

COVID-19 : MORTALITÉ ET INÉGALITÉS SOCIALES

DÉCLARATION

Tests sérologiques aux points
d'intervention de COVID-19

1

ÉTUDE DE LA PORTÉE

Divergences entre les données
administratives et les données de
surveillance

4

COMMENTAIRE

L'expérience au Yukon avec
la COVID-19

19

RMTC

RELEVÉ DES MALADIES TRANSMISSIBLES AU CANADA

Le *Relevé des maladies transmissibles au Canada* (RMTC) est une revue scientifique bilingue révisée par les pairs et en accès libre publié par l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC). Il fournit des informations pratiques et fiables aux cliniciens et aux professionnels de la santé publique ainsi qu'aux chercheurs, aux décideurs politiques, aux enseignants, aux étudiants et aux autres personnes qui s'intéressent aux maladies infectieuses.

Le comité de rédaction du RMTC est composé de membres en provenance du Canada, des États-Unis, de l'Union européenne et de l'Australie. Les membres du conseil sont des experts reconnus dans le monde entier et actifs dans les domaines des maladies infectieuses, de la santé publique et de la recherche clinique. Ils se rencontrent quatre fois par année et fournissent des avis et des conseils à le rédacteur scientifique en chef du RMTC.

Bureau de la rédaction

Rédacteur scientifique en chef

Michel Deilgat, CD, BA, MD, MPA, MEd, MIS (c), CCPE

Éditrice exécutive

Alejandra Dubois, BSND, MSc, PhD

Éditrices scientifiques adjointes

Rukshanda Ahmad, MBBS, MHA
Julie Thériault, Inf. aut., BSInf, MSc (santé publique)
Peter Uhthoff, BASc, MSc, MD

Responsable de la production

Wendy Patterson

Coordinatrice à la rédaction

Laura Rojas Higuera

Soutien web

Charu Kaushal

Révisseurs

Joanna Odrowaz-Pieniazek
Pascale Salvatore, BA (Trad.)
Laura Stewart-Davis, PhD

Conseillère en communications

Maya Bugorski, BA, BSocSc

Conseillère en matière des Premières Nations et des Autochtones

Sarah Funnell, BSc, MD, MPH, CCFP, FRCPC

Rédactrice junior

Lucie Pélaja, (Honours) BSc (Psy) (c)
(Université d'Ottawa)

Rédacteur résident

Reed Morrison, MD, CCFP, MPH, MHA (c)

Répertorié

dans PubMed, Directory of Open Access (DOAJ)/Medicus

Disponible

dans PubMed Central (texte entier)

Contactez-le bureau de la rédaction

ccdr-rmtc@phac-aspc.gc.ca
613.301.9930

Référence photographique

L'image de couverture représente une société multiculturelle partageant un combat commun – la COVID-19. Image d'Adobe Stock, adaptée par Wendy Patterson (https://stock.adobe.com/ca/images/people-with-mouth-caps-fight-against-corona/390149672?prev_url=detail).

Membre du comité de rédaction du RMTC

Heather Deehan, RN, BScN, MHSc
Centre du vaccin, Division des approvisionnements UNICEF
Copenhague, Danemark

Jacqueline J Gindler, MD
Centre de prévention et de contrôle des maladies Atlanta, États-Unis

Rahul Jain, MD, CCFP, MScCH
Department of Family and Community Medicine, University of Toronto and Sunnybrook Health Sciences Centre
Toronto, Canada

Jennifer LeMessurier, MD, MPH
Santé publique et médecine familiale, Université d'Ottawa, Ottawa, Canada

Caroline Quach, MD, MSc, FRCPC, FSHEA

Microbiologiste-infectiologue pédiatrique, Centre hospitalier universitaire Sainte-Justine et Université de Montréal, Montréal, Québec, Canada

Kenneth Scott, CD, MD, FRCPC
Médecine interne et maladies infectieuses (adultes)
Groupe des Services de santé des Forces canadiennes (retraité)
Agence de la santé publique du Canada (retraité), Ottawa, Canada



COVID-19 : MORTALITÉ ET INÉGALITÉS SOCIALES

TABLE DES MATIÈRES

DÉCLARATION DU COMITÉ CONSULTATIF

Déclaration du Réseau des laboratoires de santé publique du Canada sur les tests sérologiques aux points d'intervention dans le cadre de la COVID-19

Groupe de travail sur les infections par les virus respiratoires

1

ÉTUDE DE LA PORTÉE

Divergences entre les données administratives sur les infections associées aux soins de santé et les données issues de la surveillance active au Canada

V Boulanger, É Poirier, A MacLaurin, C Quach

4

COMMENTAIRE

L'expérience au Yukon avec la COVID-19 : restrictions de voyage, variants et propagation entre les non-vaccinés

S McPhee-Knowles, B Hoffman, L Kanary

19

ÉTUDE ÉPIDÉMIOLOGIQUE

Analyse épidémiologique de l'émergence et de la disparition du variant Kappa du SRAS-CoV-2 dans une région de la Colombie-Britannique, Canada

C Ghafari, M Benusic, N Prystajewsky, H Sbihi, K Kamelian, L Hoang

24

SURVEILLANCE

Inégalités sociales des décès liés à la COVID-19 au Canada, par caractéristiques individuelles et locales, de janvier à juillet/août 2020 : résultats de deux processus nationaux d'intégration de données

A Blair, SY Pan, R Subedi, F-J Yang, N Aitken, C Steensma

30

Rapport national de mi-saison d'ÉpiGrippe, 2021–2022 : activité grippale sporadique de retour

C Bancej, A Rahal, L Lee, S Buckrell, K Schmidt, N Bastien

43

ÉCLOSION

Éclosion d'*Escherichia coli* O103 associée à du céleri haché chez des personnes hospitalisées à Victoria, Colombie-Britannique, en 2021

C Smith, A Griffiths, S Allison, D Hoyano, L Hoang

51

RECONNAISSANCE

Merci aux pairs évaluateurs du RMTC en 2021

57



Déclaration du Réseau des laboratoires de santé publique du Canada sur les tests sérologiques aux points d'intervention dans le cadre de la COVID-19

Groupe de travail sur les infections par les virus respiratoires¹

Citation proposée : Groupe de travail sur les infections par les virus respiratoires. Déclaration du Réseau des laboratoires de santé publique du Canada sur les tests sérologiques aux points d'intervention dans le cadre de la COVID-19. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2022;48(1):1–3.

<https://doi.org/10.14745/ccdr.v48i01a01f>

Mots-clés : COVID-19, test sérologique, point d'intervention, Canada, anticorps contre le SRAS-CoV-2

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



Affiliation

¹ Réseau des laboratoires de santé publique du Canada, Winnipeg, MB

Correspondance :

nadia.elgabalawy@phac-aspc.gc.ca

Introduction

Les tests sérologiques au point d'intervention pour le coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère 2 (SRAS-CoV-2), le virus responsable de la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19), détectent la réaction des anticorps humains à l'infection ou à la vaccination et non au virus lui-même. La plupart sont des tests qualitatifs basés sur l'immunochromatographie (flux latéral) qui détectent les IgG+/-IgM dans un échantillon de sang prélevé au doigt et dont les résultats sont disponibles en moins de 30 minutes. Bien que l'adoption de tests sérologiques aux points d'intervention pour la COVID-19 suscite un intérêt général, cette méthode de dépistage présente actuellement des limites importantes, notamment une compréhension incomplète de la réaction immunologique à la COVID-19, des données de validation clinique sous-optimales, une corrélation incertaine (ou l'absence de corrélation) avec les tests sérologiques de laboratoire clinique et une grande variabilité du rendement entre les différents tests aux points d'intervention. La plupart des points clés décrits ci-dessous s'appliquent également aux tests sérologiques COVID-19 en laboratoire.

Position actuelle sur le diagnostic d'infections aiguës

Les tests sérologiques aux points d'intervention pour la COVID-19 ne sont pas recommandés comme outil de diagnostic de l'infection aiguë et seuls trois produits sont approuvés par Santé Canada à ce jour. En général, ces tests ne sont pas en mesure de détecter les anticorps avant au moins une semaine ou plus après le début des symptômes, et ne sont donc pas adaptés au diagnostic de l'infection aiguë par le SRAS-CoV-2 à ce stade. Nous recommandons que la détection des acides nucléiques (e.g. l'amplification en chaîne par polymérase en temps réel) demeure le test de première ligne pour le diagnostic de l'infection aiguë par le SRAS-CoV-2, comme le conseille l'Organisation mondiale de la santé (1).

Points clés

- Il faut au moins 7 à 14 jours, parfois plus, après l'apparition des symptômes pour que les anticorps se forment. Par conséquent, le dépistage sérologique au point d'intervention tôt dans l'infection peut aboutir à un faux négatif à la COVID-19 à un moment où le malade est le plus infectieux (i.e. qu'un résultat négatif n'exclut pas l'infection).
- Des faux négatifs peuvent se produire chez les personnes âgées et les malades immunodéprimés, qui ne peuvent réagir en produisant suffisamment d'anticorps.
- Comme les tests sérologiques aux points d'intervention ne détectent pas le virus, leur résultat, qu'il soit positif ou négatif, ne détermine pas si une personne est infectieuse.
- Les résultats positifs peuvent être dus à une infection passée ou récente par le SRAS-CoV-2 ou à la vaccination contre la COVID-19.



- La plupart des tests sérologiques aux points d'intervention ne font pas la différence entre les anticorps sécrétés lors d'une infection antérieure et ceux générés en réaction à la vaccination contre la COVID-19. Compte tenu de la progression rapide de la vaccination contre la COVID-19, cela limite encore plus l'usage des tests sérologiques aux points d'intervention.
- Comme pour les autres plateformes sérologiques COVID-19, on peut obtenir de faux positifs si ces trousses présentent une réaction croisée avec des anticorps provenant d'une exposition récente ou passée à d'autres coronavirus, y compris les coronavirus humains.
- D'autres infections, ainsi que des états non infectieux (e.g. maladies à facteur rhumatoïde positif), peuvent aussi produire de faux positifs.
- Les faux positifs sont plus probables dans les régions à faible prévalence et à faible vaccination. L'épidémiologie locale et la probabilité prétest de l'individu (i.e. les facteurs de risque cliniques et épidémiologiques) doivent être prises en compte à l'interprétation des résultats de la sérologie aux points d'intervention.
- L'interprétation de la plupart des tests sérologiques aux points d'intervention étant visuelle, elle peut produire de faux positifs et des faux négatifs si elle est inexacte ou subjective.
- Conformément aux recommandations du Comité consultatif national de l'immunisation, il n'y a pas d'indication pour la sérologie avant ou après la vaccination contre la COVID-19.
- Les trousses doivent faire l'objet d'une évaluation approfondie de leurs caractéristiques de rendement (sensibilité, spécificité) avant d'être utilisées en milieu clinique, y compris sur le terrain.

On peut envisager un usage évolutif et exceptionnel des tests sérologiques aux points d'intervention si ces tests ne sont pas disponibles en laboratoire ou s'ils sont trop lents pour repérer les patients COVID-19 les plus susceptibles de bénéficier d'un traitement par anticorps monoclonaux anti-SRAS-CoV-2. Les tests sérologiques ont actuellement une utilité clinique limitée; cependant, certaines compétences ont recommandé leur usage pour éclairer le traitement des patients atteints de la COVID-19, car les premières données des essais cliniques ont montré que certains traitements par anticorps monoclonaux (e.g. casirivimab + imdevimab) donnaient les meilleurs résultats chez les patients séronégatifs. Même dans ce contexte, nous recommandons que les tests sérologiques aux points d'intervention soient réalisés dans un laboratoire afin d'atténuer certains risques décrits ci-dessus et pour qu'ils soient validés avant d'être utilisés comme cela est décrit ci-dessous. Lorsque cela est possible, il est préférable d'effectuer un dépistage sérologique du SRAS-CoV-2 en laboratoire.

Position actuelle sur l'usage en tant que « certificats ou passeports immunitaires »

La détection des anticorps comme preuve d'immunité pour faciliter la circulation des personnes dans les zones publiques et pour permettre les voyages internationaux fait l'objet d'un débat permanent. Les connaissances sur l'immunité contre le SRAS-CoV-2 évoluent rapidement; cependant, à l'heure actuelle, les corrélats de la protection et la durée de l'immunité ne sont pas bien compris. Par conséquent, nous ne recommandons pas la sérologie, y compris les tests aux points d'intervention, pour déterminer l'immunité individuelle ou pour établir des exemptions aux mesures de santé publique.

Points clés

- Comme il n'existe actuellement aucun corrélat de protection, on ignore si les niveaux d'anticorps détectés par les tests sérologiques aux points d'intervention sont suffisants pour assurer une protection.
- Comme les tests aux points d'intervention ne fournissent pas de résultat quantitatif, leur utilité peut être limitée même lorsqu'un corrélat de protection est établi.
- Les anticorps contre la COVID-19 persistent au moins six mois; cependant, la vitesse à laquelle les anticorps diminuent varie en fonction de l'âge, de l'immunité de la personne et de la gravité de la maladie.
- Les anticorps de liaison détectés par les tests sérologiques aux points d'intervention ne correspondent pas forcément aux anticorps neutralisants (i.e. protecteurs).
- Étant donné qu'il faut au moins 7 à 14 jours (plus longtemps chez certaines personnes) pour qu'une réaction à anticorps se mette en place, un résultat négatif n'exclut pas l'existence d'une infection active ni l'infectiosité; il ne signifie donc pas que la personne ne peut pas transmettre le SRAS-CoV-2. Les tests sérologiques ne doivent pas remplacer les tests moléculaires (ou antigéniques) pour les voyages ou d'autres types de dépistage.
- Bien que la réinfection ou l'infection après vaccination soit relativement rare, un résultat sérologique positif ne garantit pas la protection contre l'infection, surtout en cas d'expositions intenses et d'émergence de variantes du SRAS-CoV-2 pouvant échapper au système immunitaire.
- Étant donné que les tests sérologiques aux points d'intervention ne détectent pas l'immunité à médiation cellulaire T contre le SRAS-CoV-2, qui est également importante pour la protection à long terme, un résultat négatif ne prouve pas que l'individu n'est pas immunisé.
- La modélisation a montré que des mesures de santé publique, telles que le port du masque et la distanciation physique, seront nécessaires pour contrôler la propagation du SRAS-CoV-2 jusqu'à ce que la population soit



suffisamment vaccinée et bien immunisée. Ainsi, un résultat sérologique positif, y compris par un test au point d'intervention, peut donner à l'individu un faux sentiment de protection contre l'infection par le SRAS-CoV-2.

Considérations importantes dans le dépistage aux points d'intervention

Le rôle de la sérologie dans le diagnostic de l'infection par le SRAS-CoV-2, la prise en charge des patients, et les tests d'immunité sont d'une utilité limitée. Une fois que la dynamique de la réaction sérologique à la COVID-19 sera mieux comprise et qu'un corrélat de protection sera trouvé, la sérologie pourra jouer un rôle important dans les mesures de santé publique relatives à la population. Si le dépistage sérologique au point d'intervention est mis en œuvre dans un but précis (e.g. pour le traitement par anticorps monoclonaux), les points suivants doivent être pris en compte :

- Validation approfondie du ou des tests par rapport au « gold standard » (tests de neutralisation virale ou autre test sérologique de laboratoire). Les caractéristiques de rendement (sensibilité, spécificité, valeurs prédictives positives et négatives, réaction croisée avec d'autres coronavirus) doivent être établies à partir de sérums de patients infectés par le SRAS-CoV-2 (ancestral et variants), d'autres virus respiratoires, y compris les coronavirus saisonniers, et de témoins sains.
- Fournir une formation adéquate au personnel de santé et de laboratoire pour réaliser le test et interpréter le résultat.
- Réalisation d'une évaluation du risque d'infection par le SRAS-CoV-2 et la transmission d'infections hématogènes pour l'opérateur. Nous recommandons l'application de mesures universelles pour prévenir la transmission d'agents pathogènes par voie hématogène (au minimum, des gants et des blouses) lors du dépistage aux points d'intervention jusqu'à ce que le risque pour l'opérateur puisse être évalué en bonne et due forme.
- Établir un programme permanent de contrôle et d'assurance de la qualité avant la mise en œuvre.
- Prendre des dispositions pour la saisie des données relatives aux tests dans les dossiers des malades et à des fins de surveillance, et établir l'obligation de participer à une évaluation externe de la qualité pour maintenir celle-ci à un niveau élevé.

S'appuyant sur les données disponibles, le Réseau des laboratoires de santé publique du Canada recommande de ne pas recourir pour l'instant aux tests sérologiques COVID-19 aux points d'intervention pour les tests cliniques ou d'immunité ordinaires. Conformément aux recommandations du Comité consultatif national de l'immunisation (2), les tests sérologiques ne doivent pas être utilisés pour documenter le statut vaccinal ou pour évaluer la réaction à la vaccination contre la COVID-19. Au fur et à mesure que l'on dispose de plus de données sur les corrélats immunologiques de la protection, la durée de l'immunité, le rendement des tests, et que les tests sont validés par rapport aux méthodes sérologiques de référence, l'application clinique des tests aux points d'intervention sera réévaluée. Les tests moléculaires, tels que l'amplification en chaîne par polymérase en temps réel, restent la principale méthode de dépistage en laboratoire de l'infection aiguë par le SRAS-CoV-2 et de diagnostic de la COVID-19.

Références

1. World Health Organization. Advice on the use of point-of-care immunodiagnostic tests for COVID-19. Switzerland (CH): WHO; April 2020. <https://www.who.int/news-room/commentaries/detail/advice-on-the-use-of-point-of-care-immunodiagnostic-tests-for-covid-19>
2. Agence de la santé publique du Canada. Comité consultatif national de l'immunisation. Recommandations sur l'utilisation des vaccins contre la COVID-19. <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/immunisation/comite-consultatif-national-immunisation-ccni/recommandations-utilisation-vaccins-covid-19.html#a76>



Divergences entre les données administratives sur les infections associées aux soins de santé et les données issues de la surveillance active au Canada

Virginie Boulanger^{1,2}, Étienne Poirier^{1,2}, Anne MacLaurin³, Caroline Quach^{1,2,4,5*}

Résumé

Contexte : Bien que le Canada dispose à la fois d'un système national de surveillance active et de données administratives pour la surveillance passive des infections associées aux soins de santé (IASS), chacun des deux systèmes présente des forces et des faiblesses au niveau de la collecte et de la communication des données. La surveillance active et la surveillance passive fonctionnent de manière indépendante, ce qui donne parfois des résultats divergents. Pour comprendre les divergences qui existent entre les données administratives sur la santé et les données issues de la surveillance active, un examen de la portée a été réalisé.

Méthodes : Des recherches ont été menées dans les bases de données Medline, Embase et Cumulative Index to Nursing and Allied Health Literature, ainsi que dans la littérature grise pour trouver des études en anglais et en français évaluant l'utilisation de données administratives, seules ou en comparaison avec les données issues de la surveillance traditionnelle et réalisées au Canada entre 1995 et le 2 novembre 2020. Après avoir extrait les renseignements pertinents des articles sélectionnés, un résumé descriptif des résultats a été présenté, accompagné de suggestions pour améliorer les systèmes de surveillance, dans le but d'optimiser la qualité globale des données.

Résultats : Seize articles répondaient aux critères d'inclusion, dont douze études observationnelles et quatre revues systématiques. Ces études ont démontré que l'utilisation d'une seule source de données administratives n'était pas assez précise pour la surveillance des IASS, par rapport à la surveillance active traditionnelle. Cependant, la combinaison de différentes sources de données ou la combinaison de données administratives et de données issues de la surveillance active en améliore la précision. Les systèmes de surveillance électronique peuvent également renforcer la surveillance en augmentant la capacité à détecter les IASS potentielles.

Conclusion : Bien que la surveillance active des IASS ait produit les résultats les plus précis et demeure la norme d'excellence en la matière, l'intégration des données issues de la surveillance active et passive peut être optimisée. Les données administratives peuvent être utilisées pour renforcer la surveillance active traditionnelle. De futures études sont nécessaires pour évaluer la faisabilité et les avantages des solutions potentielles proposées pour l'utilisation des données administratives pour la surveillance et la déclaration des IASS au Canada.

Citation proposée : Boulanger V, Poirier E, MacLaurin A, Quach C. Divergences entre les données administratives sur les infections associées aux soins de santé et les données issues de la surveillance active au Canada. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2022;48(1):4–18.

