • L'OMS indique que les données de sévérité ne sont pas disponibles et que les évaluations sont en cours. Toutefois, XBB.1.5 n'a pas de mutation reconnue comme étant associée à un changement de sévérité potentiel (comme S : P681R)². • Selon le Groupe consultatif technique sur l'évolution du virus de l'OMS, les premiers résultats du 27 octobre 2022 ne suggèrent pas de différences

Indicateur	Preuves
	<p>substantielles dans la sévérité de la maladie pour les infections XBB (et les sous-lignées XBB) par rapport aux autres sous-lignées Omicron⁷.</p> <p>À l'échelle nationale</p> <ul style="list-style-type: none"> En date du 12 janvier 2023, il y a 18 cas de COVID-19 associés à XBB.1.5 dans la base de données nationale de surveillance des cas, avec 4 hospitalisations, aucune admission à l'ICU, et aucun décès.
<p>Échappement immunitaire^a</p>	<p>Neutraliser les réponses d'anticorps</p> <ul style="list-style-type: none"> À l'heure actuelle, la plupart des études évaluant l'immunité d'une infection antérieure au SRAS-CoV-2 comprennent les personnes atteintes d'immunité hybride (immunité obtenue par la vaccination et infection au SRAS-CoV-2), ce qui fait qu'il y a moins d'études menées sur celles qui n'ont qu'une immunité acquise par l'infection. Des données in vitro préliminaires suggèrent que les sous-lignées XBB* sont les sous-lignées les plus évanescentes du SRAS-CoV-2 identifiées à ce jour, et que XBB.1.5 est similairement immunoévasif que XBB.1 dans 3 préempreintes. Deux études démontrent que XBB.1.5 résiste à la réponse immunitaire neutralisante des personnes ayant une immunité hybride (y compris une infection antérieure à BA.5 ou BA.2 après 2 à 4 doses de vaccins monovalents contre l'ARNm)^{1, 8}. Des données supplémentaires démontrent que XBB.1.5 résiste à la réponse immunitaire neutralisante des personnes infectées par le BA.4/5 (dont la plupart n'ont pas été vaccinées), vaccinées avec 3 doses du vaccin monovalent et vaccinées avec une dose de rappel bivalente après 2 à 4 doses monovalentes (la plupart ont reçu 3 doses monovalentes)⁹. Neuf autres études ont évalué la neutralisation des variants de XBB* par des sérums provenant de personnes ayant 3 antécédents immunitaires différents (vaccination et/ou infection) : (1) vacciné avec 3 à 4 doses d'un vaccin original monovalent à ARNm, (2) vacciné avec une dose de rappel bivalente, ou (3) infection post-vaccinale avec BA.2 ou BA.4/5. <ul style="list-style-type: none"> Les données indiquent que XBB* résiste fortement à la neutralisation soit par les vaccins originaux monovalents, soit par une combinaison de vaccination et d'immunité dérivée d'une infection (c.-à-d. immunité hybride) à un degré supérieur à BA.5^{10, 11, 12, 13, 14}. XBB* résiste également à la neutralisation induite par les doses de rappel bivalentes dans une plus grande mesure que BA.4/5^{12, 15, 16, 17, 18}. Cependant, la plupart de ces études suggèrent que les doses de rappel bivalentes provoquent des titres d'anticorps neutralisants un peu plus élevés contre XBB* qu'une dose de rappel monovalente. <p>Réponses cellulaires</p> <ul style="list-style-type: none"> Aucune étude portant sur l'immunité des cellules T n'est disponible pour XBB.1.5 spécifiquement. Cependant, des études in vitro récentes suggèrent que la réponse immunitaire conférée par les cellules T CD8+ et CD4+ contre XBB est largement conservée¹⁹. Une étude rétrospective préimprimée de Singapour a évalué l'efficacité protectrice (EP) d'une infection antérieure au SRAS-CoV-2 chez ceux qui ont reçu la vaccination à ARNm monovalente (de 2 à 3 doses) par rapport à une réinfection à BA.4/5 et à XBB (sous-lignée spécifique non signalée)²⁰. L'EP contre une réinfection XBB était inférieure à l'EP contre la réinfection BA.4/5, quel que soit le variant infectant antérieur (l'EP d'une infection BA.2 antérieure chez ceux qui avaient 3 doses à ARNm était de 78 % contre une infection BA.4/5 par rapport à 51 % contre une infection XBB).