<https://doi.org/10.14745/ccdr.v48i01a02f>

Mots-clés : surveillance, infection associée aux soins de santé, données administratives

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



Affiliations

¹ Département de microbiologie, infectiologie et immunologie, Faculté de médecine, Université de Montréal, Montréal, QC

² Centre de recherche du CHU Sainte-Justine, Montréal, QC

³ Excellence en santé Canada

⁴ Département de médecine de laboratoire pédiatrique, CHU Sainte-Justine, Montréal, QC

⁵ Prévention et contrôle des infections, CHU Sainte-Justine, Montréal, QC

*Correspondance :

c.quach@umontreal.ca



Introduction

Chaque année, de nombreux Canadiens contractent une infection au cours d'un séjour à l'hôpital, ce qui augmente les taux de morbidité et de mortalité, en plus de représenter un coût financier pour le système de santé (1). Ces IASS sont évitables, mesurables et constituent l'événement indésirable le plus fréquemment signalé dans le domaine des soins de santé à l'échelle internationale. Chaque année, on estime que 220 000 patients canadiens développent une IASS (2). De nombreuses IASS sont désormais causées par des organismes résistants aux antimicrobiens, ce qui les rend difficiles à traiter. L'Agence de la santé publique du Canada (l'Agence) estime qu'environ 2 % des patients admis dans les grands hôpitaux universitaires canadiens contracteront une infection par un organisme résistants aux antimicrobiens pendant leur séjour à l'hôpital (3). La surveillance, qui inclut le suivi et le signalement des IASS, est une composante essentielle de la prévention et du contrôle des infections, et elle doit être renforcée à l'échelle nationale. Bien que la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) ne soit pas à l'origine une IASS, la pandémie actuelle a révélé à quel point il est crucial de disposer de données fiables et cohérentes afin de répondre adéquatement à l'infection. Lorsqu'on lui a demandé de fournir des projections concernant l'évolution du virus de la COVID-19, le premier ministre Trudeau a déclaré que [traduction] « ...l'incohérence des données provenant de l'ensemble du Canada explique en partie le retard accusé pour offrir une vue d'ensemble de la situation au pays » (4).

Au Canada, l'Agence recueille des données nationales sur de multiples IASS par l'intermédiaire du Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales (PCSIN), un programme établi en 1994 sous forme de partenariat entre l'Agence, l'Association pour la microbiologie médicale et l'infectiologie du Canada et certains hôpitaux sentinelles de partout au Canada (5). Les objectifs du PCSIN sont de fournir des points de référence à l'échelle nationale et régionale, d'identifier les tendances pour certaines IASS et certains organismes résistants aux antimicrobiens, ainsi que de fournir des informations clés pour l'élaboration de programmes et de politiques de prévention et de contrôle des infections, tant au niveau fédéral, provincial et territorial (5). Actuellement, le réseau du PCSIN comprend 87 hôpitaux sentinelles de soins de courte durée, situés dans dix provinces et un territoire. L'objectif du réseau est de faire en sorte que tous les hôpitaux canadiens de soins de courte durée adoptent les définitions des IASS formulées à des fins de surveillance par le PCSIN et contribuent à fournir des données au système de surveillance national (2). Malgré l'ambition existante d'étendre le programme de surveillance, le PCSIN est limité par 1) la capacité de financement, 2) le manque de ressources humaines disponibles pour participer à la surveillance nationale (2) et 3) parce que la plupart des hôpitaux font déjà rapport auprès de leur gouvernement provincial et ne tiennent pas à soumettre les données deux fois. Par conséquent, les taux d'IASS présentés dans le cadre du PCSIN peuvent ne pas

donner une image juste et complète de la situation; de plus, certains segments de la population hospitalière canadienne sont sous-représentés, par exemple les petits hôpitaux communautaires (6).

Les statistiques nationales de l'Agence sur les IASS ne comprennent que les données des hôpitaux qui participent au PCSIN, car ils suivent tous des définitions de cas, des méthodes et des rapports de cas normalisés. À l'heure actuelle, les taux d'IASS déclarés par les provinces et les territoires ou affichés par les hôpitaux individuels ne peuvent être combinés, car les définitions de cas, les méthodes de collecte de données et le calcul des taux varient d'un hôpital à l'autre et entre les provinces et les territoires (2). La surveillance active est effectuée par les praticiens de la prévention et du contrôle des infections (PCI) et chaque province, territoire, région administrative ou hôpital peut établir ses propres protocoles de surveillance en fonction de l'épidémiologie et des ressources locales, ce qui rend difficile l'évaluation des efforts déployés pour l'amélioration du système et la comparaison des taux d'IASS dans les différents hôpitaux canadiens (7).

D'autre part, le Canada dispose d'une multitude de données administratives sur la santé, notamment les registres d'assurance, les soins donnés aux patients hospitaliers, les statistiques de l'état civil, les ordonnances de médicaments et les systèmes de dossiers médicaux électroniques (8). L'exploration du potentiel d'intégration de ces divers ensembles de données administratives sur la santé pourrait fournir un portrait plus fidèle des IASS au Canada.

La base de données sur les congés des patients (BDGP), hébergée à l'Institut canadien d'information sur la santé (ICIS), rassemble des renseignements démographiques et cliniques provenant des sommaires d'hospitalisation des patients de tous les établissements de soins de courte durée au Canada, sauf ceux du Québec (le Québec a sa propre base de données sur les congés des patients – *Maintenance et exploitation des données pour l'étude de la clientèle hospitalière (MED-ÉCHO)* – qui relève de la base de données sur la morbidité hospitalière de l'ICIS) (9). Les informations de chacun des hôpitaux sont saisies dans la base de données par des professionnels du codage et sont utilisées par l'ICIS pour produire des données et des rapports analytiques. Le programme de qualité des données et de l'information de l'ICIS est reconnu à l'échelle internationale pour son exhaustivité et ses normes élevées (10). Cependant, les sommaires d'hospitalisation ne sont pas standardisés à l'échelle nationale et reflètent seulement ce qui est inscrit dans le sommaire par le médecin traitant. L'ICIS pourrait toutefois devenir un partenaire potentiel pour soutenir la collecte de données et la déclaration des IASS dans les hôpitaux offrant des soins de courte durée. Nous avons réalisé un examen de la portée dans le but d'identifier les lacunes existantes entre les données administratives et les données issues de la surveillance active pour les IASS, ainsi que pour proposer des stratégies



d'intégration qui pourraient possiblement permettre d'optimiser les données.

Méthodes

Question de recherche

La question au centre de notre recherche était la suivante : « Quelles sont les divergences entre les données administratives sur les IASS et les données issues de la surveillance active au Canada? ». Les sous-questions qui se posaient dans le cadre de notre recherche étaient : Les données administratives sont-elles valables pour la surveillance des IASS? Pour chaque type d'IASS, quelles sont les divergences entre les données administratives et les données de surveillance des hôpitaux? Nous avons réalisé cet examen de la portée en nous conformant aux lignes directrices de l'extension PRISMA pour les examens de la portée (PRISMA ScR) (11).

Aux fins de cet examen de la portée, les IASS comprennent les infections à *Clostridioides difficile* (*C. difficile*; ICD), les infections du système sanguin associées aux cathéters centraux, les infections des voies urinaires associées aux cathéters ou les infections des voies urinaires, les *Staphylococcus aureus* résistants à la méthicilline (SARM), les entérocoques résistants à la vancomycine, les entérobactériacées résistantes aux carbapénèmes, les organismes résistants aux antimicrobiens, les infections du sang, les infections du site opératoire (ISO) et les pneumonies associées à la ventilation assistée.

Littérature pertinente

Nous avons effectué une recherche qui a été développée en collaboration avec une bibliothécaire spécialisée en recherche médicale. Les critères d'inclusion visaient les articles évaluant la surveillance passive des IASS (variées ou spécifiques) au Canada. Nous avons inclus à notre recherche les articles (études qualitatives, quantitatives et à méthodes mixtes) ayant été publiés au Canada entre 1995 et le 2 novembre 2020. La stratégie de recherche incluait des termes relatifs au lieu (Canada), à la surveillance, à la source des données et aux IASS. En outre, nous avons effectué une deuxième recherche avec les mêmes termes (à l'exception des termes relatifs au lieu), en incluant uniquement les revues systématiques.

Un premier processus de sélection a été effectué pour identifier les bases de données contenant des études pertinentes; trois bases de données électroniques ont été consultées : MEDLINE, EMBASE et Cumulative Index to Nursing and Allied Health Literature. Elles ont été consultées en anglais et en français, sans restriction de date. Les stratégies de recherche ont été créées sur MEDLINE, puis adaptées pour les autres bases de données (**données supplémentaires S1**). Après avoir éliminé les doublons, deux examinateurs ont indépendamment examiné les articles de référence pour les filtrer en fonction du titre et

du résumé. Les articles sélectionnés ont ensuite été étudiés pour leur admissibilité au niveau du texte intégral. Le premier examinateur a également effectué une recherche manuelle dans la littérature grise et a dépouillé la liste de référence de toutes les études identifiées, de façon à cibler tous les articles qui n'avaient pas été initialement repérés par la recherche électronique. Les différends entre examinateurs ont été résolus par la discussion jusqu'à ce qu'un consensus soit atteint.

Extraction des données et évaluation de la qualité

Un fichier de données électronique a été développé avec DistillerSR (Evidence Partners, Ottawa, Canada) pour cet examen de la portée. Les données suivantes ont été extraites de chaque article : renseignements généraux, détails de l'étude, types d'IASS et type de surveillance, source des données, résultats.

Les deux examinateurs ont évalué le risque de biais pour chacune des études ainsi que leur qualité, en utilisant l'outil ROBINS-I pour les études non randomisées (12), et l'outil AMSTAR-2 pour les revues systématiques (13). Dans l'ensemble, les études ont été classées comme présentant un risque de biais faible, modéré ou élevé. Tout désaccord ou toute contradiction entre les examinateurs a été résolu par la discussion. La collecte complète des données et les éléments d'évaluation de la qualité sont présentés dans les **données supplémentaires S2**.

Analyse des données

Une approche qualitative descriptive a été choisie pour synthétiser les données recueillies. Les caractéristiques des principales études, le sommaire des statistiques de performance et les résultats d'évaluation de la qualité ont été résumés dans des tableaux. Nous avons présenté un sommaire des résultats pour chaque étude, en les regroupant par catégorie selon le type de données administratives utilisées et la portée de l'étude. Nous nous sommes concentrés sur la manière dont les données administratives ont été utilisées pour la surveillance des IASS, sur la divergence des résultats avec ceux issus de la surveillance traditionnelle et sur le fait que les auteurs recommandent ou non d'utiliser les données administratives pour optimiser la surveillance. Une synthèse des revues systématiques a également été présentée, les études ayant été classées comme évaluant la validité des données administratives, ou évaluant la validité des systèmes de surveillance électroniques.

Résultats

Au total, 1 316 études ont été ciblées par la recherche électronique, et 12 lors de la recherche manuelle. Après avoir éliminé les doublons, 1 102 études restaient, dont 104 ont été sélectionnées pour un examen du texte intégral. Finalement, 16 études identifiées à partir de la recherche électronique ont



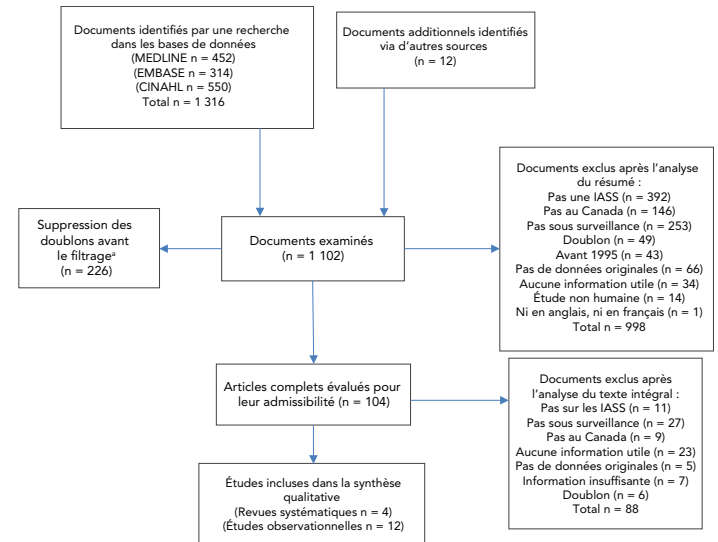
été incluses dans l'examen de la portée; douze étant des études observationnelles (14–25), et quatre des revues systématiques (26–29) (figure 1).

Caractéristiques de l'étude

Sur les 12 études observationnelles incluses, six portaient sur les ISO, trois sur les ICD, deux sur le SARM et une sur les infections du sang. Ces études ont toutes été réalisées entre 2009 et 2020, et huit d'entre elles proviennent de l'Alberta. Les données administratives étaient comparées avec les données de surveillance des hôpitaux dans sept études, et le couplage des données était utilisé pour sept autres. La BDCP a été utilisée comme source de données administratives (seule ou combinée à d'autres sources) dans toutes les études. Les principales caractéristiques de toutes les études incluses sont résumées dans le tableau 1.

Quatre revues systématiques ont également été incluses : trois sur l'utilisation du système de surveillance électronique (SSE), et une sur l'utilisation des données administratives pour la

Figure 1 : Diagramme illustrant la sélection des études



Abréviations : CINAHL, Cumulative Index to Nursing and Allied Health Literature; IASS, infections associées aux soins de santé
* Utilisation du logiciel EndNote X9.1.1

Tableau 1 : Études observationnelles—Caractéristiques de l'étude

Auteur principal, année	Conception de l'étude	Population étudiée et taille de l'échantillon (n =)	Source de données administratives	Condition(s)	Province(s)	Risque de biais
Crocker, 2020	Étude de cohorte	Tous les cas index de laminectomie et de fusion vertébrale en Alberta, de 2008 à 2015 (n = 21 222)	BDCP + SNISA ^a	Infection du site opératoire	Alberta	Faible
Ramirez-Mendoza, 2016	Étude de cohorte	Tous les patients en soins de courte durée en Alberta et en Ontario, d'avril 2012 à mars 2013 (n = 217) ^b	BDCP ^a	<i>Staphylococcus aureus</i> résistant à la méthicilline	Alberta et Ontario	Faible
Pfister, 2020	Étude de cohorte	Tous les patients en soins de courte durée en Alberta, d'avril 2015 à mars 2019 (PCI n = 9 557, BDCP n = 8 617)	BDCP ^a	<i>Clostridioides difficile</i>	Alberta	Faible
Rennert-May, 2018	Étude de cohorte	Tous les cas d'arthroplastie primaire de la hanche ou du genou en Alberta, d'avril 2012 à mars 2015 (n = 24 512)	BDCP ^a	Infection du site opératoire	Alberta	Faible
Almond, 2019	Étude de cohorte	Tous les patients en soins de courte durée en Alberta, d'avril 2015 à mars 2017 (n = 4 737)	BDCP + données de laboratoire ^a	<i>Clostridioides difficile</i>	Alberta	Faible
Rusk, 2016	Étude de cohorte	Tous les cas d'arthroplastie primaire de la hanche ou du genou en Alberta, d'avril 2013 à juin 2014 (n = 11 774)	BDCP + SNISA ^a	Infection du site opératoire	Alberta	Faible
Daneman, 2011	Étude de cohorte	Tous les cas d'accouchement par césarienne au Sunnybrook Health Science Centre, de janvier 2008 à décembre 2009 (n = 2 532)	BDCP + SNISA + déclarations des médecins ^a	Infection du site opératoire	Ontario	Faible
Lethbridge, 2019	Étude de cohorte	Tous les cas de chirurgie de remplacement de la hanche ou du genou en Nouvelle-Écosse, de 2001 à 2015 (n = 36 140)	BDCP + SNISA + déclarations des médecins	Infection du site opératoire	Nouvelle-Écosse	Faible
Leal, 2010	Étude de cohorte	Tous les patients adultes de la région sanitaire de Calgary en 2005 (échantillon de n = 2 281)	Laboratoire PathNet, de Cerner + Oracle ^c	Infection du sang	Alberta	Faible
Lee, 2019	Étude de cohorte	Tous les patients adultes de quatre établissements de soins de courte durée pour adultes de la région de Calgary, d'avril 2011 à mars 2017 (n = 2 430)	BDCP	<i>Staphylococcus aureus</i> résistant à la méthicilline	Alberta	Faible

**Tableau 1 : Études observationnelles—Caractéristiques de l'étude (suite)**

Auteur principal, année	Conception de l'étude	Population étudiée et taille de l'échantillon (n =)	Source de données administratives	Condition(s)	Province(s)	Risque de biais
Daneman, 2009	Étude de cohorte	Tous les patients âgés hospitalisés pour une chirurgie non urgente en Ontario, d'avril 1992 à mars 2006 (n = 469 349)	BDCP + Régime d'assurance-maladie de l'Ontario + Base de données du Programme de médicaments de l'Ontario	Infection du site opératoire	Ontario	Faible
Daneman, 2012	Étude de cohorte	Tous les patients (âgés de plus d'un an) admis dans un hôpital de soins de courte durée en Ontario entre avril 2002 et mars 2010 (n = 180) ^b	BDCP ^a	<i>Clostridioides difficile</i>	Ontario	Faible

Abréviations : BDCP, base de données sur les congés des patients; PCI, prévention et contrôle des infections; SNISA, Système national d'information sur les soins ambulatoires

^a Par rapport aux données issues de la surveillance active

^b Nombre d'hôpitaux

^c Système de base de données Oracle du dépôt régional

surveillance des IASS. Toutes les revues comprenaient au moins un article provenant du Canada. Les caractéristiques de chaque étude sont résumées dans le **tableau 2**.

Risque de biais au sein de l'étude

Le risque de biais dans les études observationnelles a été évalué à l'aide de l'outil ROBIN-1 (tableau 1). La plupart de ces études utilisaient une méthodologie similaire, mais ne fournissaient pas d'informations sur les données manquantes

(**tableau supplémentaire S3**). Cependant, toutes ces études ont été évaluées comme présentant un faible risque de biais.

Les revues systématiques ont été évaluées à l'aide de l'outil AMSTAR-2 (tableau 2, **tableau supplémentaire S4**). Un seul article a été considéré comme présentant un risque modéré de biais, car il ne faisait pas état du protocole utilisé et ne décrivait pas les études incluses de manière suffisamment détaillée. Trois articles ont été considérés comme présentant un risque élevé

Tableau 2 : Revue systématique—Caractéristiques des études

Auteur principal, année	Nombre d'études incluses, année	Objectif	Bases de données	Conclusion	Autres renseignements	Risque de biais
Van Mourik, 2015	57 études, de 1995 à 2013	Exactitude des données administratives utilisées pour la surveillance des IASS	Medline, Embase, CINAHL, Cochrane	Les données administratives avaient une précision limitée et très variable	1 étude sur 3 parmi celles incluses présentaient des limites méthodologiques importantes	Modéré
Leal, 2008	24 études, de 1980 à 2007	Identifier et examiner la littérature publiée visant à évaluer la validité du SSE par rapport à la surveillance conventionnelle	Medline	La surveillance électronique a une utilité notable par rapport à la surveillance conventionnelle	Aucune évaluation de la qualité des études incluses	Élevé
Freeman, 2013	24 études, de 2000 à 2011	Évaluer l'utilité du SSE pour la surveillance et la détection des IASS	Medline, Cochrane, Ovid, Embase, Web of science, Scopus, JSTOR, Wiley Online Library, BIOSIS Preview	Les hôpitaux doivent développer et utiliser des SSE pour les IASS	La majorité des études insistent sur le couplage des bases de données électroniques	Élevé
Streefkerk, 2020	78 études, jusqu'en janvier 2018	Donner un aperçu de l'état actuel des SSE, en évaluant les performances et la qualité	Embase, Medline, Cochrane, Web of Science, Scopus, CINAHL, Google Scholar	Avec une sensibilité généralement élevée mais une spécificité variable, les SSE n'ont pas encore atteint leur plein potentiel et doivent être perfectionnés	Les auteurs ont sélectionné les 10 meilleures études pouvant constituer une référence pour le développement des SSE	Élevé

Abréviations : CINAHL, Cumulative Index to Nursing and Allied Health Literature; IASS, infections associées aux soins de santé; SSE, système de surveillance électronique



de biais, parce que certains ne faisaient pas état du protocole utilisé, ou de l'évaluation du risque de biais, de la qualité ou de l'hétérogénéité des études incluses.

Résumé des conclusions

Études utilisant une base de données administrative en comparaison avec les données issues de la surveillance active

Des études de validation ont montré que la BDCP utilisée seule pour collecter les cas d'IASS n'est pas valide par rapport à la surveillance active traditionnelle des hôpitaux par les équipes de

PCI. Par exemple, Rennert-May et al. (17) ont évalué la validité de l'utilisation de la base de données administrative des codes CIM-10 (BDCP) pour identifier les ISO complexes dans les trois mois suivant une arthroplastie de la hanche ou du genou. L'étude a révélé que les codes CIM de la BDCP étaient très spécifiques (99,5 %) mais avaient une sensibilité de 85,3 % et une valeur prédictive positive de seulement 63,6 %. Ils ont conclu que la BDCP n'était pas en mesure de déterminer avec précision si une personne avait une ISO selon la définition donnée pour la surveillance (**tableau 3**). Pfister et al. (15) sont arrivés à la même conclusion avec une étude de validation sur la BDCP collectant les cas d'ICD. Le taux d'ICD de la BDCP était de 28 % plus élevé que celui déterminé par la surveillance de PCI, ce qui démontre que l'utilisation de la BDCP semble inadéquate pour obtenir le

Tableau 3 : Études observationnelles—Résumé des statistiques de performance

Auteur principal, année	Comparateur	Résultats						Conclusion
		Taux d'infection	VP, FP, FN, VN, Total	Sensibilité	Spécificité	Valeur prédictive positive	Valeur prédictive négative	
Crocker, 2020	BDCP + SNISA comparées avec les données de surveillance traditionnelles publiées	2,7 pour 100 procédures de laminectomie 3,2 pour 100 procédures de fusion vertébrale	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	Le taux rapporté par les données administratives était similaire au taux publié apporté par la surveillance traditionnelle Nécessité d'une étude de validation pour vérifier les résultats
Ramirez-Mendoza, 2016	Comparaison entre la BDCP et les données de PCI	Alberta (cas pour 10 000 jours-patients) BDCP : 0,43 PCI : 0,91 Ontario (cas pour 10 000 jours-patients) BDCP : 0,25 PCI : 0,21	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	L'utilisation de la corrélation de Pearson a permis de démontrer la comparabilité des données administratives et des données de surveillance de PCI
Pfister, 2020	Comparaison entre la BDCP et les données de PCI	BDCP : 6,49 pour 1 000 admissions PCI : 5,06 pour 1 000 admissions	5 477 VP 1 400 FP 968 FN 344 TN Total 8 169	85 %	s.o.	80 %	s.o.	La BDCP était modérément sensible, mais probablement inadéquate pour obtenir l'incidence réelle
Rennert-May, 2018	Comparaison entre la BDCP et les données de PCI	s.o.	220 VP 126 FP 38 FN 24 128 VN Total 24 512	85,3 %	99,5%	63,6%	99,8%	Les données administratives présentaient des résultats raisonnables, mais la surveillance de PCI était supérieure
Almond, 2019	BDCP + données de laboratoire comparées avec les données de PCI	BDCP/lab (par 10 000 jours-patients) 4,96 pour les IASS PCI (pour 10 000 jours-patients) 3,46 pour les IASS	1 998 VP 690 FP 71 FN 1 320 VN Total 4 079	96,6 %	65,7%	74,3%	94,9%	La méthode de surveillance en laboratoire s'est avérée très sensible, mais peu spécifique



Tableau 3 : Études observationnelles—Résumé des statistiques de performance (suite)

Auteur principal, année	Comparateur	Résultats						Conclusion
		Taux d'infection	VP, FP, FN, VN, Total	Sensibilité	Spécificité	Valeur prédictive positive	Valeur prédictive négative	
Rusk, 2016	BDCP + SNISA + PCI, comparées avec les données de PCI seules	BDCP/SNISA/PCI : 1,7 pour 100 procédures PCI : 1,3 pour 100 procédures	s.o.	89,9 %	99 %	s.o.	s.o.	L'examen des dossiers médicaux pour les cas identifiés grâce aux données administratives a été une stratégie efficace pour optimiser la surveillance de PCI
Daneman, 2011	BDCP + SNISA + déclarations des médecins comparées avec les données de PCI	s.o.	s.o.	77,3 %	87 %	17,4 %	99,1 %	Les données administratives avaient une sensibilité et une valeur prédictive positive faibles et étaient inadéquates en tant qu'indicateur de qualité
Lethbridge, 2019	BDCP ou SNISA comparées à BDCP + SNISA + base de données des déclarations des médecins	Différence de 0,44 entre la BDCP ou le SNISA seul et toutes les données mises ensemble	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	Les taux ont été sous-estimés en utilisant des données administratives de source unique

Abréviations : BDCP, Base de données sur les congés des patients; FN, faux négatif; FP, faux positif; IASS, infections associées aux soins de santé; PCI, Prévention et contrôle des infections; SNISA, Système national d'information sur les soins ambulatoires; s.o., sans objet; VN, vrai négatif; VP, vrai positif

véritable taux d'incidence des infections. Les résultats montrent que la BDCP inclut les ICD récurrentes et ne peut pas distinguer les cas symptomatiques des asymptomatiques. En fait, la BDCP n'avait qu'une sensibilité modérée de 85 % et une valeur prédictive positive de 80 % (tableau 3).

D'autre part, Daneman *et al.* ont déterminé si la déclaration publique obligatoire par les hôpitaux était associée à une réduction des taux d'ICD dans les hôpitaux de l'Ontario (23). Outre l'analyse principale, ils ont procédé à une validation croisée des taux d'ICD provenant des données administratives par rapport aux taux déclarés par les établissements individuels via le système de déclaration publique obligatoire. En utilisant des coefficients de corrélation de Pearson pondérés en fonction des jours d'hospitalisation, ils ont pu constater une excellente concordance entre les institutions (23).

Le même coefficient a été utilisé dans l'étude de Ramirez Mendoza *et al.*, (18) qui ont comparé la BDCP avec les données de surveillance relatives aux SARM contractés dans les hôpitaux en Alberta et en Ontario. Les résultats ont montré une forte corrélation entre les données de surveillance de la BDCP et de PCI. L'étude a conclu qu'il y avait là une preuve notable de comparabilité entre ces ensembles de données. Cependant, les taux ou les dénominateurs divergeaient largement entre les données administratives et les données issues de la surveillance active (tableau 3). Certains auteurs n'étaient pas d'accord avec la méthodologie ou la conclusion de l'étude. Notamment, ils étaient en désaccord avec choix de la corrélation de Pearson utilisant des données au niveau de l'hôpital, et avec la conclusion tenant compte de la différence de taux ou de dénominateurs

entre les données administratives et les données issues de la surveillance (30).

Études combinant plusieurs bases de données administratives

Les résultats démontrent que la combinaison des bases de données augmente la précision, sans toutefois atteindre le niveau de précision de la surveillance active traditionnelle. Lethbridge *et al.* (24) ont combiné plusieurs types de données administratives et les ont comparées à une source unique de données administratives pour cibler les ISO après une arthroplastie de la hanche et du genou en Nouvelle-Écosse. Utilisés seuls, la BDCP et le Système national d'information sur les soins ambulatoires (SNISA) présentaient des taux plus élevés que la base de données des déclarations des médecins, mais sous-estimaient le taux d'infection avec une variation de pourcentage de 44 % par rapport à la combinaison des trois bases de données. Cela implique qu'environ 17 % des cas d'infection auraient été omis si la BDCP ou le SNISA avaient été utilisés seuls. Les auteurs ont conclu que la combinaison des bases de données optimiserait la surveillance des ISO.

Daneman *et al.* (20) ont évalué la précision de la BDCP, du SNISA et de la base de données des déclarations des médecins par rapport à celle de la surveillance traditionnelle pour la détection des ISO liées à une césarienne survenue en Ontario dans les 30 jours suivant l'intervention chirurgicale. Ils ont établi la sensibilité à seulement 16,7 % pour la BDCP utilisée seule, à 37,9 % pour la BDCP combinée au SNISA et à 77,3 % pour la BDCP combinée au SNISA et à la base de données des



déclarations des médecins. Toutes les bases de données ont révélé une spécificité élevée (87 %–98,3 %), mais une valeur prédictive positive très faible (17,4 %–27,4 %) (tableau 3). Les auteurs ont recommandé que les données administratives ne soient pas utilisées comme indicateur de qualité pour la comparaison interhospitalière.

En revanche, Crocker *et al.* (14) ont comparé les taux d'infection calculés à l'aide d'une combinaison de la BDCP et du SNISA afin de cibler les interventions sur les vertèbres et les ISO. Ils ont démontré que ces taux étaient comparables aux taux d'ISO postopératoires publiés qui ont été recueillis grâce à la surveillance traditionnelle (tableau 3). Cependant, la validité des résultats n'a pas été vérifiée dans cette étude.

Études combinant une base de données administrative et une base de données de laboratoire

Des études ont démontré que les dossiers de laboratoire pouvaient être utilisés pour améliorer les données administratives. Par exemple, Almond *et al.* (25) ont évalué la validité d'une méthode de surveillance en laboratoire pour identifier les ICD acquises en milieu hospitalier (ICDAH). Les données de laboratoire seules peuvent entraîner une surestimation des taux d'ICD, un résultat de laboratoire positif ne répondant pas nécessairement aux définitions de cas des ICD acquises en milieu hospitalier (e.g. colonisation asymptomatique, ICD récurrente). Cependant, cette étude a permis d'évaluer la possibilité de lier les résultats d'ICD positifs des laboratoires aux données de la BDCP. L'étude a démontré une sensibilité très élevée, mais une spécificité de 65,7 % et une valeur prédictive positive de 74,3 % (tableau 3). Ces résultats indiquent que 26 % des cas classés comme IASS n'étaient pas de véritables cas d'IASS, ce qui signifie qu'un taux plus élevé est observé avec cette méthode. En outre, les auteurs ont effectué une analyse de la fonction d'efficacité du récepteur (courbe ROC) pour déterminer si l'utilisation d'un temps entre l'admission et le prélèvement de ≥ 4 jours était l'algorithme approprié pour classer les cas d'IASS dans l'ensemble des données de laboratoire. L'analyse ROC a indiqué que davantage de cas étaient classés correctement cinq jours après l'admission. Par conséquent, une simple modification dans la définition de cas des ICD classés en tant que IASS pourrait améliorer la spécificité tout en ayant peu d'effet sur la sensibilité.

Une autre étude, celle de Leal *et al.*, est allée plus loin en développant un système de surveillance électronique (SSE) pour le suivi des infections du sang en reliant les bases de données administratives et de laboratoire (21). Le SSE comprend des définitions pour classer les infections du sang et leur lieu de transmission : infection nosocomiale, infection nosocomiale – communautaire ou infection communautaire. L'examen des dossiers par le SSE a été comparé à l'examen manuel des dossiers effectué par un assistant de recherche et un médecin

spécialiste des maladies infectieuses. L'examen manuel et le SSE ont permis d'identifier 329 et 327 occurrences d'infections du sang, respectivement. Les auteurs ont constaté une grande concordance du lieu de transmission de l'infection (Kappa = 0,78) et ils ont pu ajouter des précisions aux définitions après une révision ultérieure. Les données de surveillance obtenues par le SSE ont permis d'identifier et de classer les infections du sang avec un degré de concordance élevé avec l'examen manuel des dossiers.

Études utilisant des données administratives pour optimiser la surveillance active

Des études ont montré que les données administratives peuvent être utilisées pour optimiser la surveillance de la PCI. Lee *et al.* (16) ont évalué les avantages d'établir un lien entre les données représentatives de la surveillance de PCI et la BDCP pour les cas de SARM acquis à l'hôpital et dans la communauté en Alberta. Cela a permis aux équipes de surveillance de PCI de disposer d'informations plus pertinentes en temps voulu. Les auteurs ont pu relier avec succès 94,6 % de l'ensemble des dossiers de surveillance et identifier les principales différences entre les patients atteints de SARM acquis à l'hôpital et de SARM acquis dans la communauté, ce qui démontre que les données administratives peuvent être utilisées pour optimiser la surveillance des hôpitaux.

Par l'intermédiaire d'une étude de cohorte rétrospective, Rusk *et al.* (19) ont évalué une nouvelle stratégie pour améliorer la surveillance traditionnelle de PCI en utilisant des données administratives pour déclencher l'examen des dossiers médicaux. Les patients admissibles suivis par l'équipe de PCI ont été associés à la BDCP et au SNISA, et ces bases de données administratives ont fourni les codes de diagnostic et de procédure pour chaque visite ou réadmission. La stratégie visant l'utilisation des données administratives a permis de repérer 87 % des cas identifiés grâce à la surveillance de PCI, avec une sensibilité de 90 % et une spécificité de 99 %. Cela a confirmé que l'examen des dossiers médicaux déclenché grâce aux données administratives est une stratégie efficace pour optimiser la surveillance des ISO.

Étude visant à améliorer la comparaison des hôpitaux à l'aide de données administratives

Daneman *et al.* (22) ont démontré que les données administratives (BDCP + déclarations des médecins) peuvent être utilisées pour créer un indice de stratification du risque chirurgical modifié pour la surveillance des infections nosocomiales, comparable à celui utilisé pour la surveillance clinique. Cet indice a permis d'ajuster le taux d'infection établi lors de la comparaison avec d'autres établissements. L'étude conclut que les sources de données administratives comme les sources de données cliniques peuvent contribuer à la surveillance des infections, puisque les données administratives peuvent être



utilisées pour identifier les patients présentant des infections potentielles, ou pour permettre une meilleure détection des diagnostics après le congé du patient.

Revue systématique et données administratives

Une seule étude (26) a évalué la précision des données administratives pour la surveillance des IASS. Les autres faisaient l'examen d'articles sur les SSE en utilisant les dossiers médicaux électroniques pour la surveillance des IASS et en les comparant à la surveillance traditionnelle, tout en incluant de nombreux articles où une combinaison de données administratives et un SSE avait été utilisée (27–29). Les données administratives se sont avérées avoir une sensibilité et une valeur prédictive positive très hétérogènes, généralement de niveau faible à modeste, avec une précision particulièrement faible pour l'identification des IASS associées à des dispositifs (e.g. infections du système sanguin associées aux cathéters centraux, les infections des voies urinaires associées aux cathéters) (tableau 4) (26,28). En général, la précision très variable des données administratives était principalement due à la quantité de codes de diagnostic différents utilisés entre les études (26). Van Mourik *et al.* ont évalué l'exactitude des données administratives. Un tiers des études incluses dans la revue présentaient des limites méthodologiques importantes, et celles qui présentaient un risque de biais plus élevé étaient associées à un tableau plus optimiste que celles qui utilisaient

des méthodologies strictes (26). En revanche, Leal *et al.* ont constaté une bonne sensibilité et une excellente spécificité pour les données administratives (tableau 5) (29). Cependant, les populations et les méthodologies dans les différentes études étaient très hétérogènes, et la qualité des études n'a pas été évaluée. Les quatre revues ont montré que la combinaison des sources de données administratives avec d'autres sources de surveillance, en particulier avec des données de microbiologie, améliorait la précision. Des études ont également démontré que les données de microbiologie avaient une bonne sensibilité (28,29); cependant, Freeman *et al.* ont conclu que les SSE utilisant uniquement des données de microbiologie avaient tendance à surestimer les taux d'IASS (27). Streefkerk *et al.* (28) ont également constaté que les données de microbiologie combinées à la prescription d'antibiotiques et aux données de laboratoire (biochimie, hématologie, etc.) étaient plus précises que la microbiologie seule (tableau 5). Enfin, la plupart des études ont conclu que les données administratives étaient avantageuses pour suivre les IASS nécessitant une surveillance après le congé du patient (e.g. les ISO).

Revue systématique et système de surveillance électronique

Les résultats ont démontré que la surveillance électronique à l'aide d'algorithmes de détection des IASS à partir des dossiers médicaux électroniques n'avait pas encore atteint son plein potentiel, mais qu'elle présentait des possibilités intéressantes

Tableau 4 : Revue systématique—Résumé des statistiques de performance par type d'infection associée aux soins de santé

Auteur principal, année	Nombre d'articles inclus	Sensibilité (SE), Spécificité (SP), Valeur prédictive positive (VPP), Valeur prédictive négative (VPN)					Autres renseignements
		ISO	IS/ISSACC	ICD	Pneumonie/PAV	IVU/IVUAC	
Freeman, 2013	n = 44 (ISO = 6 IS = 11 IVU = 4 Pneumonie = 4 Autres = 8 IASS multiples = 12)	SE = 60 %–98 % SP = 91 %–99 %	SE = 72 %–100 % SP = 37 %–100 %	SE = 80 %–83 % SP = 99,9 %	SE = 71 %–99 % SP = 61 %–100 %	SE = 86 %–100 % SP = 59 %–100 %	Trois études ont utilisé des données provenant d'une seule source, 37 ont utilisé des données provenant de plusieurs sources, dont les laboratoires, et quatre ont utilisé des données provenant de plusieurs sources, excluant les laboratoires
Van Mourik, 2015	n = 57 (ISO = 34 IS = 24 Pneumonie = 14 IVU = 15 Autre = 7)	SE = 10 %–100 % VPP = 11 %–95 %	ISSACC - Sensibilité inférieure à 40 % pour toutes les études sauf une - SE plus élevé pour IS/sepsie	-	Pneumonie SE et PPV environ 40 % PAV SE = 37 %–72 % PPV = 12 %–57 %	SE inférieur à 60 % PPV inférieur à 25 % SE plus élevé en cas d'IVU qu'en cas d'IVUAC	Gain de sensibilité de près de 10 % en combinant les bases de données Les études présentant un risque de biais plus élevé étaient plus optimistes
Streefkerk, 2020	n = 78 (ISO = 29 IS = 33 Pneumonie = 16 IVU = 18)	SE = 0,02–1,0 SP = 0,59–1,0	SE = 0,32–1,0 SP = 0,37–1,0	-	SE = 0,33–1,0 SP = 0,58–1,0	SE = 0,02–1,0 SP = 0,59–1,0	La sensibilité était généralement élevée, mais la spécificité très variable

Abréviations : ICD, infection à *C. difficile*; IS, infection du sang; ISO, infection du site opératoire; ISSACC, infections du système sanguin associées aux cathéters centraux; IVU, infection des voies urinaires; IVUAC, infection des voies urinaires associée aux cathéters; PAV, pneumonie associée à la ventilation assistée; –, aucun résultat présenté dans cette étude



Tableau 5 : Revue systématique—Résumé des statistiques de performance par type de surveillance

Auteur principal, année	Nombre d'articles inclus	Sensibilité (SE), Spécificité (SP) (portée ou moyenne)						Autres renseignements
		Données administratives	laboratoire			Données administratives + données de laboratoire	Autre	
			Microbiologie	Microbiologie + prescription d'antibiotiques	Microbiologie + prescription d'antibiotiques + chimie			
Streefkerk, 2020	n = 78 (DA = 7, L = 61, A = 10)	SE = 30 % ^a SP = 94,5 % ^a	SE = 77 % SP = 92 %	SE = 92 % SP = 86 %	SE = 93 % SP = 94 %	-	SE = 86 % SP = 90 %	En général, la sensibilité des études utilisant des données de microbiologie est bonne
Leal, 2008	n = 24 (DA = 7, L = 6, DA + L = 6, A = 5)	SE = 59 %–96 % ^b SP = 95 %–99 % ^b	SE = 63 %–91 % SP = 87 %–99 %			SE = 71 %–95 % SP = 47 %–99 %	-	L'association DA + L a donné lieu à une SE plus élevée, mais à une SP plus faible que pour l'une et l'autre des sources lorsqu'utilisée seule

Abbreviations : A, autre; DA, étude de données administratives; L, étude de données de laboratoire; –, aucun résultat présenté dans cette étude

^a Codage de la classification internationale des maladies (CIM) uniquement

^b Codage de la classification internationale des maladies (CIM) + pharmacie + bases de données des déclarations des médecins

et un bon potentiel. La plupart des études ont conclu que des SSE devraient être développés et utilisés dans les hôpitaux, tout en reconnaissant que ces méthodes peuvent réduire la charge associée à la surveillance manuelle traditionnelle (27–29). En fait, la sensibilité était généralement élevée et la spécificité variable pour la plupart des SSE, en comparaison avec la surveillance active traditionnelle (tableaux 4 et 5). Freeman *et al.* ont constaté que de nombreux algorithmes informatiques de surveillance électronique étaient plus performants que la méthode d'examen manuel des dossiers (27). La majorité des études de cette revue ont insisté sur le couplage des bases de données électroniques avec un système de surveillance « interne », plutôt qu'avec un logiciel commercial (27). Streefkerk *et al.* ont démontré que le meilleur SSE utilisait une procédure en deux étapes, soit la sélection des cas par le système, suivie d'une évaluation de confirmation des cas sélectionnés par l'équipe de PCI (28). Dans la même revue, sept études visaient à développer un SSE capable de détecter toutes les IASS, avec une sensibilité allant de 0,78 à 0,99. Leal *et al.* ont démontré que les SSE étaient potentiellement peu coûteux, efficaces et pouvaient atteindre une sensibilité de 100 % lorsque l'infection visée pouvait être définie par la présence d'une culture positive (29). Cependant, les SSE étaient moins efficaces lorsque l'infection ne pouvait être diagnostiquée que sur la base d'une évaluation clinique des symptômes, ou de tests autres qu'une culture microbiologique positive. En outre, la qualité des données et du couplage peut influencer la qualité du SSE (29). Freeman *et al.* ont également conclu que dans certaines études, l'absence de données cliniques dans un format électronique réduisait la capacité du SSE à détecter les IASS (27).