Indicateur	Preuves																							
	Il n'y a pas de données sur l'efficacité du vaccin contre l'infection XBB.1.5 ou les issues graves, ni de données sur l'efficacité de protection d'une infection antérieure à des issues graves liées à XBB.																							
Thérapeutiques	<ul style="list-style-type: none"> • Paxlovid (nirmatrelvir/ritonavir) et Remdesivir semblent maintenir leur activité contre le SRAS-CoV-2 Omicron²¹; on ne sait pas si c'est le cas pour le recombinant XBB.1.5. • Des données in vitro limitées sur l'activité des mAbs de la COVID-19 sont disponibles contre XBB.1.5. • Une préimpression listée dans la base de données sur les antiviraux et la résistance aux coronavirus de l'Université de Stanford suggère que tixagevimab/cilgavimab (Evusheld) et sotrovimab ont une activité réduite ou pas d'activité contre XBB.1.5¹. Ils démontrent également que XBB.1 et XBB.1.5 présentent une évation mAb comparable. • Dans une étude in vitro, Evusheld et Sotrovimab avaient une activité diminuée contre XBB par rapport à BA.5²². Sotrovimab est peut être inefficace contre XBB.1 et XBB par rapport à la souche ancestrale (originale) du SRAS-CoV-2¹¹. • La monographie de produit d'Evusheld indique une réduction de la susceptibilité de XBB par rapport à BA.5. • Il n'existe pas de données canadiennes in vitro sur l'activité des antiviraux contre le variant XBB.1.5 de la COVID-19. • Aucune donnée canadienne sur l'efficacité clinique des traitements contre la COVID-19 (antiviraux ou anticorps monoclonaux [mAbs]) n'est disponible pour XBB.1.5. 																							
	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Groupe de sous-lignées</th> <th>mAbs testés</th> <th>Type viral</th> <th>Facteur de variation^b</th> <th>Souche de référence</th> <th>Source</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>XBB.1.5</td> <td>Sotrovimab</td> <td>Pseudovirus</td> <td>1</td> <td>XBB.1</td> <td>Yue et al.¹</td> </tr> <tr> <td>XBB.1.5</td> <td>Tixagevimab/cilgavimab</td> <td>Pseudovirus</td> <td>0,9</td> <td>XBB.1</td> <td>Yue et al.¹</td> </tr> </tbody> </table>	Groupe de sous-lignées	mAbs testés	Type viral	Facteur de variation ^b	Souche de référence	Source	XBB.1.5	Sotrovimab	Pseudovirus	1	XBB.1	Yue et al. ¹	XBB.1.5	Tixagevimab/cilgavimab	Pseudovirus	0,9	XBB.1	Yue et al. ¹	<p>Considérations :</p> <ul style="list-style-type: none"> • <u>L'Agence fédérale américaine des produits alimentaires et médicamenteux des États-Unis (PDF)</u> définit l'activité in vitro de mAbs « sans changement » dans ses documents d'orientation sur les fiches d'information autorisés comme une réduction <5 fois de la sensibilité. • Étant donné que les tests in vitro sont souvent effectués dans des conditions contrôlées, ils ne reflètent pas les propriétés pharmacocinétiques in vivo du médicament faisant l'objet de l'enquête. Par conséquent, les études in vitro ne sont pas corrélées avec l'efficacité thérapeutique ou l'échec du traitement. 				
	Groupe de sous-lignées	mAbs testés	Type viral	Facteur de variation ^b	Souche de référence	Source																		
	XBB.1.5	Sotrovimab	Pseudovirus	1	XBB.1	Yue et al. ¹																		
XBB.1.5	Tixagevimab/cilgavimab	Pseudovirus	0,9	XBB.1	Yue et al. ¹																			
<p>^aL'échappement immunitaire repose sur deux indicateurs : immunité après infection et immunité après vaccination.</p>																								
<p>^bLes valeurs du facteur de variation sont fournies par la <u>base de données sur les antiviraux et la résistance aux coronavirus de l'Université de Stanford</u> (>1 indique une diminution de l'activité)</p>																								
<p>*L'astérisque est ici un symbole technique désignant l'inclusion des sous-lignées dans la lignée globale.</p>																								