Analyse

Le Canada dispose de données administratives sur la santé d'une grande richesse, lesquelles sont recueillies au niveau provincial et

territorial auprès des diverses institutions composant le système de soins de santé. Cependant, ces données ne sont pas utilisées à leur plein potentiel et leur utilisation accrue pourrait améliorer les efforts de surveillance des IASS, en plus de réduire la charge de travail associée à la surveillance active traditionnelle. Cet examen de la portée a considéré l'utilisation et la validité des données administratives, utilisées seules ou combinées à d'autres sources de données, pour la surveillance des IASS au Canada. Dans l'ensemble, les études ont révélé que l'utilisation d'une seule source de données administratives pour la surveillance des IASS ne donne pas des résultats suffisamment précis par rapport à la surveillance active traditionnelle. Cependant, la combinaison de différentes sources de données permet d'accroître la précision. De plus, la combinaison des données administratives et de la surveillance active s'est avérée être une stratégie efficace pour optimiser la surveillance active et ainsi réduire la charge de travail des équipes de PCI.

Avantages et inconvénients des données administratives

Les données administratives ne sont pas collectées à des fins de surveillance. Cependant, elles présentent de nombreuses caractéristiques intéressantes qui en font une solution potentielle pour l'optimisation de la surveillance des IASS. Elles sont peu coûteuses, disponibles dans presque tous les établissements de santé, recueillies de manière cohérente, soumises à un contrôle de qualité et ne représentent pas une charge administrative supplémentaire pour les cliniciens ou les patients (31). Des couplages déterministes peuvent également être établis avec les bases de données qui recueillent les numéros d'assurance-maladie, puisque chaque Canadien possède un numéro unique.

En outre, de nombreuses études ont démontré que les données administratives sont avantageuses pour le suivi



des IASS nécessitant une surveillance après le congé du patient (19,20,22,26). Ceci est particulièrement important pour les infections telles que les ISO, dont la majorité se développe après que le patient ait quitté l'hôpital (19,32–34). Par exemple, dans l'étude de Rusk *et al.*, on mentionne que 96 % des cas d'ISO ont été identifiés après la sortie du patient de l'hôpital, et que 43 % des cas d'ISO confirmés ont été identifiés dans un établissement autre que celui où la procédure avait été effectuée (19). Ces résultats confirment que si la surveillance active des ISO est effectuée uniquement à l'hôpital où se déroule l'opération, la détection des ISO est limitée. Les pratiques exemplaires en matière de surveillance des infections associées aux soins de santé publiées par Santé publique Ontario indiquent que « jusqu'à présent, il n'existe aucune méthode généralement acceptée de surveillance d'après congé pour les ISO à l'extérieur du centre hospitalier [...] Pour détecter les ISO survenant après le congé, il est préférable que les professionnels en contrôle des infections conçoivent des méthodes novatrices qui n'empiètent pas sur le temps consacré aux autres composantes du système de surveillance » (35). Parmi les exemples de solutions proposées, citons l'utilisation de bases de données administratives et la détection électronique des symptômes et des signes d'infection dans les dossiers des patients après leur congé (35).

Obstacles à l'obtention de données administratives précises pour la surveillance des infections associées aux soins de santé au Canada

Au Canada, l'ICIS recueille des données cliniques par l'intermédiaire des bases de données clinico-administratives, qui se composent de deux bases de données distinctes : La Base de données sur la morbidité hospitalière, générée à partir de la BDCP, et le SNISA (36). À l'heure actuelle, l'ICIS rapporte publiquement certaines IASS, comme les sepsies contractées à l'hôpital, les infections des voies urinaires et les organismes résistants aux antimicrobiens, la plupart au niveau national seulement, à l'aide des données recueillies grâce à la BDCP. L'ICIS dispose d'un programme complet d'assurance de la qualité des données. Tous les problèmes de qualité connus sont traités par le fournisseur de données, ou consignés dans la documentation spécifique aux limites des données mise à la disposition de tous les utilisateurs (36). Cependant, il reste de nombreux obstacles à surmonter avant de pouvoir produire des données administratives précises pour la surveillance des IASS. Les études confirment que le manque de précision est une limite importante à l'utilisation des données administratives comme indicateur de la qualité pour la comparaison des hôpitaux. Par exemple, la variabilité de la pratique médicale, la documentation et le codage relatifs aux sommaires d'hospitalisation entre les établissements, l'interprétation faite par les professionnels du codage médical, le fait que la collecte des données repose sur les prestataires de soins primaires et que les informations sont basées sur leur capacité à détecter et à signaler une IASS (erreurs

possibles de classification, erreurs humaines) (15,19,37,38). L'information est principalement limitée par le contenu du dossier médical et dépend principalement de la consignation adéquate des renseignements par le clinicien.

Par exemple, la transmission à la base de données BDCP exige que le médecin remplisse de manière adéquate le sommaire d'hospitalisation du patient en y incluant les IASS, si elles sont connues. Les IASS ne sont généralement pas détectées en temps réel et risquent d'être évaluées de façon différente par un clinicien et par l'équipe de prévention et de contrôle des infections, étant donné que cette dernière suit des définitions standardisées. Un spécialiste du codage professionnel du service des dossiers médicaux traduit ensuite les sommaires d'hospitalisation en codes standard. Dans le cadre d'une étude menée en 2015–2016 en Alberta, des professionnels du codage ont été interrogés au sujet des obstacles qui nuisent à la production de données administratives de haute qualité et qui sont le fait des médecins (39). Ces obstacles englobent une consignation incomplète et non spécifique des renseignements de la part des médecins, l'utilisation d'une terminologie différente par les médecins et par les codeurs (e.g. le diagnostic du médecin ne figure pas dans la liste de la CIM-10), le manque de communication entre les codeurs et les médecins (principalement en milieu urbain) et le fait que les codeurs soient limités dans leur capacité à compléter, modifier ou interpréter les informations consignées par le médecin. Enfin, les codeurs ne sont pas autorisés à utiliser des documents justificatifs qui pourraient accroître la spécificité des codes de diagnostic (e.g. rapports de laboratoire) (39). En fait, un obstacle de taille pour l'ICIS est que la consignation des informations par le médecin a généralement priorité sur toute autre documentation, même si les rapports de laboratoire ou d'autres documents indiquent un diagnostic différent. Pourtant, de nombreuses études démontrent que les données de laboratoire pourraient être utilisées pour améliorer les données administratives (13,21,29,37). Ainsi, permettre aux codeurs d'utiliser les données de laboratoire pourrait être une solution envisageable pour améliorer la précision du codage.

Intégration des données administratives dans la surveillance effectuée par les équipes de prévention et de contrôle des infections

Des études ont également démontré que l'utilisation de données administratives par l'équipe de PCI peut réduire sa charge de travail et améliorer la surveillance des IASS. Lee *et al.* ont illustré que le fait de coupler les données de surveillance aux données administratives permet de disposer d'informations détaillées en temps opportun, et ils ont exhorté les juridictions et les systèmes de santé à envisager d'adopter ce type de couplage de données au bénéfice des pratiques de surveillance (16). Rusk *et al.* ont confirmé l'existence d'une stratégie efficace pour identifier les cas potentiels d'ISO en vue d'un examen plus approfondi par l'équipe de PCI grâce à l'utilisation des codes de données



administratives. Cela améliorerait la cohérence de la recherche de cas et réduirait le temps et les ressources nécessaires (19). Toutes ces études ont prouvé que les données administratives peuvent être utilisées pour optimiser la surveillance traditionnelle effectuée par l'équipe de PCI. L'inverse pourrait également être vrai. Comme indiqué précédemment, les codeurs ne peuvent utiliser que les renseignements consignés par les médecins pour déclarer les diagnostics. D'autre part, la surveillance traditionnelle effectuée par les professionnels de PCI est considérée comme la référence en matière de surveillance, et produit des données précises. Si les codeurs pouvaient accéder aux résultats de la surveillance effectuée par les équipes de PCI, cela pourrait renforcer la validité de la consignation des renseignements par le médecin et l'interprétation des codeurs.

Intégration des données administratives dans les systèmes de surveillance électronique

Une autre approche potentielle pour rendre la surveillance moins laborieuse consiste à utiliser des systèmes de surveillance électronique. Sept études observationnelles présentées dans le cadre du présent examen ont évalué le couplage des données de bases électroniques, tandis que trois revues systématiques ont analysé les systèmes de surveillance électronique. Leal *et al.* ont développé un SSE complet pour identifier et classer les infections du sang tout en respectant un haut degré de concordance avec les résultats obtenus par l'examen manuel des dossiers (21). Les conclusions de la revue systématique de Freeman *et al.* suggèrent que la création d'un SSE est réalisable dans de nombreux contextes et qu'il devrait être développé par les hôpitaux (27). Le SSE peut également être développé de manière à pouvoir cibler plus d'une IASS. En outre, la revue systématique de Steefkerk *et al.* sur les SSE a présenté les 10 meilleures études, sélectionnées en fonction de leur qualité et de leur performance. Pour la majorité d'entre elles, une procédure incluant deux étapes a été utilisée, soit la sélection de données administratives, de dossiers médicaux électroniques ou de données de microbiologie par le SSE, suivie d'une confirmation par un professionnel de PCI (28). Dans ce type de cas, le SSE pourrait être conçu pour privilégier la sensibilité par rapport à la spécificité, sachant que l'examen manuel exclura les faux positifs (31). Streefkerk *et al.* ont présenté sept études portant sur des SSE capables de cibler toutes les IASS (28). Leur revue a même inclus une étude décrivant un algorithme très performant pour détecter les IASS en temps réel, doté d'une sensibilité de 99 % et une spécificité de 93 %. Les IASS visés incluaient les infections des voies urinaires, les infections du sang, les infections des voies respiratoires, les infections du tube digestif, les infections de la peau et des tissus mous et d'autres infections (parotidite, varicelle, infections neurologiques, etc.) (40). Toutefois, ces sept études n'ont pas été réalisées au Canada. En fait, les établissements d'autres pays disposent déjà de données électroniques et la mise en œuvre d'un SSE pour la surveillance des IASS est donc plus facilement réalisable. Au Canada, tous les hôpitaux n'ont pas encore accès à un système efficace de gestion des dossiers médicaux électroniques.

Certaines provinces sont de bons modèles pour la surveillance grâce aux données électroniques. Par exemple, la plupart des études incluses dans cet examen de la portée provenaient de provinces possédant des systèmes électroniques (e.g. Alberta, Ontario). L'Alberta est un bon exemple de surveillance des IASS, car toutes les institutions de soins de courte durée effectuent une surveillance traditionnelle en utilisant un protocole de surveillance unique et un système centralisé de saisie des données en ligne (41). Ce système permet de partager les données administratives entre toutes les installations qui l'utilisent. Le Québec dispose également d'un système électronique centralisé créé pour le programme *Surveillance provinciale des infections nosocomiales*. Ce système utilise des définitions uniformes pour cibler les IASS (42); toutefois, aucune étude québécoise ne répondait à nos critères d'inclusion. Une étude de Gilca *et al.* mérite d'être prise en considération : cette étude portait sur 83 hôpitaux offrant des soins de courte durée et participant à la surveillance des ICD dans la province de Québec (43). Les auteurs ont comparé les données administratives et les données issues de la surveillance et ont constaté une excellente concordance entre les taux obtenus à partir de MED-ÉCHO (base de données sur les congés des patients) et l'incidence des ICD calculée selon la surveillance provinciale. Cependant, l'origine de la transmission des ICD n'était pas indiquée dans la base de données administrative. Il n'a donc pas été possible de distinguer les cas nosocomiaux des cas acquis dans la communauté uniquement grâce aux données administratives.

Une étude menée dans trois états des États-Unis ainsi que dans la province de l'Ontario, au Canada, a évalué les difficultés en matière de technologie de l'information et les stratégies imaginées pour développer et mettre en œuvre un système électronique multihospitalier, dans le but de prévenir les SARM (44). L'étude visait 11 hôpitaux, tous dotés d'un groupe des technologies de l'information (TI) en sous-effectif et de sept systèmes différents, tous ayant une infrastructure de TI et un système de données uniques. Les auteurs ont imaginé des stratégies innovantes pour permettre la collecte, le partage, l'analyse et la communication automatisés des données, et ce, dans un format compatible pour tous les hôpitaux. L'étude a été publiée en 2013, et les auteurs appliquent actuellement les mêmes stratégies pour développer des SSE ciblant d'autres IASS. Cette étude est un bon exemple de la faisabilité des SSE malgré l'utilisation de différents systèmes au niveau hospitalier.

Forces et faiblesses

Nous avons utilisé des méthodes standardisées et rigoureuses pour identifier la littérature publiée, l'examiner et en évaluer la qualité. Toutes ces étapes ont été réalisées par deux examinateurs indépendants. Deux stratégies de recherche différentes ont été utilisées, afin d'assurer que toutes les études canadiennes soient incluses, ainsi que les revues systématiques incluant au moins une étude menée au Canada. Notre examen a porté sur un petit nombre d'études; toutefois, nous sommes convaincus que nos stratégies de recherche combinées à la



recherche manuelle ont permis de repérer tous les articles pertinents disponibles. Il s'agit du premier examen de la portée à rendre compte des divergences entre les données administratives et les données issues de la surveillance utilisées dans le cadre de la surveillance des IASS au Canada.

Celui-ci, cependant, présente plusieurs limites. Nous n'avons inclus que des études qui ont été publiées en français ou en anglais. Par contre, puisque le français et l'anglais sont les deux langues officielles du Canada, nous ne pensons pas avoir négligé d'autres études importantes. Les études observationnelles sélectionnées ne représentent que trois provinces canadiennes, les deux tiers des études provenant de l'Alberta. L'Alberta dispose d'un système de santé intégré à l'échelle de la province qui est accessible et facile à consulter, ce qui n'est pas le cas pour les systèmes utilisés dans les autres provinces. Bien que notre examen ait porté sur des articles publiés en anglais ou en français, nous avons mené notre recherche en utilisant uniquement des termes anglais. Nous n'avons effectué nos recherches qu'à partir de trois bases de données; ainsi, peut-être sommes-nous passés à côté d'articles pertinents inclus dans d'autres bases de données. Cette étude a été menée sur des données canadiennes uniquement et peut ne pas être représentative pour d'autres pays.

Conclusion

Cet examen de la portée a permis de constater les nombreuses divergences entre les données administratives et les données issues de la surveillance active utilisées dans le cadre de la surveillance des IASS dans les hôpitaux canadiens. Cependant, elle nous a également permis d'identifier des solutions potentielles en fonction de l'IASS surveillée, tout en démontrant que les données administratives peuvent être utilisées pour optimiser la surveillance des IASS. Les systèmes de surveillance électronique peuvent permettre d'économiser du temps et des ressources humaines et la combinaison de plusieurs ensembles de données administratives peut également améliorer la précision des données. L'équipe de PCI qui a fait usage de données administratives ou de systèmes de surveillance électronique a pu réduire sa charge de travail quant à la surveillance active. Bien que la surveillance active des IASS ait produit les résultats les plus précis et demeure la norme d'excellence, d'autres études sur la surveillance des IASS au Canada devraient porter sur la faisabilité du partage des données entre les provinces grâce à des systèmes électroniques, ainsi sur la possibilité pour les professionnels du codage médical d'accéder à une documentation autre que les seules déclarations des médecins, puis sur la possibilité d'utiliser des données administratives pour aider à réduire le fardeau de la surveillance active.

Déclaration des auteurs

V. B. — Conceptualisation, méthodologie, investigation, validation, analyse formelle, rédaction-projet original
 E. P. — Investigation, validation, rédaction-révision
 A. M. — Conceptualisation, ressources, rédaction-révision et édition, acquisition de fonds
 C. Q. — Conceptualisation, rédaction-révision et édition, supervision, acquisition de fonds

Le contenu de l'article et les points de vue qui y sont exprimés n'engagent que les auteurs et ne correspondent pas nécessairement à ceux du gouvernement du Canada.

Intérêts concurrents

Aucun des auteurs n'avait de conflits d'intérêts à divulguer.

Remerciements

V. Boulanger et E. Poirier sont soutenus grâce à un stage de MITACS Accélération – Excellence en santé Canada. Nous remercions M. Clar pour son aide au niveau de la stratégie de recherche documentaire. L. Prelude et A. Chapman pour leur soutien, ainsi que D. Diallo pour son aide à la traduction anglaise. C. Quach est titulaire d'une chaire de recherche du Canada de niveau 1 dans le domaine de la prévention des infections, de l'hôpital à la communauté.

Financement

Ce travail a été financé par Excellence en santé Canada et MITACS Accélération – Excellence en santé Canada.

Matériel supplémentaire

Ces documents sont accessibles dans le dossier

[Données supplémentaires](#)

Données supplémentaires S1

Données supplémentaires S2

Tableau supplémentaire S3

Tableau supplémentaire S4

Références

1. Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales. Les infections associées aux soins de santé et la résistance aux antimicrobiens dans les hôpitaux canadiens de soins de courte durée, 2014 à 2018. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2020;46(5):111-26. [DOI](#)



2. MacLaurin A, Amaratunga K, Couris C, Frenette C, Galioto R, Hansen G, Happe J, Neudorf K, Pelude L, Quach C, Rose SR. Measuring and Monitoring Healthcare-Associated Infections: A Canadian Collaboration to Better Understand the Magnitude of the Problem. *Healthc Q*. 2020;22(SP):116-28. DOI PubMed
3. Mitchell R, Taylor G, Rudnick W, Alexandre S, Bush K, Forrester L, Frenette C, Granfield B, Gravel-Tropper D, Happe J, John M, Lavallee C, McGeer A, Mertz D, Pelude L, Science M, Simor A, Smith S, Suh KN, Vayalumkal J, Wong A, Amaratunga K; Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program. Trends in health care-associated infections in acute care hospitals in Canada: an analysis of repeated point-prevalence surveys. *CMAJ* 2019;191(36):E981-8. DOI PubMed
4. Aiello R. PM Trudeau questioned on COVID-19 projections, implores people to stay home. Ottawa News Bureau Online Producer, CTV News, April 2, 2020. <https://www.ctvnews.ca/health/coronavirus/pm-trudeau-questioned-on-covid-19-projections-implores-people-to-stay-home-1.4879062?cache=sjgizegwsldpu%3FcontactForm%3Dtrue>
5. Agence de la santé publique du Canada Le programme canadien de surveillance des infections nosocomiales (PC SIN) : Rapport sommaire sur les données de surveillance des infections associées aux soins de santé (IASS), la résistance aux antimicrobiens (RAM) et l'utilisation des antimicrobiens (UAM) du 1^{er} janvier 2013 au 31 décembre 2017. Ottawa (ON) : ASPC (modifié 2021-07). <https://www.canada.ca/en/public-health/services/publications/science-research-data/summary-report-healthcare-associated-infection-antimicrobial-resistance-antimicrobial-use-surveillance-data-2013-2017.html>
6. Ruthledge-Taylor K, Mitchell R, Prelude L, AbdelMalik P, Roth V. Evaluation of the representativeness of the Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program. *Can J Infect Control* 2015;30(1):13-7. <https://ipac-canada.org/photos/custom/OldSite/cjic/vol30no1.pdf>
7. Xia Y, Tunis MC, Frenette C, Katz K, Amaratunga K, Rhodenizer Rose S, House A, Quach C. Épidémiologie de l'infection Clostridioides difficile au Canada : revue de six ans de données en appui au processus décisionnel quant à l'utilisation des vaccins. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2019;45(7/8):211-32. DOI
8. Quan H, Smith M, Bartlett-Esquilant G, Johansen H, Tu K, Lix L; Hypertension Outcome and Surveillance Team. Mining administrative health databases to advance medical science: geographical considerations and untapped potential in Canada. *Can J Cardiol* 2012;28(2):152-4. DOI PubMed
9. Canadian Institute for Health Information. CIHI Data Quality Study of the 2009-2010 Discharge Abstract Database. Ottawa (ON): CIHI; 2012. https://secure.cihi.ca/free_products/Reab%202009-2010%20Main%20Report%20FINAL.pdf
10. Willemse C. Using the Canadian Institute for Health Information's Information Quality Framework to Support Integration and Utilization of Complex, Multi-Jurisdictional Data. *Internat J Pop Data Sci*. 2020;5(5). <https://ijpds.org/article/view/1556>
11. Tricco AC, Lillie E, Zarin W, O'Brien KK, Colquhoun H, Levac D, Moher D, Peters MD, Horsley T, Weeks L, Hempel S, Akl EA, Chang C, McGowan J, Stewart L, Hartling L, Aldcroft A, Wilson MG, Garritty C, Lewin S, Godfrey CM, Macdonald MT, Langlois EV, Soares-Weiser K, Moriarty J, Clifford T, Tunçalp Ö, Straus SE. PRISMA Extension for Scoping Reviews (PRISMA-ScR): checklist and Explanation. *Ann Intern Med* 2018;169(7):467-73. DOI PubMed
12. Sterne JA, Hernán MA, Reeves BC, Savović J, Berkman ND, Viswanathan M, Henry D, Altman DG, Ansari MT, Boutron I, Carpenter JR, Chan AW, Churchill R, Deeks JJ, Hróbjartsson A, Kirkham J, Jüni P, Loke YK, Pigott TD, Ramsay CR, Regidor D, Rothstein HR, Sandhu L, Santaguida PL, Schünemann HJ, Shea B, Shrier I, Tugwell P, Turner L, Valentine JC, Waddington H, Waters E, Wells GA, Whiting PF, Higgins JP. ROBINS-I: a tool for assessing risk of bias in non-randomised studies of interventions. *BMJ* 2016;355:i4919. DOI PubMed
13. Shea BJ, Reeves BC, Wells G, Thuku M, Hamel C, Moran J, Moher D, Tugwell P, Welch V, Kristjansson E, Henry DA. AMSTAR 2: a critical appraisal tool for systematic reviews that include randomised or non-randomised studies of healthcare interventions, or both. *BMJ* 2017;358:j4008. DOI PubMed
14. Crocker A, Kornilo A, Conly J, Henderson E, Rennert-May E, Leal J. Using administrative data to determine rates of surgical site infections following spinal fusion and laminectomy procedures. *Am J Infect Control* 2021;49(6):759-63. DOI PubMed
15. Pfister T, Rennert-May E, Ellison J, Bush K, Leal J. Clostridioides difficile infections in Alberta: the validity of administrative data using ICD-10 diagnostic codes for CDI surveillance versus clinical infection surveillance. *Am J Infect Control* 2020;48(12):1431-6. DOI PubMed
16. Lee S, Ronksley P, Conly J, Garies S, Quan H, Faris P, Li B, Henderson E. Using data linkage methodologies to augment healthcare-associated infection surveillance data. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2019;40(10):1144-50. DOI PubMed
17. Rennert-May E, Manns B, Smith S, Puloski S, Henderson E, Au F, Bush K, Conly J. Validity of administrative data in identifying complex surgical site infections from a population-based cohort after primary hip and knee arthroplasty in Alberta, Canada. *Am J Infect Control* 2018;46(10):1123-6. DOI PubMed
18. Ramirez Mendoza JY, Daneman N, Elias MN, Amuah JE, Bush K, Couris CM, Leeb K. A Comparison of Administrative Data Versus Surveillance Data for Hospital-Associated Methicillin-Resistant Staphylococcus aureus Infections in Canadian Hospitals. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2017;38(4):436-43. DOI PubMed
19. Rusk A, Bush K, Brandt M, Smith C, Howatt A, Chow B, Henderson E. Improving Surveillance for Surgical Site Infections Following Total Hip and Knee Arthroplasty Using Diagnosis and Procedure Codes in a Provincial Surveillance Network. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2016;37(6):699-703. DOI PubMed
20. Daneman N, Ma X, Eng-Chong M, Callery S, Guttman A. Validation of administrative population-based data sets for the detection of cesarean delivery surgical site infection. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2011;32(12):1213-5. DOI PubMed



21. Leal J, Gregson DB, Ross T, Flemons WW, Church DL, Laupland KB. Development of a novel electronic surveillance system for monitoring of bloodstream infections. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2010;31(7):740–7. [DOI PubMed](#)
22. Daneman N, Simor AE, Redelmeier DA. Validation of a modified version of the national nosocomial infections surveillance system risk index for health services research. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2009;30(6):563–9. [DOI PubMed](#)
23. Daneman N, Stukel TA, Ma X, Vermeulen M, Guttman A. Reduction in *Clostridium difficile* infection rates after mandatory hospital public reporting: findings from a longitudinal cohort study in Canada. *PLoS Med* 2012;9(7):e1001268. [DOI PubMed](#)
24. Lethbridge LN, Richardson CG, Dunbar MJ. Measuring Surgical Site Infection From Linked Administrative Data Following Hip and Knee Replacement. *J Arthroplasty* 2020;35(2):528–33. [DOI PubMed](#)
25. Almond J, Leal J, Bush K, Rogers E, Henderson EA, Ellison J. Hospital-acquired *Clostridioides difficile* infections in Alberta: the validity of laboratory-identified event surveillance versus clinical infection surveillance. *Am J Infect Control* 2020;48(6):633–7. [DOI PubMed](#)
26. van Mourik MS, van Duijn PJ, Moons KG, Bonten MJ, Lee GM. Accuracy of administrative data for surveillance of healthcare-associated infections: a systematic review. *BMJ Open* 2015;5(8):e008424. [DOI PubMed](#)
27. Freeman R, Moore LS, García Álvarez L, Charlett A, Holmes A. Advances in electronic surveillance for healthcare-associated infections in the 21st Century: a systematic review. *J Hosp Infect* 2013;84(2):106–19. [DOI PubMed](#)
28. Streefkerk HR, Verkooijen RP, Bramer WM, Verbrugh HA. Electronically assisted surveillance systems of healthcare-associated infections: a systematic review. *Euro Surveill* 2020;25(2):1900321. [DOI PubMed](#)
29. Leal J, Laupland KB. Validity of electronic surveillance systems: a systematic review. *J Hosp Infect* 2008;69(3):220–9. [DOI PubMed](#)
30. Donovan TL, Forrester L, Chen Collet J, Wong L, Mori J, Lloyd-Smith E, Ranns B, Han G. Challenging the assertion of comparability of surveillance and administrative data. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2018;39(11):1391–2. [DOI PubMed](#)
31. Woeltje KF. Moving into the future: electronic surveillance for healthcare-associated infections. *J Hosp Infect* 2013;84(2):103–5. [DOI PubMed](#)
32. Wilson J, Wloch C, Saei A, McDougall C, Harrington P, Charlett A, Lamagni T, Elgohari S, Sheridan E. Inter-hospital comparison of rates of surgical site infection following caesarean section delivery: evaluation of a multicentre surveillance study. *J Hosp Infect* 2013;84(1):44–51. [DOI PubMed](#)
33. Løwer HL, Eriksen HM, Aavitsland P, Skjeldestad FE. Methodology of the Norwegian Surveillance System for Healthcare-Associated Infections: the value of a mandatory system, automated data collection, and active postdischarge surveillance. *Am J Infect Control* 2013;41(7):591–6. [DOI PubMed](#)
34. Sands K, Vineyard G, Platt R. Surgical site infections occurring after hospital discharge. *J Infect Dis* 1996;173(4):963–70. [DOI PubMed](#)
35. Public Health Ontario. Ontario Agency for Health Protection and Promotion. Provincial Infectious Diseases Advisory Committee. Best practices for surveillance of health care-associated infections In patient and resident populations, 3rd edition. Toronto (ON): Queen's Printer for Ontario; 2014. <https://www.publichealthontario.ca/-/media/documents/B/2014/bp-hai-surveillance.pdf>
36. Institut canadien d'information sur la santé. Bases de données clinico-administratives. Évaluation des incidences sur la vie privée, Août 2019. <https://www.cihi.ca/sites/default/files/document/cad-pia-2019-fr-web.pdf>
37. Jung MA, Banerjee SN. Administrative coding data and health care-associated infections. *Clin Infect Dis* 2009;49(6):949–55. [DOI PubMed](#)
38. Drees M, Gerber JS, Morgan DJ, Lee GM. Research Methods in Healthcare Epidemiology and Antimicrobial Stewardship: Use of Administrative and Surveillance Databases. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2016;37(11):1278–87. [DOI PubMed](#)
39. Tang KL, Lucyk K, Quan H. Coder perspectives on physician-related barriers to producing high-quality administrative data: A qualitative study. *CMAJ Open* 5, E617. <https://www.cmajopen.ca/content/5/3/E617>
40. Du M, Xing Y, Suo J, Liu B, Jia N, Huo R, Chen C, Liu Y. Real-time automatic hospital-wide surveillance of nosocomial infections and outbreaks in a large Chinese tertiary hospital. *BMC Med Inform Decis Mak* 2014;14(1):9. [DOI PubMed](#)
41. Alberta Health Services. Surveillance & Reporting. Infection Prevention & Control. <https://www.albertahealthservices.ca/info/Page15736.aspx>
42. Institut National de Santé Publique du Québec (INSPQ). Les infections nosocomiales. QC : INSPQ; 2021. <https://www.inspq.qc.ca/infections-nosocomiales>
43. Gilca R, Hubert B, Fortin E, Gaulin C, Dionne M. Epidemiological patterns and hospital characteristics associated with increased incidence of *Clostridium difficile* infection in Quebec, Canada, 1998–2006. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2010;31(9):939–47. [DOI PubMed](#)
44. Doebbeling BN, Flanagan ME, Nall G, Hoke S, Rosenman M, Kho A. Multihospital infection prevention collaborative: informatics challenges and strategies to prevent MRSA. *AMIA Annu Symp Proc* 2013;2013:317–25. [PubMed](#)



L'expérience au Yukon avec la COVID-19 : restrictions de voyage, variants et propagation entre les non-vaccinés

Sara McPhee-Knowles^{1*}, Bryn Hoffman², Lisa Kanary¹

Résumé

L'expérience du Yukon concernant la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) a été intéressante; le territoire a mis en place avec succès des restrictions de voyage pour limiter l'importation du virus et a déployé les vaccins rapidement par rapport à la plupart des administrations canadiennes. Cependant, la première vague de COVID-19 du Yukon en juin et juillet 2021 a fait déborder le système de santé en raison de la transmission généralisée parmi les enfants non-vaccinés, les jeunes et les adultes, malgré une forte participation à la vaccination et le port du masque obligatoire. Cette expérience met en lumière l'importance du soutien continu aux programmes de vaccination publique, de l'adoption généralisée de vaccins dans les populations pédiatriques, et l'assouplissement judicieux des interventions non pharmaceutiques dans toutes les administrations canadiennes à mesure qu'elles rouvrent alors que des variants plus contagieux apparaissent.

Citation proposée : McPhee-Knowles S, Hoffman B, Kanary L. L'expérience au Yukon avec la COVID-19 : restrictions de voyage, variants et propagation entre les non-vaccinés. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2022;48(1):19–23. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v48i01a03f>

Mots-clés : COVID-19, territoire du Yukon, réponse à la pandémie, restrictions de déplacement, vaccination, éclosion, Nord du Canada

Introduction

La trajectoire de la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) dans l'ensemble du Canada a été inégale, et le territoire du Yukon, au Canada, est un cas intéressant. Du 22 mars 2020 au 1^{er} juin 2021, il y a eu 62 cas et deux décès attribuables au COVID-19 au Yukon (1). Une caractéristique importante de la stratégie de santé publique du Yukon était la mise en œuvre de restrictions de voyage, où, comme les provinces de l'Atlantique, les voyageurs qui entrent dans le territoire devaient s'isoler pendant 14 jours. Le Yukon comporte une population petite et dispersée et, grâce à peu de points d'accès, a pu imposer des restrictions de voyage pour limiter les cas importés. Toutefois, en juin et juillet 2021, peu après la levée de certaines restrictions, le Yukon a connu sa première vague de COVID-19 avec transmission communautaire, malgré le taux de vaccination le plus élevé au Canada à la fin du mois de mai (2). Du 1^{er} juin au 2 août 2021, le Yukon a signalé 541 nouveaux cas de COVID-19 dans le cadre de trois éclosions distinctes et six décès dans une population d'environ 42 000 (3). La plupart des personnes qui sont tombées malades n'étaient pas vaccinées (4), avec seulement 14 % des cas entièrement vaccinés, et aucun des patients atteints de COVID-19 qui sont décédés n'a été entièrement vacciné (1). Le 28 juillet 2020, le gouvernement a rapporté qu'un total de 52 personnes ont été hospitalisées pendant cette vague; de ce groupe, 43 n'ont pas

été vaccinés ou seulement partiellement vaccinés. Quatorze cas, dont 11 non-vaccinés, étaient dans un état critique et ont été évacués pour urgence médicale vers des centres plus vastes (5). Dans le présent commentaire, nous présentons l'expérience au Yukon avec la pandémie de COVID-19 et soulignons les leçons tirées de sa dernière vague de COVID-19 en juin et juillet 2021.

Contexte

Le Yukon est le deuxième territoire de compétence le plus petit du Canada par population. Environ 75 % de la population vit à Whitehorse, la capitale du territoire, et le reste, dans 15 petites collectivités (3). Il y a trois hôpitaux. Whitehorse General, le plus grand, compte 56 lits, une gamme de services incluant une unité de soins intensifs à quatre lits, et accueille 32 000 visites aux urgences et 3 703 admissions par année. Deux hôpitaux communautaires à Watson Lake et Dawson City ont des services d'urgence et six unités de malades admis de six lits avec 112 et 80 admissions par année et 2 627 et 2 812 visites aux urgences par an, respectivement (6). Cette capacité d'hospitalisation globale est historiquement adéquate pour la population; toutefois, l'évacuation médicale ou les déplacements pour raison

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



Affiliations

¹ Université du Yukon, Whitehorse, YK

² École de médecine Queen's, Université Queen's, Kingston, ON

*Correspondance :

smcpheeknowles@yukonu.ca



médicale sont souvent requis pour les cas de grande acuité ou pour les cas nécessitant des soins spécialisés (7). Cela fait que le Yukon est plus à risque pendant la pandémie de COVID-19, car une éclosion importante pourrait dépasser la capacité des services de santé. Si des cas surviennent également dans d'autres territoires de compétence, il pourrait être impossible d'évacuer les patients à des centres plus grands, comme Vancouver ou Edmonton (8).

À la suite de la décentralisation en 2003, le gouvernement territorial du Yukon a assumé la responsabilité de la santé publique, de concert avec d'autres pouvoirs provinciaux, du gouvernement fédéral canadien. Onze des 14 Premières Nations du Yukon sont autonomes et peuvent s'acquitter de leurs responsabilités du gouvernement territorial, y compris certaines liées à la santé, après avoir adopté leur propre législation (9). Dans le recensement de 2016, environ 23 % de la population a indiqué avoir une ascendance autochtone (10). L'économie du Yukon est largement fondée sur le gouvernement; le Yukon dépend fortement des transferts fédéraux (11). L'exploitation minière, les services et le tourisme sont également des moteurs importants. En raison des exigences d'auto-isolément après le voyage, le tourisme a diminué de 25 % au premier trimestre de 2020 par rapport à 2019 (12). Le contexte démographique, économique et institutionnel unique du Yukon a influencé l'intervention en cas de pandémie.

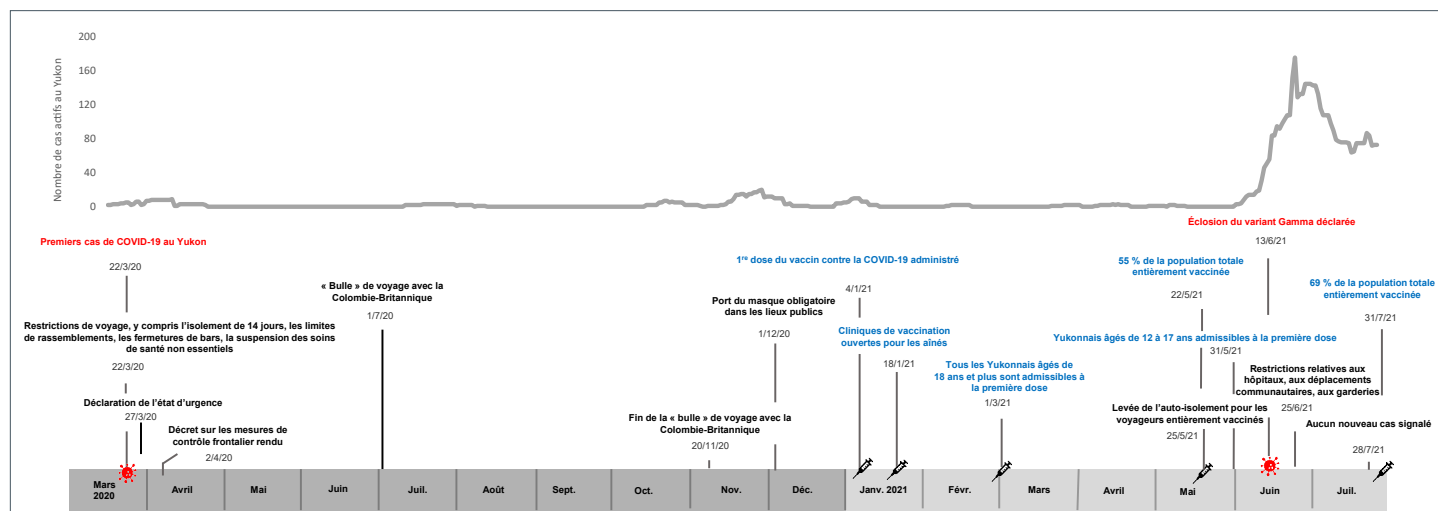
Réponse à la pandémie

Le gouvernement du Yukon, grâce à son statut de « protoprovince » (13), a dirigé l'intervention en cas de pandémie; le Conseil des Premières Nations du Yukon, qui représente les gouvernements des Premières Nations du Yukon, a également joué un rôle dans la coordination et la communication. Très tôt le gouvernement du Yukon a adopté

des restrictions typiques en matière de santé publique, comme la restriction des rassemblements, la fermeture des bars et des services de soins personnels, et la suspension des services de soins de santé. Les premiers cas de COVID-19 au Yukon ont été annoncés le 22 mars 2020 (**figure 1**), après la mise en place des restrictions. Restriction des déplacements à l'extérieur du territoire au 22 mars 2020, nombre limité de cas d'importation au Yukon : un isolement de 14 jours était requis pour tous les voyageurs qui entraient dans le territoire. On a demandé aux Yukonnais de limiter leurs déplacements dans les collectivités rurales, et certains gouvernements des Premières Nations ont établi des points de contrôle dans leurs territoires traditionnels. Un arrêté ministériel visant à renforcer les contrôles aux frontières a été publié le 2 avril 2020 pour faire respecter les exigences d'isolement aux points d'entrée frontaliers (14). Une « bulle » de voyage avec la Colombie-Britannique a été établie le 1^{er} juillet 2020, permettant de voyager entre les deux territoires sans isolement; toutefois, la bulle a pris fin le 20 novembre 2020, après que les cas aient commencé à augmenter au Yukon (15). Ces restrictions de voyage ont effectivement empêché une éclosion majeure de COVID-19 au Yukon pendant la première année de la pandémie. Le port obligatoire du masque pour les Yukonnais de plus de cinq ans dans les lieux publics a été décrété le 1^{er} décembre 2020 – l'une des dernières administrations canadiennes à imposer le port du masque (16) depuis que le Yukon avait connu un nombre aussi limité de cas de COVID-19 (**figure 1**).

Les premières doses du vaccin de Moderna contre la COVID-19 ont été administrées au Yukon le 4 janvier 2021, plus tôt que les provinces canadiennes en raison de la capacité hospitalière limitée du territoire. Des équipes de vaccination mobile ont été déployées dans des collectivités à l'extérieur de Whitehorse (17). En date du 22 mai 2021, 55,22 % de la population totale était entièrement vaccinée (2). Les exigences d'auto-isolément ont été levées le 25 mai 2021 pour les voyageurs internes

Figure 1 : Calendrier des événements clés liés à la pandémie de COVID-19 au Yukon, Canada, du 1^{er} mars 2020 au 31 juillet 2021



Abréviation : COVID-19, maladie à coronavirus 2019



entièrement vaccinés ou pour les Yukonnais entièrement vaccinés qui retournent après un voyage intérieur (figure 1) (18). Cette annonce a créé une incitation supplémentaire à la vaccination.