Tableau 3 : Information contextuelle à l'appui de l'évaluation des risques et des mesures connexes

Critères	Considérations
<p>Répercussions sur le système de santé, y compris la capacité des hôpitaux et les mesures de prévention et de contrôle des infections (capacité : lits, travailleurs de la santé)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • La capacité de hôpitaux et de soins de santé au Canada demeure tendue en raison de la grippe, du VRS, du SRAS-CoV-2 et d'autres pressions. Les pratiques relatives à la prévention et au contrôle des infections sont en place pour limiter la transmission de la COVID-19.
<p>Mesures frontalières (vaccination, quarantaine et tests)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Les mesures frontalières visent à ralentir l'importation de nouveaux variants, tandis que XBB.1.5 est détecté au Canada depuis novembre 2022.
<p>Capacité de surveillance</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Les tests sur les eaux usées au Canada peuvent détecter XBB.1.5. • Les volumes de tests de confirmation sont demeurés relativement stables, mais les tests à l'externe sont généralement limités à des populations spécifiques et à des patients symptomatiques. Le dépistage asymptomatique s'adresse principalement aux populations à risque, y compris les personnes à risque d'issues graves et leurs contacts. Par conséquent, les données de surveillance ne sont pas représentatives de toutes les infections à la COVID-19 au Canada. • Les stratégies diagnostiques et de séquençage peuvent différer d'un pays à l'autre.
<p>Mesures de santé publique</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Les lignes directrices actuelles de l'Agence de santé publique du Canada sur les mesures de santé publique comprennent une approche à plusieurs niveaux de mesures de santé publique individuelles, comme rester à la maison en cas de maladie, porter correctement un masque bien construit et bien ajusté dans les lieux publics intérieurs, améliorer la ventilation intérieure, assurer une hygiène des mains fréquente et une bonne étiquette respiratoire, nettoyer et désinfecter les surfaces et les objets à contact élevé, afin de réduire le risque d'infection et de propagation. • Les recommandations relatives aux mesures de santé publique au Canada continuent de varier d'une province à l'autre, étant donné que les provinces et les territoires connaissent des épidémiologies et des risques différents, ainsi qu'une transition vers la gestion à long terme de la COVID-19. • La plupart des mesures communautaires telles que les confinements, les activités de gestion des cas et des contacts à grande échelle, y compris les exigences en matière de quarantaine et d'isolement ainsi que le port du masque universel, ont pris fin. Des mesures individuelles axées sur le risque sont promues (par exemple, rester à la maison quand vous êtes malade, porter un masque dans certaines circonstances, etc.).
<p>Vaccination</p>	<ul style="list-style-type: none"> • En date du 1^{er} janvier 2023 (données les plus récentes disponibles), 80,6 % de la population totale a complété une série primaire de vaccins contre la COVID-19. • En date du 1^{er} janvier 2023 (données les plus récentes disponibles), 25,0 % de la population totale a terminé sa série primaire ou reçu une dose de rappel du vaccin contre la COVID-19 au cours des six derniers mois²³.

Annexe 2 : Méthodes

Cadre d'évaluation des risques liés aux variants

Le tableau ci-dessous a été élaboré à partir du Cadre d'évaluation des risques de Public Health England (PDF, en anglais seulement) applicable aux variants préoccupants du SRAS-CoV-2 et à ceux faisant l'objet d'une enquête afin de déterminer leur niveau de risque. Il servira de guide pour déterminer le niveau de risque comparatif avec le variant de référence.