Peu après la levée des exigences d'auto-isollement pour les voyageurs, une éclosion du variant Gamma a été déclarée le 13 juin 2021 (figure 1) (19). La transmission s'est produite lors des célébrations de fin d'études secondaires, dans les bars (20), les garderies et au refuge d'urgence de Whitehorse; la transmission se faisait principalement chez des adultes, des jeunes et des enfants non vaccinés (4). La saison de remise de diplôme a facilité la transmission de la maladie parce que les diplômés et les membres de la famille ont voyagé entre les collectivités et ont assisté à des célébrations informelles, non masquées et à des réunions plus vastes et organisées avec les mesures de COVID-19 en place. En fait, l'éclosion peut être liée à une seule personne infectée qui a participé à une grande fête (20). Le 15 juillet 2021, 240 des 414 cas ont été confirmés comme étant le variant Gamma (21).

Le médecin hygiéniste en chef du Yukon a encouragé les personnes qui ne sont pas encore vaccinées à prendre des rendez-vous et tous les Yukonnais à « rester à six » personnes pour des rassemblements, mais a abaissé les limites de rassemblement officielles à 10 à l'intérieur avec des masques et 20 à l'extérieur (22). Parmi les autres mesures de santé publique, mentionnons l'annulation de certains événements de remise de diplômes (23), encourager fortement les parents à garder les enfants à la maison loin des garderies (22) et l'augmentation des restrictions par la Régie des hôpitaux du Yukon (4). Des cas étaient présents dans la plupart des collectivités du Yukon. De nombreuses Premières Nations du Yukon ont demandé aux voyageurs de s'abstenir de voyager. Les équipes de recherche des contacts, de dépistage et de vaccination étaient à leur capacité; le premier ministre a demandé un soutien supplémentaire du gouvernement fédéral (22). Le 28 juillet 2021, aucun nouveau cas n'a été signalé pour la première fois depuis le 5 juin 2021; au 31 juillet 2021, 68,63 % de la population totale était entièrement vaccinée (figure 1) (2). Toutes les autres restrictions en matière de santé publique ont été levées le 4 août 2021, y compris l'exigence pour les voyageurs qui n'ont pas été vaccinés de s'isoler et de porter obligatoirement un masque à l'intérieur (24); cette décision a fait l'objet de critiques publiques, notamment de la part du chef de la Première Nation Kwanlin Dün (25).

Leçons apprises

On peut tirer certains enseignements de l'expérience du Yukon avec la COVID-19. La première est l'importance d'atténuer les importations de cas au moyen d'exigences d'auto-isollement pour les voyageurs qui entrent dans une région. À titre d'exemple, des études de modélisation pour Terre-Neuve ont démontré que sans l'introduction d'une exigence d'auto-isollement pour les voyageurs, il y aurait eu 12,4 fois

plus de cas de COVID-19 au cours des premières semaines de la pandémie (26). La gestion des importations de cas est essentielle dans les petites administrations ayant une capacité d'hospitalisation limitée, comme le Yukon, les Territoires du Nord-Ouest et le Nunavut. Les régions éloignées peuvent également être en mesure de surveiller plus facilement les points d'entrée que les grands centres mieux connectés. Ce choix de politique signifie que l'industrie du tourisme a été touchée de façon disproportionnée par rapport à de nombreuses autres entreprises du Yukon, et elle ne sera pas durable à long terme dans ces conditions.

Une autre considération pour le Yukon, et d'autres territoires de compétence qui n'ont pas connu un grand nombre de cas de COVID-19 plus tôt dans la pandémie, était que l'adoption de plans de réouverture signifiait une augmentation des cas et donc des risques, comparativement aux secteurs qui ont rouvert en raison de la diminution du nombre de cas. Il y avait aussi la question du moment de la réouverture, qui a eu lieu peu de temps avant la cérémonie d'obtention des diplômes, alors qu'il y avait une augmentation des déplacements entre les collectivités du Yukon, a probablement contribué à la propagation rapide de l'épidémie.

Un point de vue central, d'importance à la fin de 2021, alors que d'autres administrations canadiennes rouvraient leurs portes, est que les taux élevés de vaccination et le port du masque obligatoire n'étaient pas suffisants pour prévenir les éclosions dans les populations non vaccinées, ce qui exerce une pression sur le système de santé local. Les étudiants du secondaire, qui font partie du groupe d'âge des 12 à 17 ans, n'étaient pas admissibles à la vaccination avant la réouverture (27), tandis que les enfants en garderie étaient trop jeunes pour être vaccinés, et certaines communautés avaient des taux de vaccinations plus faibles que d'autres (28). Les décisions politiques fondées sur un pourcentage global de personnes vaccinées ignorent que les groupes non vaccinés, en raison de leur âge ou de leur mode de vie, ont tendance à interagir, ce qui facilite la propagation de la maladie.

Bien que les enfants ne souffrent généralement pas de conséquences graves secondaires à la COVID-19 (29), les garderies étaient des points chauds durant l'éclosion estivale au Yukon (22). Pour gérer l'éclosion, le médecin hygiéniste en chef a recommandé que les parents qui ne sont pas des travailleurs essentiels gardent leurs enfants à la maison si possible. Étant donné que les parents ont une capacité limitée de travailler sans avoir accès à des services de garde d'enfants fiables et que les femmes assument généralement une plus grande part du fardeau des responsabilités en matière de garde d'enfants, ce qui a été exacerbé par la pandémie (30), cette recommandation a eu des conséquences économiques qui ont eu des répercussions disproportionnées sur les femmes. Actuellement, les enfants de moins de cinq ans ne sont pas admissibles à la vaccination et sont donc vulnérables aux variantes plus contagieuses du COVID-19.



Conclusion

On peut tirer une leçon de l'expérience du Yukon : les restrictions de déplacement dans la région éloignée ont permis d'atténuer efficacement l'importation de la maladie au début de la pandémie, mais une fois ces restrictions éliminées, le variant Gamma hautement contagieux a circulé dans les populations non vaccinées. Même avec un taux de vaccination élevé et le port du masque, des éclosions se sont produites qui ont surchargé la capacité de la santé publique et des soins de santé. Il s'agit d'une mise en garde pour d'autres administrations, car les mesures de santé publique sont éliminées et l'adoption des vaccins a plafonné. Le fardeau prolongé de la maladie COVID-19 au Yukon pourrait inclure des conséquences imprévues, comme un plus grand nombre de cas pédiatriques, la fermeture des garderies et des écoles et leurs répercussions connexes sur la santé économique et mentale, plus de difficultés pour les entreprises, et un système de santé surchargé. Ces répercussions sont également observées ailleurs au Canada au cours de la quatrième vague. Une vaccination généralisée dans tous les groupes d'âge et les communautés est nécessaire pour réduire la gravité des futures vagues de COVID-19.

Déclaration des auteurs

Tous les auteurs ont contribué à la conceptualisation, à la rédaction, ainsi qu'à l'examen et la révision de ce commentaire.

Le contenu et les points de vue exprimés dans cet article sont ceux des auteurs et ne reflètent pas nécessairement ceux du gouvernement du Canada.

Intérêts concurrents

Aucun.

Remerciements

Les auteurs tiennent à remercier R. Hulstein pour ses commentaires réfléchis sur un avant-projet.

Financement

Le soutien financier pour cette étude a été fourni par la subvention pour des activités universitaires de l'Université du Yukon.

Références

1. Gouvernement du Yukon. Le 2 août 2021 : le point sur les cas de COVID-19. Whitehorse (YT): Gouvernement du Yukon; 2021 (accédé 2021-08-03). <https://yukon.ca/fr/news/le-2-aout-2021-le-point-sur-les-cas-de-covid-19>
2. Agence de la santé publique du Canada. Vaccination contre la COVID-19 au Canada. Ottawa (ON) : ASPC; 2021 (accédé 2021-08-11). <https://sante-infobase.canada.ca/covid-19/couverture-vaccinale/>
3. Yukon Bureau of Statistics. Population Report, Third Quarter, 2020. Whitehorse (YT): Government du Yukon; 2020. https://yukon.ca/sites/yukon.ca/files/ybs/populationq3_2020_r_0_0.pdf
4. Gouvernement du Yukon. Le 27 juin 2021 : nouveaux cas de COVID-19 confirmés et nouvelles directives concernant l'éclosion. Whitehorse (YT) : Gouvernement du Yukon; 2021 (accédé 2021-08-11). <https://yukon.ca/fr/news/june-27-2021-new-covid-19-cases-confirmed-further-guidance-outbreak-provided>
5. Government of Yukon. COVID-19 Facebook live update: July 28, 2021. Whitehorse (YT): Government of Yukon; 2021 (accédé 2021-11-13). <https://yukon.ca/sites/yukon.ca/files/eco/eco-live-update-transcript-july-28-2021.pdf>
6. La Régie des hôpitaux du Yukon. Nos hôpitaux. Yukon : RHY; 2021 (accédé 2021-04-29). <https://yukonhospitals.ca/fr/yukon-hospital-corporation/our-hospitals>
7. Young TK, Tabish T, Young SK, Healey G. Patient transportation in Canada's northern territories: Patterns, costs and providers' perspectives. Rural Remote Health 2019;19(2):5113. DOI PubMed
8. Cunningham VL. The evolution of the Yukon Medevac Program in an environment of fiscal restraint. CMAJ 1999;161(12):1559–62. PubMed
9. Dacks G. Implementing First Nations Self-Government in Yukon: Lessons for Canada. Can J Polit Sci 2004;37(3):671–94. DOI
10. Anora A. Le Yukon : Beau, complexe et en évolution. Ottawa (ON) : StatCan (modifié 2021-03). <https://www150.statcan.gc.ca/n1/pub/11-631-x/11-631-x2018006-fra.htm>
11. Gouvernement du Canada. Principaux transferts fédéraux. Ottawa (ON) : Gouvernement du Canada; 2014 (accédé 2021-05-01). <https://www.canada.ca/fr/ministere-finances/programmes/transferts-federaux/principaux-transferts-federaux.html>
12. Gouvernement du Yukon. Données et rapports sur le tourisme et les visiteurs. Whitehorse (YT) : Gouvernement du Yukon; 2019 (accédé 2021-04-29). <http://yukon.ca/fr/tourism-statistics#retombees-economiques>



13. Cameron K. Yukon, the 'proto-province': Thoughts on an interesting constitutional parallel. Ottawa (ON): Northern Public Affairs (modifié 2016-05-31; accédé 2018-11-08). <http://www.northernpublicaffairs.ca/index/yukon-the-proto-province-thoughts-on-an-interesting-constitutional-parallel/>
14. Government of Yukon. A Path Forward: Yukon's Plan for Lifting COVID-19 Restrictions. Whitehorse (YT): Government of Yukon; Mar 2021. <https://yukon.ca/sites/yukon.ca/files/eco/eco-path-forward-yukon-plan-lifting-covid-19-restrictions-march-5-2021.pdf>
15. d'Entremont D, Howells L. Tears and "divorce": Yukon bursts B.C. travel bubble amid rising COVID-19 cases. CBC News. Nov 19, 2020 (accédé 2021-07-30). <https://www.cbc.ca/news/canada/north/yukon-officials-update-isolation-restrictions-tighten-1.5808058>
16. Gouvernement du Yukon. COVID-19 et port du masque. Whitehorse (YT) : Gouvernement du Yukon; 2020 (accédé 2021-07-30). <https://yukon.ca/fr/sante-et-bien-etre/votre-sante-covid-19/port-du-masque-au-yukon>
17. d'Entremont D. Here's when and where Yukoners can get vaccinated against COVID-19. CBC News. 2021 (accédé 2021-08-14). <https://www.cbc.ca/news/canada/north/yukon-officials-covid-19-update-1.5864875>
18. Gouvernement du Yukon. Levée des restrictions de santé publique à partir du 25 mai. Whitehorse (YT) : Gouvernement du Yukon (modifié 2021-05-21; accédé 2021-08-11). <https://yukon.ca/fr/news/public-health-restrictions-be-lifted-may-25>
19. Gouvernement du Yukon. La médecin hygiéniste en chef par intérim déclare une éclosion de COVID-19. Whitehorse (YT) : Gouvernement du Yukon; 2021 (accédé 2021-07-31). <https://yukon.ca/fr/news/la-medecin-hygieniste-en-chef-par-interim-declare-une-eclosion-de-covid-19>
20. CBC News. Yukon COVID-19 outbreak linked to single party. CBC; 2021 (accédé 2021-08-11). <https://www.cbc.ca/player/play/1913004611747>
21. Government of Yukon. COVID-19 Facebook live update: July 14, 2021 (accédé 2021-11-12). <https://yukon.ca/sites/yukon.ca/files/eco-live-update-transcript-july-14-2021.pdf>
22. Government of Yukon. June 30, 2021 COVID-update. YouTube: June 30, 2021 (accédé 2021-08-04). https://www.youtube.com/watch?v=AF99_rcaS2w&list=PL4B1jekdBO2rkKxe2fdbQZFlocNRpWZAH&index=95
23. Gouvernement du Yukon. 11 juin 2021 : Le bal de finissants de l'École secondaire de Porter Creek est annulé. Whitehorse (YT) : Gouvernement du Yukon; 2021 (accédé 2021-08-11). <https://yukon.ca/fr/news/11-juin-2021-le-bal-de-finissants-de-lecole-secondaire-de-porter-creek-est-annule>
24. Gouvernement du Yukon. Levée de restrictions sanitaires au vu de la hausse des taux de vaccination. Whitehorse (YT) : Gouvernement du Yukon; 2021 (accédé 2021-07-30). <https://yukon.ca/fr/news/additional-covid-19-restrictions-be-lifted-vaccine-rate-increases>
25. CBC News. Kwanlin Dün pushes back on Yukon reopening plan. CBC; 2021 (accédé 2021-08-11). <https://www.cbc.ca/news/canada/north/kwanlin-d%C3%BCn-reopening-too-soon-1.6114522>
26. Hurford A, Rahman P, Loredó-Ostí JC. Modelling the impact of travel restrictions on COVID-19 cases in Newfoundland and Labrador. R Soc Open Sci 2021;8(6):202266. DOI PubMed
27. Gouvernement du Yukon. Début de la vaccination contre la COVID-19 pour les jeunes le 31 mai. Whitehorse (YT) : Gouvernement du Yukon; 2021 (accédé 2021-08-12). <https://yukon.ca/fr/news/covid-19-vaccination-clinics-youth-begin-may-31>
28. Gouvernement du Yukon. Relevons la manche : l'avenir s'annonce radieux. Whitehorse (YT) : Gouvernement du Yukon; 2021 (accédé 2021-04-30). <https://yukon.ca/fr/voila-notre-chance>
29. Cui X, Zhao Z, Zhang T, Guo W, Guo W, Zheng J, Zhang J, Dong C, Na R, Zheng L, Li W, Liu Z, Ma J, Wang J, He S, Xu Y, Si P, Shen Y, Cai C. A systematic review and meta-analysis of children with coronavirus disease 2019 (COVID-19). J Med Virol 2021;93(2):1057–69. DOI PubMed
30. Power K. The COVID-19 pandemic has increased the care burden of women and families. Sustain Sci Pract Policy. 2020;16(1):67–73. DOI



Analyse épidémiologique de l'émergence et de la disparition du variant Kappa du SRAS-CoV-2 dans une région de la Colombie-Britannique, Canada

Cher Ghafari^{1*}, Michael Benusic¹, Natalie Prystajek², Hind Sbihi², Kimia Kamelian², Linda Hoang²

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



Affiliations

¹ Island Health, Victoria, BC

² Centre de contrôle des maladies de la Colombie-Britannique, Vancouver, BC

*Correspondance :

shaheerazad.ghafari@islandhealth.ca

Résumé

Contexte : Le variant Kappa est désigné comme un variant d'intérêt (VI) du coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère 2 (SRAS-CoV-2). Nous avons recensé 195 cas du variant Kappa dans une région de la Colombie-Britannique, au Canada, le plus grand agrégat spatio-temporel publié en Amérique du Nord.

Objectifs : Décrire l'épidémiologie du variant Kappa en relation avec d'autres variants préoccupants (VP) du SRAS-CoV-2 en circulation dans la région afin de déterminer si l'épidémiologie du variant Kappa demande un statut de VI ou de VP.

Méthodes : Les échantillons cliniques qui se sont avérés positifs pour le SRAS-CoV-2 collectés entre le 10 mars et le 2 mai 2021 ont été examinés pour la détection des VP circulants connus; environ 50 % des échantillons ont ensuite été sélectionnés pour le séquençage du génome entier. Une analyse épidémiologique a été réalisée en comparant les caractéristiques des cas Kappa aux principaux variants circulant dans la région (Alpha et Gamma) et aux cas non VP/VI.

Résultats : Au total, 2 079 cas de maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) ont été signalés dans la région pendant la période d'étude, dont 54 % ont été sélectionnés pour le séquençage du génome entier. Les 1 131 cas séquencés ont été classés en Kappa, Alpha, Gamma et non VP/VI. Alors que les cas Alpha et Gamma se sont avérés avoir un taux d'attaque significativement plus élevé parmi les contacts familiaux par rapport aux cas non VI/VP, ce n'était pas le cas pour le variant Kappa.

Conclusion : L'analyse épidémiologique soutient la désignation du variant Kappa comme un VI et non un VP. Les variants Alpha et Gamma se sont avérés plus transmissibles, ce qui explique leur domination ultérieure dans la région et la disparition rapide du variant Kappa. Les stratégies de surveillance des variants doivent mettre l'accent à la fois sur la détection des VP établis et sur la détection de nouveaux VP potentiels.

Citation proposée : Ghafari C, Benusic M, Prystajek N, Sbihi H, Kamelian K, Hoang L. Analyse épidémiologique de l'émergence et de la disparition du variant Kappa du SRAS-CoV-2 dans une région de la Colombie-Britannique, Canada. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2022;48(1):24–9.

<https://doi.org/10.14745/ccdr.v48i01a04f>

Mots-clés : SRAS-CoV-2, COVID-19, variant Kappa, variant préoccupant, variant d'intérêt, surveillance des variants

Introduction

Le variant B.1.617 du coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère 2 (SRAS-CoV-2) a été désigné comme le quatrième variant préoccupant (VP) par l'Organisation mondiale de la Santé (OMS) en mai 2021 en raison des inquiétudes liées à une transmissibilité plus élevée et à une diminution potentielle de l'efficacité des

traitements et des vaccins (1). Depuis, B.1.617 a été subdivisé en B.1.617.2 (Delta), qui reste un VP, et B.1.617.1 (Kappa), qui est maintenant un variant d'intérêt (VI) (2). L'inquiétude demeure en ce qui concerne Kappa, car un pic de cas à la fin mai 2021 a entraîné des mesures de contrôle en Australie (3).



Dans cet article, l'épidémiologie de Kappa dans une région de la Colombie-Britannique, au Canada, du 10 mars au 2 mai 2021, est rapportée en relation avec d'autres variants circulants. L'objectif de cette analyse est de déterminer si l'épidémiologie de Kappa soutient ce déclassement en statut de VI, ou si le Kappa est similaire aux VP circulant simultanément sur le plan épidémiologique.

Méthodes

Entre le 10 mars et le 2 mai 2021, les échantillons cliniques qui ont reçu un résultat positif pour le SRAS-CoV-2 ont été soumis à un dépistage de VP par un test quantitatif d'amplification en chaîne par polymérase ciblant les mutations N501Y et E484K du spicule du gène, permettant la détection des variants Alpha, Beta et Gamma (4). S'ils donnent des résultats positifs pour N501Y, les échantillons sont présumés positifs pour Alpha; s'ils sont positifs pour N501Y et E484K, les échantillons sont présumés positifs pour Bêta et Gamma; s'ils sont négatifs pour N501Y et E484K, les échantillons ne sont pas des VP; et s'ils sont négatifs pour N501Y et positifs pour E484K, les échantillons ne sont pas des VP. Environ 30 % des spécimens positifs pour le VP et 20 % des spécimens négatifs pour le VP ont été sélectionnés pour le séquençage du génome entier.

Une fois que le Kappa a été détecté dans la région, le séquençage de certains échantillons supplémentaires négatifs au VP a été effectué en fonction de la géographie et des entretiens de recherche de contacts ($n = 162$). Les spécimens ont été séquencés à l'aide d'une approche de séquençage basée sur des amplicons de 1 200 pb (5) sur un Illumina MiSeq ou NextSeq. Les séquences consensus SRAS-CoV-2 ont été générées à l'aide d'un pipeline Nextflow modifié pour les outils bioinformatiques de terrain du réseau ARTIC (6). Les lignées ont été attribuées à l'aide de Pangolin (version 2.4.2, pangoleARN (7)) et les paramètres de contrôle de la qualité du séquençage ont été évalués à l'aide de nCoV-tools (version 1.5.1). Les spécimens ayant une couverture du génome supérieure à 85 % et ne présentant pas de signal de contrôle de la qualité (i.e. un excès d'ambiguïté) ont été utilisés dans les analyses suivantes. L'analyse phylogénétique a été réalisée à l'aide du projet Nextstrain, une plateforme à code source ouvert pour l'analyse et la visualisation des données génomiques. Augur version 10.2.0 et Auspice version 2.21.0 ont été utilisés respectivement pour l'analyse bio-informatique et la visualisation des données. Les séquences de consensus ont été déposées sur GISAID (Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data).

Kappa a été comparé aux non-VP ou aux VI selon les critères de l'OMS (8) et aux principaux VP en circulation dans la région, Alpha et Gamma. Les indicateurs épidémiologiques inclus concernaient les données démographiques et les critères utilisés pour établir les VP : transmissibilité, virulence et efficacité des vaccins. L'évaluation de la transmissibilité a été limitée aux contacts familiaux afin de contrôler l'intensité et la

durée variables des contacts qui ont lieu dans la collectivité. La virulence a été évaluée par l'hospitalisation dans les 14 jours suivant le prélèvement de l'échantillon et le décès attribué à la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) avant le 1^{er} juin 2021. Les cas ont été classés selon leur statut vaccinal : aucune dose enregistrée, partiellement vacciné (au moins 14 jours après la 1^{re} dose) et complètement vacciné (au moins 14 jours après la 2^e dose). Une analyse statistique a été effectuée en comparant les cas Kappa aux cas Alpha et Gamma, les cas Kappa aux cas non VP/VI, et les cas Alpha et Gamma aux cas non VP/VI. Les tests du chi carré ou de Kruskal Wallis ont été réalisés à l'aide de STATA (version 16; StataCorp LLC), la signification statistique étant fixée à $\alpha = 0,05$.

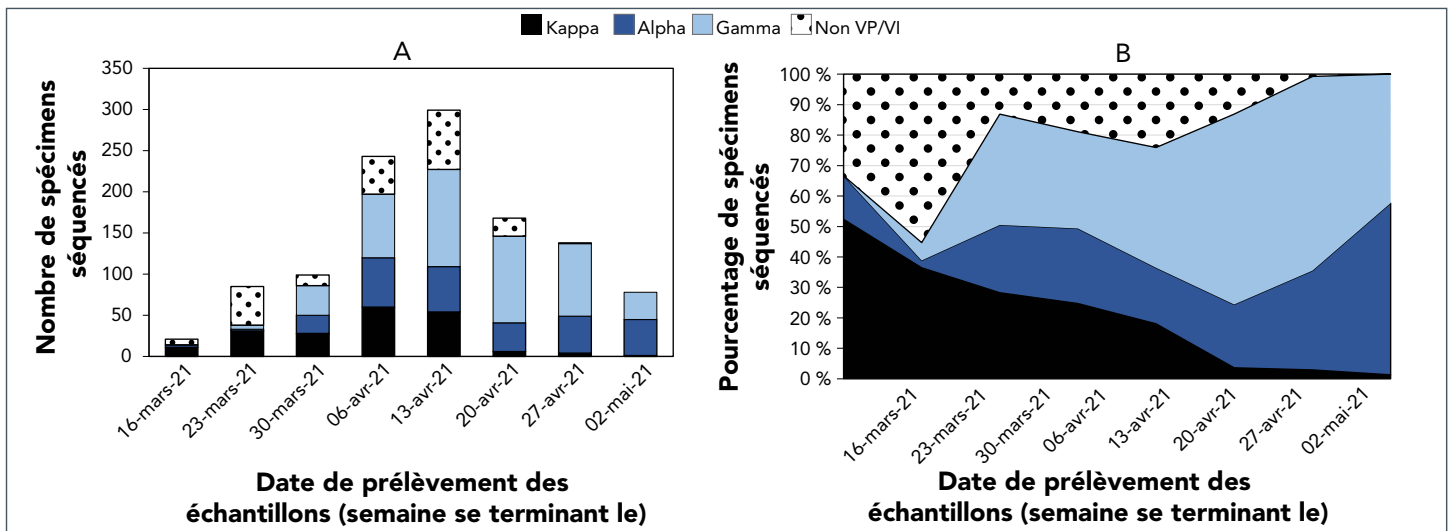
Résultats

Entre le 10 mars 2021 et le 2 mai 2021, 2 079 cas de COVID-19 ont été signalés dans la région Island Health; 54 % des spécimens ont été sélectionnés pour le séquençage du génome entier. La proportion de spécimens envoyés pour le séquençage du génome entier est restée relativement stable tout au long de la période d'étude. La **figure 1** présente une courbe épidémique de 1 131 cas séquencés, classés en Kappa, Alpha, Gamma et non VP/VI. Le premier spécimen Kappa a été collecté le 10 mars 2021 et initialement détecté dans environ la moitié des cas séquencés dans la région Island Health. Alors que le nombre de cas Kappa par semaine a augmenté et atteint un pic de plus de 50 par semaine au cours des deux premières semaines d'avril 2021, la proportion relative de cas Kappa a diminué en raison de la forte augmentation relative des cas Alpha et Gamma. Au 14 juillet 2021, le dernier cas de Kappa a été signalé le 2 mai 2021. Dix-neuf cas Delta et quatre cas Bêta ont été détectés et exclus de cette analyse, car il s'agissait de VP/VI relativement rares dans la région au cours de cette période.

Le **tableau 1** compare les caractéristiques des cas Kappa, Alpha et Gamma et des cas non VP/VI. La distribution des âges était similaire entre les cas Kappa et les cas non VP/VI, mais significativement différente par rapport aux cas Alpha et Gamma ($p < 0,01$). Un peu plus de la moitié des cas Kappa étaient des femmes (52,8 %), tandis que la majorité des cas Alpha et Gamma et des cas non VP/VI étaient des hommes (53,9 % et 58,2 %, respectivement). La source présumée était similaire pour les trois catégories de variantes, avec environ trois quarts des cas (73,0 %–77,3 %) liés à un cas ou à un groupe de cas confirmés et le reste inconnu. Un cas de Kappa était lié à un voyage international et n'était pas responsable sur le plan épidémiologique de l'introduction de Kappa dans la région. Aucune différence significative n'a été détectée dans le taux d'attaque parmi les contacts familiaux entre Kappa et Alpha et Gamma (33,7 % contre 37,7 %) ou non VP/VI (33,7 % contre 27,7 %). Cependant, Alpha et Gamma ont eu un taux d'attaque statistiquement plus élevé par rapport aux non VP/VI (37,7 % contre 27,7 %, $p = 0,01$). Des proportions similaires de cas symptomatiques ont été observées dans toutes les catégories.



Figure 1 : Nombre (A) et pourcentage (B) d'échantillons^a séquencés de cas de COVID-19 confirmés dans la région Island Health de Colombie-Britannique, Canada, du 10 mars au 2 mai 2021



Abréviations : COVID-19, maladie à coronavirus 2019; VI, variant d'intérêt; VP, variant préoccupant

^a Comme Kappa, Gamma ou non variant préoccupant/variant d'intérêt

Tableau 1 : Comparaison des caractéristiques des cas Kappa, Alpha et Gamma et des cas non variants préoccupants/variants d'intérêt dans la région Island Health de la Colombie-Britannique, Canada, du 10 mars au 2 mai 2021

Caractéristiques des cas	Variant du SRAS-CoV-2						valeur <i>p</i>		
	Kappa		Alpha et Gamma		Non VP/VI		Kappa contre Alpha et Gamma	Kappa contre non VP/VI	Alpha et Gamma contre non VP/VI
	n	%	n	%	n	%			
Données démographiques									
Nombre de cas (total = 1 131)	195	17,2	728	64,4	208	18,4	s.o.	s.o.	s.o.
Âge médian en années (EI)	34	21–54	33	23–50	36	25–56	0,63	0,46	0,10
Groupe d'âge (années)									
0 à 17	31	15,9	110	15,1	29	13,9	< 0,01	0,96	< 0,01
18 à 44	88	45,1	382	52,5	99	47,6			
45 à 64	46	23,6	178	24,5	51	24,5			
65 à 74	16	8,2	46	6,3	16	7,7			
75 et plus	14	7,2	12	1,7	13	6,3			
Sexe									
Femme	103	52,8	336	46,2	87	41,8	0,10	0,03	0,27
Homme	92	47,2	392	53,9	121	58,2			
Source présumée ^a									
Voyages internationaux	1	0,6	1	0,2	0	0,0	0,34	0,58	0,39
Lié à un cas confirmé ou à un groupe	131	73,2	525	77,3	138	73,0			
Inconnu	47	26,3	153	22,5	51	27,0			
Transmissibilité									
Taux d'attaque parmi les contacts familiaux	67/199	33,7	217/576	37,7	52/188	27,7	0,20	0,31	0,01



Tableau 1 : Comparaison des caractéristiques des cas Kappa, Alpha et Gamma et des cas non variants préoccupants/variants d'intérêt dans la région Island Health de la Colombie-Britannique, Canada, du 10 mars au 2 mai 2021 (suite)

Caractéristiques des cas	Variant du SRAS-CoV-2						valeur p		
	Kappa		Alpha et Gamma		Non VP/VI		Kappa contre Alpha et Gamma	Kappa contre non VP/VI	Alpha et Gamma contre non VP/VI
	n	%	n	%	n	%			
Virulence									
Symptomatique	171	87,7	629	86,4	183	88,0	0,64	0,83	0,45
Hospitalisation dans les 14 jours suivant le prélèvement de l'échantillon	3	1,5	33	4,5	8	3,9	0,06	0,16	0,67
Décès attribués à la COVID-19	1	0,5	5	0,6	1	0,5	0,79	0,96	0,64
Efficacité de la vaccination									
Aucune dose enregistrée	188	96,4	697	95,7	203	97,6	0,83	0,48	0,45
Partiellement vacciné	7	3,6	30	4,1	5	2,4			
Entièrement vacciné	0	0	1	0,1	0	0			

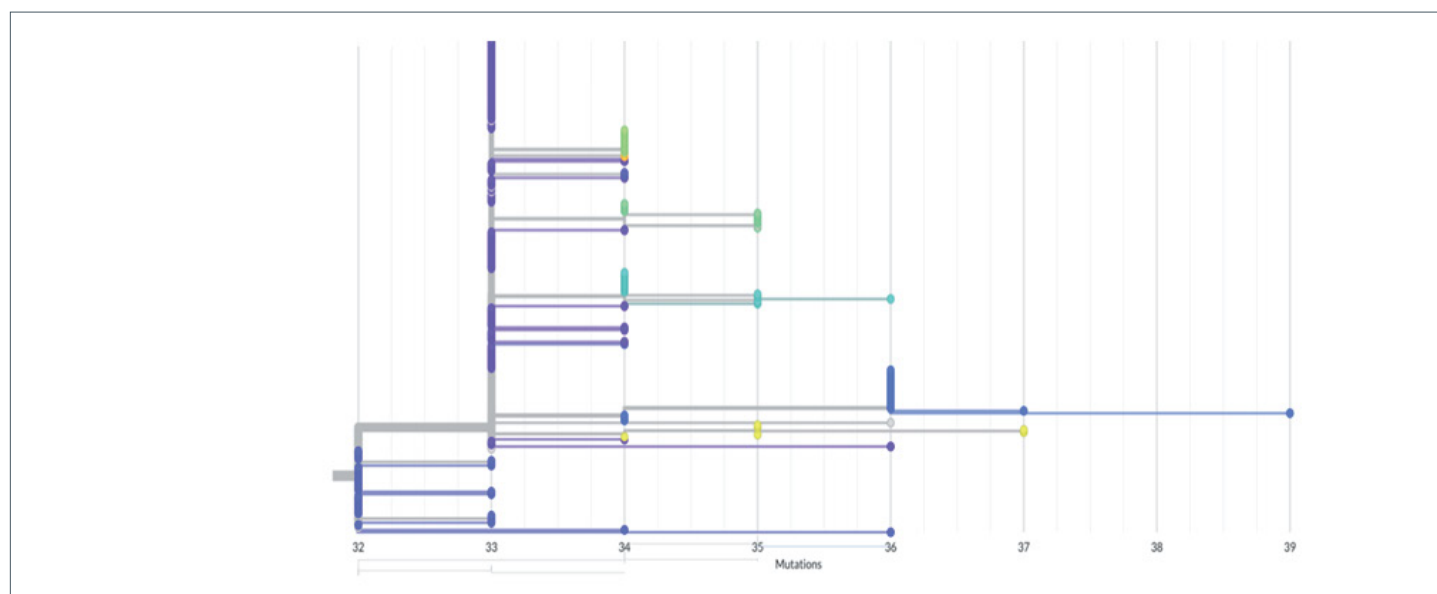
Abréviations : COVID-19, maladie à coronavirus 2019; EI, écart interquartile; SRAS-CoV-2, coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère 2; s.o., sans objet; VI, variant d'intérêt; VP, variant préoccupant

* 84 cas ont été exclus lorsqu'aucune catégorie d'exposition n'a été enregistrée, ce qui représente 7 % à 9 % de chacune des catégories de variants

Les taux d'hospitalisation n'étaient pas significativement inférieurs pour les cas Kappa par rapport aux cas Alpha et Gamma (1,5 % contre 4,5 %, $p = 0,06$). Les taux de létalité étaient faibles (0,5 %–0,6 %) et statistiquement similaires dans tous les groupes. La majorité des cas n'étaient pas vaccinés (95,7 %–97,6 %) et aucune différence statistique n'a été observée dans les cas d'infection post-vaccinale.

La **figure 2** présente un arbre phylogénétique des cas de Kappa dans cette étude. Parmi les 195 cas, sept groupes génomiques distincts ont été établis. Les groupes génomiques reflétaient la distribution géographique des cas et correspondaient aux schémas de transmission établis par les entretiens de recherche de contacts. Les groupes génomiques ne comprenaient aucun cas provenant d'autres régions de la Colombie-Britannique. Aucun des cas des sept groupes génomiques n'avait d'antécédents de voyage documentés.

Figure 2 : Diversité génétique du SRAS-CoV-2 pour les cas Kappa dans la région Island Health de la Colombie-Britannique, Canada, du 10 mars au 2 mai 2021^a



Abréviations : SRAS-CoV-2, coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère 2

^a Cet arbre provient de la souche de référence originale de Wuhan (MN908947.3), et affiche les séquences en fonction du nombre de mutations qui diffèrent de cette souche de référence (axe des x). La couleur des branches est basée sur la parenté génétique, déterminée par l'algorithme Cluster Picker



Discussion

Alors qu'il était responsable de plus d'un cas sur six pendant la période d'étude, d'environ un tiers des cas pendant les trois premières semaines de l'étude et de sept groupes génomiques et épidémiologiques distincts, Kappa a disparu de la région, le dernier cas ayant été détecté le 2 mai 2021. Au cours de la même période, Alpha et Gamma sont devenus les souches dominantes dans la région. Le fait que les variants Alpha et Gamma aient un taux d'attaque statistiquement plus élevé parmi les contacts familiaux que les variants non VP/VI suggère que, collectivement, ces variants sont plus transmissibles, ce que confirme leur désignation comme VP. Cette transmissibilité plus élevée peut expliquer pourquoi Alpha et Gamma semblent avoir surclassé Kappa, qui avait un taux d'attaque des ménages statistiquement similaire à celui des non VP/VI. Une tendance similaire a été observée au Royaume-Uni où, malgré une augmentation initiale rapide de la proportion de cas de Kappa, ce dernier est maintenant responsable de moins de 0,1 % des cas récents de VP/VI (8). En Inde, la proportion de cas séquencés était supérieure à 40 % pour le variant Kappa en mars 2021, mais elle est maintenant tombée à moins de 20 %, le variant Delta ayant dominé (9).

Le taux d'hospitalisation plus faible des cas Kappa par rapport aux cas Alpha et Gamma observés dans cette étude correspond aux résultats du Royaume-Uni où 1,0 % des cas Kappa ont été hospitalisés, contre 2,8 % des cas Alpha, et où aucun des plus de 400 cas Kappa n'est décédé (10). Bien qu'aucune différence n'ait été observée entre les cas d'infection post-vaccinale du vaccin Kappa et les cas non VP/VI dans cette étude, une étude utilisant le sérum de personnes vaccinées a montré une réduction de 2,7 fois des titres de neutralisation moyens géométriques contre la variante Kappa par rapport à une souche non VP/VI (11).

Étant donné que Kappa ne circulait pas au Canada avant sa détection dans cette région de la Colombie-Britannique, on suppose qu'il a été introduit par des voyages internationaux. Les données du groupe génomique suggèrent une introduction unique de Kappa dans la région, bien qu'aucun des cas n'ait eu d'antécédents de voyage. La date de prélèvement de l'échantillon le plus ancien (10 mars 2021) est postérieure à la mise en place par le gouvernement canadien de tests et de quarantaine obligatoires pour les voyageurs de retour au pays (22 février 2021). Il est possible que l'introduction initiale ait précédé l'introduction de ce programme et qu'elle n'ait pas été captée par les tests de routine.

Limites

Cette étude ne comporte probablement pas assez de candidats, ce qui pose un défi pour déterminer les petites différences entre les cas Kappa, Alpha et Gamma, et les cas non VP/VI. Au cours de la période d'étude, il y a également eu une couverture élevée de la première dose de vaccin ARNm chez les plus vulnérables (en particulier les personnes âgées de plus de 70 ans), et une

couverture globale de la première dose de vaccin qui est passée de ~10 % à 25 % pour les adultes de la région, ce qui a probablement réduit le risque relatif d'infection et de gravité chez les personnes vulnérables, réduisant ainsi la puissance de cette étude pour fournir des distinctions entre les catégories de variants.

Conclusion

Il est difficile de tirer des conclusions concernant la virulence et l'efficacité du vaccin, car les hospitalisations, les décès et les cas d'infection post-vaccinale sont des événements relativement rares. Cependant, l'épidémiologie de Kappa dans la région Island Health de Colombie-Britannique, au Canada, appuie l'affirmation de l'OMS selon laquelle Kappa ne répond pas aux critères du VP.

Enfin, la surveillance des variants décrite ici souligne l'importance de réaliser un séquençage du génome entier sur au moins une partie des cas qui sont catégorisés comme non VP sur la base de la réaction en chaîne par polymérase des mutations N501Y et E484K. Sans le séquençage du génome entier de ces échantillons, il est peu probable que Kappa ou Delta auraient été décelés dans la région, ce qui a guidé le séquençage du génome entier ciblé sur la base des liens épidémiologiques pour surveiller la propagation. Une stratégie similaire de surveillance des variants pourrait être utilisée dans le but de maintenir la détection des variants qui ne partagent pas les mutations communes trouvées dans les variants Alpha, Bêta et Gamma.

Déclaration des auteurs

C. G. et M. B. — Analyse des données épidémiologiques
N. P., H. S., K. K., L. H. — Analyse des données génomiques

Tous les auteurs ont contribué à la conceptualisation, à la méthodologie et à la rédaction du manuscrit.

Le contenu de l'article et les points de vue qui y sont exprimés dans cet article n'engagent que les auteurs et ne correspondent pas nécessairement à ceux du gouvernement du Canada.

Intérêts concurrents

Aucun.

Remerciements

L'équipe de surveillance de la gestion des cas et des contacts de Island Health et la Dre S. Allison ont participé à la gestion des cas mentionnés dans cette étude. Le personnel du laboratoire de santé publique du Centre de contrôle des maladies de la Colombie-Britannique a effectué le qPCR et le séquençage du variant préoccupant (VP) des échantillons



cliniques du coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère 2 (SRAS-CoV-2). La Dre A. Jassem et le Dr J. Tyson ont contribué au dépistage des VP et aux tests de séquençage du génome entier.

Financement

Aucun.