Tableau 4. Comparaison du risque par rapport au variant de base ou à un variant de référence donné

Indicateur	Risque réduit	Risque comparable	Risque accru
Transmissibilité	Transmission limitée de personne à personne.	Transmissibilité comparable à celle du variant de base ou d'un variant de référence donné.	Plus transmissible que le variant de base ou qu'un variant de référence donné.
Gravité de la maladie	Preuve d'un portrait clinique moins sévère (asymptomatique ou symptomatique) par rapport au variant de base ou à un variant de référence donné.	Portrait clinique comparable en ce qui concerne les taux d'hospitalisation ou de mortalité par rapport au variant de base ou à un variant de référence donné, ou données expérimentales sur des animaux suggérant un risque accru de la gravité de la maladie chez l'être humain.	Portrait clinique plus sévère (taux d'hospitalisation) ou mortalité plus élevée par rapport au variant de base ou à un variant de référence donné.
Évasion immunitaire^a: Immunité après une infection	Absence d'infection avérée chez les personnes précédemment infectées par le variant de base ou nombre limité de cas de réinfection chez les personnes précédemment infectées par l'un ou l'autre des variants, ou données structurelles suggérant l'absence de différences antigéniques.	Infection limitée démontrée chez les personnes ayant eu une infection antérieure connue, ou preuve d'une évasion immunitaire fonctionnelle limitée après l'infection, ou données structurelles suggérant certaines différences antigéniques.	Preuve d'infection répétée chez des personnes ayant un antécédent connu d'infection, ou d'une évasion immunitaire fonctionnelle marquée après l'infection, ou données structurelles suggérant des différences antigéniques significatives.
Évasion immunitaire^a: Immunité après la vaccination	Preuve de la conservation de la performance du vaccin, ou données structurelles suggérant l'absence de différence antigénique dans les épitopes ciblés par le vaccin.	Preuve d'une évasion immunitaire fonctionnelle limitée de l'immunité acquise par le vaccin, ou données structurelles suggérant des différences dans les épitopes ciblés par le vaccin.	Preuve d'une évasion immunitaire fonctionnelle marquée de l'immunité acquise par le vaccin, ou données structurelles suggérant des différences significatives dans les épitopes ciblés par le vaccin.
Traitements	Preuve d'une efficacité clinique accrue des traitements ^b , ou augmentation du nombre de traitements efficaces ^b ou preuve d'une activité in vitro accrue ^c d'un traitement.	Preuve d'une efficacité clinique comparable des traitements ^b , ou aucun changement dans le nombre de traitements efficaces ^b , ou preuve d'une activité in vitro conservée ou d'une activité in vitro accrue ^c des traitements.	Preuve d'une diminution de l'efficacité clinique des traitements ^b , ou d'une baisse du nombre de traitements efficaces ^b , ou preuve d'une réduction, d'une perte ou d'une augmentation de l'activité in vitro ^c des traitements.

^aL'évasion immunitaire est fondée sur deux indicateurs : l'immunité après l'infection ou l'immunité après la vaccination.

^bTraitement : Désigne un traitement fourni et disponible au Canada.

^cActivité : Désigne la variation de l'activité in vitro d'un variant pour les traitements signalés dans le portail [OpenData Portal : SARS-CoV-2 variants and therapeutics \(en anglais seulement\)](#). La corrélation entre les données in vitro et les résultats cliniques demeure inconnue.

Critères pour l'estimation du niveau d'incertitude

Niveau d'incertitude très élevé : Manque de données ou d'informations fiables, les résultats ne reposent que sur des spéculations brutes.

Niveau d'incertitude élevé : Manque de données ou d'informations fiables, les résultats reposent sur une supposition éclairée.

Niveau d'incertitude modéré : Lacunes quant à la disponibilité ou la fiabilité des données et des informations, ou présence de données contradictoires, les résultats sont basés sur un consensus limité.

Niveau d'incertitude faible : Données et informations fiables disponibles, mais dont la quantité peut être limitée ou variable, les résultats sont basés sur un consensus d'experts.

Niveau d'incertitude très faible : Données et informations fiables et disponibles en quantité suffisante, les résultats sont fortement ancrés dans des données empiriques ou des informations concrètes.

Références

1. Yue C, Song W, Wang L, et al. *Enhanced transmissibility of XBB.1.5 is contributed by both strong ACE2 binding and antibody evasion*. bioRxiv. 2023:2023.01.03.522427. doi:10.1101/2023.01.03.522427
Disponible à l'adresse : <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2023.01.03.522427v1> (en anglais)
2. Organisation mondiale de la Santé (OMS). *Évaluation rapide des risques de XBB.1.5, 11 janvier 2023*. Genève : OMS; 2023. https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/11jan2023_xbb15_rapid_risk_assessment.pdf (en anglais)
3. covSPECTRUM. *Detect and analyze variants of SARS-CoV-2*. <https://cov-spectrum.org/> (en anglais)
4. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). *COVID Data Tracker Weekly Review*. Atlanta, GA : CDC. <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/covid-data/covidview/index.html> (en anglais)
5. Santé publique Ontario. *Surveillance génomique du SRAS-CoV-2 en Ontario, le 13 janvier 2023*. https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/epi/covid-19-sars-cov2-whole-genome-sequencing-epi-summary.pdf?rev=9ca7225766f1498496a2d647cb1fd258&sc_lang=fr
6. European Centre for Disease Prevention and Control. *Implications for the EU/EEA of the spread of the SARS-CoV-2 Omicron XBB.1.5 sub-lineage for the EU/EEA – 13 janvier 2023*. ECDC: Stockholm; 2023. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/covid-19-threat-assessment-brief-implications-spread-omicron-xbb> (en anglais)
7. Organisation mondiale de la Santé (OMS). *TAG-VE statement on Omicron sublineages BQ.1 and XBB*. Genève : OMS. <https://www.who.int/news/item/27-10-2022-tag-ve-statement-on-omicron-sublineages-bq.1-and-xbb> (en anglais)
8. Uriu K, Ito J, Zahradnik J, et al. *Enhanced transmissibility, infectivity and immune resistance of the SARS-CoV-2 Omicron XBB.1.5 variant*. bioRxiv. 2023:2023.01.16.524178. doi:10.1101/2023.01.16.524178.
Disponible à l'adresse : <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2023.01.16.524178v1> (en anglais)
9. Qu P, Faraone JN, Evans JP, et al. *Extraordinary Evasion of Neutralizing Antibody Response by Omicron XBB.1.5, CH.1.1 and CA.3.1 Variants*. bioRxiv. 2023:2023.01.16.524244. doi:10.1101/2023.01.16.524244.
Disponible à l'adresse : <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2023.01.16.524244v1> (en anglais)
10. Uraki R, Ito M, Furusawa Y, et al. *Humoral immune evasion of the omicron subvariants BQ.1.1 and XBB*. *Lancet Infect Dis*. Janv. 2023;23(1):30-32. doi:10.1016/S1473-3099(22)00816-7. Disponible à l'adresse : [https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099\(22\)00816-7/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099(22)00816-7/fulltext) (en anglais)
11. Akerman A, Milogiannakis V, Jean T, et al. *Emergence and antibody evasion of BQ and BA.2.75 SARS-CoV-2 sublineages in the face of maturing antibody breadth at the population level*. medRxiv. 2022:2022.12.06.22283000. doi:10.1101/2022.12.06.22283000. Disponible à l'adresse : <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2022.12.06.22283000v1> (en anglais)
12. Wang Q, Iketani S, Li Z, et al. *Alarming antibody evasion properties of rising SARS-CoV-2 BQ and XBB subvariants*. bioRxiv. 2022:2022.11.23.517532. doi:10.1101/2022.11.23.517532. Disponible à l'adresse : <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2022.11.23.517532v1.full> (en anglais)
13. Tamura T, Ito J, Uriu K, et al. *Virological characteristics of the SARS-CoV-2 XBB variant derived from recombination of two Omicron subvariants*. bioRxiv. 2022:2022.12.27.521986.

doi:10.1101/2022.12.27.521986. Disponible à l'adresse :
<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2022.12.27.521986v1.full> (en anglais)

14. Vikse EL, Fossum E, Erdal MS, Hungnes O, Bragstad K. *Poor neutralizing antibody responses against SARS-CoV-2 Omicron BQ.1.1 and XBB in Norway in October 2022*. bioRxiv. 2023:2023.01.05.522845. doi:10.1101/2023.01.05.522845. Disponible à l'adresse :
<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2023.01.05.522845v1.full> (en anglais)
15. Chalkias S, Whatley J, Eder F, et al. *Safety and Immunogenicity of Omicron BA.4/BA.5 Bivalent Vaccine Against Covid-19*. medRxiv. 2022:2022.12.11.22283166. doi:10.1101/2022.12.11.22283166. Disponible à l'adresse : <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2022.12.11.22283166v1> (en anglais)
16. Zou J, Kurhade C, Patel S, et al. *Improved Neutralization of Omicron BA.4/5, BA.4.6, BA.2.75.2, BQ.1.1, and XBB.1 with Bivalent BA.4/5 Vaccine*. bioRxiv. 2022:2022.11.17.516898. doi:10.1101/2022.11.17.516898. Disponible à l'adresse :
<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2022.11.17.516898v1> (en anglais)
17. Kurhade C, Zou J, Xia H, et al. *Low neutralization of SARS-CoV-2 Omicron BA.2.75.2, BQ.1.1, and XBB.1 by 4 doses of parental mRNA vaccine or a BA.5-bivalent booster*. bioRxiv. 2022:2022.10.31.514580. doi:10.1101/2022.10.31.514580. Disponible à l'adresse :
<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2022.10.31.514580v2.full> (en anglais)
18. Davis-Gardner ME, Lai L, Wali B, et al. *Neutralization against BA.2.75.2, BQ.1.1, and XBB from mRNA Bivalent Booster*. N Engl J Med. 12 janvier 2023;388(2) :183-185. doi:10.1056/NEJMc2214293 Disponible à l'adresse : <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMc2214293> (en anglais)
19. Muik A, Lui BG, Diao H, et al. *Progressive loss of conserved spike protein neutralizing antibody sites in Omicron sublineages is balanced by preserved T-cell recognition epitopes*. bioRxiv. 2022:2022.12.15.520569. doi:10.1101/2022.12.15.520569. Disponible à l'adresse :
<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2022.12.15.520569v1.full.pdf> (en anglais)
20. Tan CY, Chiew CJ, Pang D, et al. *Protective Effectiveness of Natural SARS-CoV-2 Infection and Vaccines against Omicron BA.4/BA.5 and XBB Reinfection in Singapore: A National Cohort Study*. Disponible au SSRN 4308740. 2022. Disponible à l'adresse :
https://papers.ssrn.com/sol3/papers.cfm?abstract_id=4308740 (en anglais)
21. Vangeel L, Chiu W, De Jonghe S, et al. *Remdesivir, Molnupiravir and Nirmatrelvir remain active against SARS-CoV-2 Omicron and other variants of concern*. bioRxiv. 2022:2021.12.27.474275. doi:10.1101/2021.12.27.474275. Disponible à l'adresse :
<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2021.12.27.474275v2> (en anglais)
22. Imai M, Ito M, Kiso M, et al. *Efficacy of Antiviral Agents against Omicron Subvariants BQ.1.1 and XBB*. N Engl J Med. 5 janvier 2023;388(1):89-91. doi:10.1056/NEJMc2214302. Disponible à l'adresse :
<https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMc2214302> (en anglais)
23. Gouvernement du Canada. Vaccination contre le COVID-19 au Canada. <https://sante-infobase.canada.ca/covid-19/couverture-vaccinale/>