Références

1. World Health Organization. Weekly epidemiological update on COVID-19 - 11 May 2021. Geneva (CH): WHO; May 2021 (accédé 2021-07-21). <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---11-may-2021>
2. World Health Organization. Weekly epidemiological update on COVID-19 - 1 June 2021. Geneva (CH): WHO; June 2021 (accédé 2021-07-21). <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---1-june-2021>
3. Australian Government Department of Health. Greater Melbourne declared a hotspot for Commonwealth support. Canberra, Australia, AGDH; May 2021 (accédé 2021-07-21). <https://www.health.gov.au/news/greater-melbourne-declared-a-hotspot-for-commonwealth-support>
4. Hogan CA, Jassem AN, Sbihi H, Joffres Y, Tyson JR, Noftall K, Taylor M, Lee T, Fjell C, Wilmer A, Galbraith J, Romney MG, Henry B, Kraiden M, Galanis E, Prystajek N, Hoang LM. Rapid Increase in SRAS-CoV-2 P.1 Lineage Leading to Codominance with B.1.1.7 Lineage, British Columbia, Canada, January-April 2021. *Emerg Infect Dis* 2021;27(11):2802–9. DOI PubMed
5. Freed NE, Vlková M, Faisal MB, Silander OK. Rapid and inexpensive whole-genome sequencing of SRAS-CoV-2 using 1200 bp tiled amplicons and Oxford Nanopore Rapid Barcoding. *Biol Methods Protoc*. 2020;5(1):bpaa014. DOI
6. Galloway SE, Paul P, MacCannell DR, Johansson MA, Brooks JT, MacNeil A, Slayton RB, Tong S, Silk BJ, Armstrong GL, Biggerstaff M, Dugan VG. Emergence of SRAS-CoV-2 B.1.1.7 Lineage - United States, December 29, 2020-January 12, 2021. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* 2021;70(3):95–9. DOI PubMed
7. Rambaut A, Holmes EC, O'Toole Á, Hill V, McCrone JT, Ruis C, du Plessis L, Pybus OG. A dynamic nomenclature proposal for SRAS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nat Microbiol* 2020;5(11):1403–7. DOI PubMed
8. Organisation mondiale de la Santé. Suivi des variants du SRAS-CoV-2. Genève (CH) : OMS (modifié 2021-12; accédé 2021-07-21). <https://www.who.int/fr/activities/tracking-SRAS-CoV-2-variants/tracking-SRAS-CoV-2-variants>
9. Singh J, Rahman SA, Ehtesham NZ, Hira S, Hasnain SE. SRAS-CoV-2 variants of concern are emerging in India. *Nat Med* 2021;27(7):1131–3. DOI PubMed
10. Public Health England. SRAS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation in England. Technical briefing 15. London (UK): PHE; June 2021 (accédé 2021-07-21). https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/993879/Variants_of_Concern_VOC_Technical_Briefing_15.pdf
11. Liu C, Ginn HM, Dejnirattisai W, Supasa P, Wang B, Tuekprakhon A, Nutalai R, Zhou D, Mentzer AJ, Zhao Y, Duyvesteyn HM, López-Camacho C, Slon-Campos J, Walter TS, Skelly D, Johnson SA, Ritter TG, Mason C, Costa Clemens SA, Gomes Naveca F, Nascimento V, Nascimento F, Fernandes da Costa C, Resende PC, Pauvolid-Correa A, Siqueira MM, Dold C, Temperton N, Dong T, Pollard AJ, Knight JC, Crook D, Lambe T, Clutterbuck E, Bibi S, Flaxman A, Bittaye M, Belij-Rammerstorfer S, Gilbert SC, Malik T, Carroll MW, Klenerman P, Barnes E, Dunachie SJ, Baillie V, Serafin N, Ditse Z, Da Silva K, Paterson NG, Williams MA, Hall DR, Madhi S, Nunes MC, Goulder P, Fry EE, Mongkolsapaya J, Ren J, Stuart DI, Screaton GR. Reduced neutralization of SRAS-CoV-2 B.1.617 by vaccine and convalescent serum. *Cell* 2021;184(16):4220–4236.e13. DOI PubMed



Inégalités sociales des décès liés à la COVID-19 au Canada, par caractéristiques individuelles et locales, de janvier à juillet/août 2020 : résultats de deux processus nationaux d'intégration de données

Alexandra Blair^{1*}, Sai Yi Pan², Rajendra Subedi³, Fei-Ju Yang³, Nicole Aitken³, Colin Steensma¹

Résumé

Contexte : Malgré les premiers rapports sur les déterminants sociaux de l'infection par le coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère 2 (SRAS-CoV-2) et de la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19), les analyses sur les inégalités attribuables à la COVID-19 au niveau national ont été limitées. L'objectif de cette étude est de décrire les inégalités en matière des décès attribuables à la COVID-19 au Canada en utilisant des données préliminaires obtenues dans le cadre de l'Initiative pancanadienne sur les inégalités en santé.

Méthodes : Deux intégrations des données provisoires de la Base canadienne de données sur les décès de la Statistique de l'état civil ont été utilisées. Les données sur les décès survenus entre le 1^{er} janvier et le 4 juillet 2020 parmi les résidents de logements privés ont été liées aux données, au niveau individuel, provenant du questionnaire abrégé du Recensement de 2016. Cette intégration a permis de ventiler les données de mortalité selon le sexe et la situation de faible revenu, le type de logement, le type de ménage et la taille du ménage. Les données sur les décès survenus entre le 1^{er} janvier et le 31 août 2020 ont été liées aux données du Profil de Recensement au niveau local, du Recensement de 2016. Cette intégration de données a permis de ventiler des données de mortalité selon le sexe et les caractéristiques des quartiers, dont les ont été ventilées par sexe et par quintiles de composition ethnoculturelle (déterminés en fonction de la proportion de personnes ayant immigré récemment, appartenant à une minorité visible, étant nées à l'extérieur du Canada, ne connaissant ni l'anglais ni le français), par quintiles du revenu et par résidence dans une région métropolitaine. Les différences et les ratios des taux de mortalité liée à la COVID-19 normalisés selon l'âge (pour 100 000 habitants) entre groupes ont été estimés.

Résultats : En juillet/août 2020, les résidents d'appartement, des grands centres urbains, des quartiers ayant la plus forte concentration de composition ethnoculturelle ou des quartiers ayant les plus faibles revenus ont connu 14 à 30 décès liés à la COVID-19 pour 100 000 habitants de plus comparativement aux groupes de référence (résidents d'une maison individuelle non attenante, ceux qui se trouvent en dehors des centres urbains, ceux résidant dans des quartiers avec la concentration de composition ethnoculturelle la plus faible ou ceux détenant les revenus les plus élevés, respectivement). Les inégalités entre les sexes étaient également plus importantes dans ces quatre groupes (11 à 18 décès chez les hommes de plus que chez les femmes pour 100 000 habitants) que dans les groupes de référence (2 à 4 décès chez les hommes de plus que chez les femmes pour 100 000 habitants).

Conclusion : Ces résultats reflètent le fardeau global de mortalité plus élevé que subissent les populations défavorisées au niveau socioéconomique. Les domaines d'études futures sont abordés dans l'optique de guider une réponse à la pandémie axée sur l'équité en santé.

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



Affiliations

¹ Division des déterminants sociaux de la santé, Agence de la santé publique du Canada, Montréal, QC

² Division des déterminants sociaux de la santé, Agence de la santé publique du Canada, Ottawa, ON

³ Statistiques Canada, Ottawa, ON

*Correspondance :

alexandra.blair@phac-aspc.gc.ca



Citation proposée : Blair A, Pan SY, Subedi R, Yang F-J, Aitken N, Steensma C. Inégalités sociales des décès liés à la COVID-19 au Canada, par caractéristiques individuelles et locales, de janvier à juillet/août 2020 : résultats de deux processus nationaux d'intégration de données. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2022;48(1):30–42. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v48i01a05f>

Mots-clés : SRAS-CoV-2, COVID-19, mortalité, déterminants sociaux de la santé, équité en santé, Canada

Introduction

Les premiers rapports régionaux (1–3), provinciaux (4,5) et nationaux (6,7) au Canada ont indiqué que le fardeau de la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) n'a pas été réparti également chez la population canadienne. De plus, des analyses bivariées suggèrent que les populations racisées et à faible revenu ont connu des taux d'infection et de mortalité liées à la COVID-19 plus élevés que les groupes non-racisés ou aux revenus les plus élevés, dans plusieurs juridictions canadiennes. (1,2,7) Ces études soulignent l'importance des conditions sociales et économiques, connues collectivement sous le nom de déterminants sociaux de la santé (8), dans la distribution des infections par le coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère 2 (SRAS-CoV-2) et de la morbidité et de la mortalité liées à la COVID-19 (9,10).

Plusieurs hypothèses ont été proposées pour expliquer les inégalités en matière de mortalité liée à la COVID-19, chacune étant liée aux déterminants sociaux de la santé sous-jacents (9). Premièrement, elles peuvent être dues à des inégalités dans les infections par le SRAS-CoV-2 en raison d'inégalités sociales et économiques systémiques dans les conditions de vie ou de travail (9,11,12) dans lesquelles les stratégies de prévention, telles que la distanciation physique ou l'amélioration de la ventilation, sont plus difficiles à appliquer ou n'ont pas été mises en œuvre (13–15). Deuxièmement, elles peuvent être attribuables à des inégalités sociales et économiques persistantes (11) au niveau de la prévalence de conditions et de comportements à risque, tels que le tabagisme, l'obésité ou le diabète, qui exposent les populations défavorisées sur le plan socioéconomique à un risque plus élevé de morbidité liée à la COVID-19 (16). Troisièmement, elles peuvent être attribuables à des inégalités socioéconomiques en matière d'accès, d'utilisation et de qualité des soins de santé (9,11,17).

La déclaration à l'échelle nationale des cas de mortalité liée à la COVID-19 par groupes socioéconomiques au Canada reste limitée (18) et ce, malgré le besoin exprimé par les chercheurs et les collectivités (19–21) de contribuer à une préparation et une réponse à la pandémie axées sur l'équité. Pour combler cette lacune dans la déclaration des données nationales liées à la COVID-19, la présente analyse avait l'objectif de synthétiser les inégalités absolues et relatives selon des mesures individuelles et locales en matière de mortalité liée à la COVID-19 entre janvier et août 2020. Ce rapport s'insère dans l'effort continu de l'Initiative pancanadienne sur les inégalités en matière de santé (11).

Méthodes

Sources de données

Les données de ce rapport proviennent de deux intégrations de données réalisées par Statistique Canada (pour lesquelles l'équipe d'intégration des données était formée notamment des co-auteurs R. S., F. J. Y., N. A.). Le processus d'intégration des données de Statistique Canada fait référence à la combinaison de deux ou plusieurs ensembles de données. Les intégrations de données décrites ici ont été réalisées dans le contexte de la pandémie de COVID-19 pour informer plusieurs études, dont celle-ci. L'une des intégrations réalisées s'est faite entre la Base canadienne de données provisoire sur les décès de la Statistique de l'état civil et le Recensement de la population de 2016 du Canada, questionnaire abrégé (22). Ce couplage d'enregistrements au niveau individuel a été jumelé de façon déterministe au Dépôt d'enregistrements dérivés dans l'Environnement de couplage de données sociales de Statistique Canada (23). L'Environnement de couplage de données sociales est décrit comme un « environnement hautement sécurisé qui facilite la création de fichiers de données couplées sur la population à des fins d'analyse sociale. Il ne s'agit pas d'une grande base de données intégrées » (23). En tout, 96,4% des enregistrements provisoires de décès signalés entre le 1^{er} janvier et le 4 juillet 2020 ont été jumelés de façon déterministe au Dépôt d'enregistrements dérivés de l'Environnement de couplage de données sociales. Le taux de couplage des répondants du questionnaire abrégé du Recensement avec le dépôt d'enregistrements dérivés était de 96,8 %. Cette source de données couplée au recensement de la Base canadienne de données provisoire sur les décès de la Statistique de l'état civil comprend les décès liés à la COVID-19 survenus entre le 1^{er} janvier et le 4 juillet 2020, pour les résidents de logements privés, ce qui représente 98 % de la population canadienne (N = 4 430 décès; 1 990 femmes, 2 440 hommes; ici, le nombre de décès est arrondi, conformément aux règles relatives à la divulgation de Statistique Canada) (6,22,24). Les décès survenus dans des logements collectifs, y compris les soins de longue durée, ont été exclus.

L'autre intégration de données s'est faite entre la Base canadienne de données sur les décès de la Statistique de l'état civil et les mesures à l'échelle du quartier, grâce aux renseignements géographiques supplémentaires fournis sur le Fichier de conversion des codes postaux plus (FCCP+) de 2016 (25). Cette source de données liée Base canadienne de données provisoire sur les décès de la Statistique de l'état civil et FCCP+ comprend les décès liés à la COVID-19 survenus entre le



1^{er} janvier et le 31 août 2020, quel que soit le statut du logement (total arrondi de 9 265 décès liés à la COVID-19; 4 990 femmes, 4 275 hommes). Parmi les dossiers de décès liés à la COVID-19 signalés entre le 1^{er} janvier et le 31 août 2020, 99,7 % avaient des codes postaux trouvés dans le FCCP+.

Les données de la Base canadienne de données sur les décès de la Statistique de l'état civil sont provisoires et incomplètes pour plusieurs raisons. En effet, cet ensemble de données est sensible aux délais de déclaration des provinces et territoires et exclut les décès survenus au Yukon. Cependant, les taux de mortalité liée à la COVID-19 estimés à l'aide des données provisoires de l'état civil sont relativement similaires (à plus ou moins de 5 %) à ceux obtenus à l'aide des données de surveillance de la COVID-19 (22). De plus, les caractéristiques des individus enregistrées lors du Recensement de 2016 peuvent avoir changé au moment où les décès ont été enregistrés en 2020. Néanmoins, ces intégrations sont les meilleures sources disponibles de données nationales canadiennes concernant les caractéristiques socioéconomiques des décès liés à la COVID-19. Ces données peuvent fournir des éléments probants préliminaires sur les questions de santé publique émergentes afin d'orienter les recherches futures. Elles fournissent également des renseignements de base sur lesquels fonder le suivi futur.

Mesures

La mesure dépendante étudiée était la mortalité liée à la COVID-19, opérationnalisée en tant que taux de mortalité cumulé normalisé selon l'âge pour 100 000 habitants (ci-après dénommé le « taux de mortalité pour 100 000 habitants »; des renseignements plus détaillés concernant la normalisation sont fournis ci-dessous). La Base canadienne de données sur les décès de la Statistique de l'état civil identifie les décès liés à la COVID-19 en se basant sur les certificats de décès sur lesquels la COVID-19 figure comme cause sous-jacente du décès. Les codes U071 et U072 de la CIM-10 ont été utilisés pour identifier, respectivement, les décès parmi les personnes ayant reçu un résultat positif au test de dépistage du SRAS-CoV-2 (quel que soit le test de laboratoire utilisé) et les personnes identifiées comme des cas « potentiels » ou « probables », ou qui étaient « en attente d'un résultat de test (positif) ».

Sept mesures de stratification ont été utilisées pour étudier les déterminants sociaux de la santé connus, tels qu'identifiés dans le cadre des déterminants sociaux de la santé (8). À partir de l'intégration de Statistique provisoire de l'état civil et du questionnaire abrégé du Recensement de 2016, quatre mesures au niveau individuel ont été utilisées (i.e. basées sur les caractéristiques particulières liées au défunt, enregistrés dans le Recensement 2016) pour estimer les taux ventilés ainsi que les mesures d'inégalités. Ces mesures étaient les suivantes : mesure du faible revenu après impôt des ménages de Statistique Canada (26) (faible revenu ou non [groupe de référence]); type

de logement (i.e. appartement dans un immeuble de moins de cinq étages, appartement dans un immeuble de cinq étages ou plus, appartement dans un duplex, maison en rangée, maison jumelée, versus maison individuelle non attenante [groupe de référence]) (6); type de ménage (i.e. personne vivant seule, couple avec enfants, couple sans enfant, ménage multigénérationnel, ménages sans famille de recensement composés de deux personnes ou plus, à l'exclusion des ménages multigénérationnels, « autre » ménage comptant une famille de recensement, versus ménage monoparental [groupe de référence]) (6) et taille du ménage (i.e. ménage de deux personnes, trois personnes, quatre personnes, cinq personnes ou plus versus ménage d'une seule personne [groupe de référence]) (6).

À partir de l'intégration des données provisoires de la Statistique de l'état civil et du FCCP+, trois mesures à l'échelle du quartier (27) ont été utilisées (i.e. des mesures des caractéristiques du quartier du défunt au moment du décès, s'appuyant sur les renseignements sur le code postal résidentiel) pour estimer les taux ventilés et les mesures d'inégalités. Ces mesures étaient les suivantes : résidence à l'intérieur ou à l'extérieur (groupe de référence) d'une région métropolitaine de recensement, soit un grand centre urbain de 100 000 habitants ou plus (28); quintiles du revenu national après impôt par équivalent d'une personne seule (groupe de référence : quintile 5, revenus les plus élevés); et quintiles de la dimension de la composition ethnoculturelle nationale de l'Indice canadien de défavorisation multiple (groupe de référence : quintile 1, concentration la plus faible). Ce dernier est un indicateur composé qui saisit la concentration de personnes qui ont immigré récemment au Canada (au cours des cinq dernières années), qui appartiennent à une minorité visible, qui sont nées à l'extérieur du Canada ou qui n'ont aucune connaissance du français ou de l'anglais. Ce type de mesure peut aider à cerner les populations qui peuvent être particulièrement touchées par la discrimination et le désavantage systémiques. Par exemple, les personnes qui immigreront au Canada, particulièrement celles qui appartiennent à des minorités visibles, peuvent être victimes de formes structurelles ou institutionnelles de discrimination, notamment de discrimination raciale (i.e. de racisme « systémique » (29)), dans des domaines tels que le travail et le logement (11,12).

Les données ont également été ventilées par sexe. Bien que seules les données sur le sexe (présupposé à la naissance; « femme » ou « homme ») soient disponibles, cette étude se réfère ci-après aux inégalités selon le « sexe ou le genre ». Comme dans les rapports précédents (11), cette utilisation se fonde sur l'hypothèse que les inégalités de mortalité liée à la COVID-19 entre les hommes et les femmes, comme pour d'autres conditions de santé, sont déterminées par des facteurs liés à la fois au sexe biologique et au genre (11).



Analyses

Les taux globaux et selon le sexe ou le genre ont été normalisés selon l'âge par la méthode directe, sur la base de la population canadienne standard de 2011, en utilisant des intervalles d'âge de cinq ans (30). Les détails sur les groupes d'âge, les formules et les poids ont été décrits précédemment (30). Les taux ont été normalisés en fonction de l'âge pour permettre la comparaison entre les groupes qui peuvent présenter des différences dans la structure d'âge (30,31). Les intervalles de confiance pour ces taux ont été fixés à 95 % et ont été calculés en utilisant l'erreur type du taux normalisé (les détails et les formules sont fournis dans le **tableau supplémentaire S1**). (32) Les taux normalisés selon l'âge et les estimations des intervalles de confiance ont été réalisés à l'aide des logiciels SAS 9.4 (33) et SAS Enterprise Guide 7.1 (34).

Pour évaluer les inégalités relatives et absolues en matière de mortalité liée à la COVID-19, les différences et les ratios de taux ont été estimés entre les sous-groupes, globalement et en fonction du sexe et du genre (selon les principes de l'analyse fondée sur le sexe et le genre Plus; SGBA+) en soustrayant et en divisant les taux entre les sous-groupes, avec des intervalles de confiance à 95 % estimés en utilisant l'erreur type du taux pour chaque groupe comparé (les formules sont fournies dans le **tableau supplémentaire S1**) (35,36). Les figures ont été créées à l'aide du logiciel R (version 4.0.2) (37). Puisque les estimations relatives aux inégalités s'appuyaient que sur des analyses bivariées, les « valeurs-e » (ou « e-values » en anglais) (38) ont été estimées pour évaluer la sensibilité potentielle des résultats

aux variables de confusion non mesurées. Les « valeurs-e » représentent la taille minimale d'une association entre un facteur de confusion non mesuré et à la fois les mesures de stratification sociale et le risque de mortalité liée à la COVID-19, dans le but d'expliquer un ratio de risque observé. La « valeur-e » a été estimée comme suit : $RR_{\text{observé}} + \sqrt{\{RR_{\text{observé}} * (RR_{\text{observé}} - 1)\}}$ (38). Des valeurs-e plus élevées indiquent que des associations entre les facteurs de confusion potentiels non mesurés et les variables mesurées devraient être relativement fortes pour expliquer complètement les inégalités observées (38).

Résultats

Répartition de la mortalité liée à la COVID-19 dans les sous-populations

Au début de la pandémie, entre le 1^{er} janvier et le 4 juillet 2020, les taux de mortalité liée à la COVID-19 variaient selon les sous-groupes au niveau individuel (**tableau 1**). Les taux les plus bas et les plus élevés observés dans l'ensemble des sous-groupes mesurés concernaient les personnes vivant dans deux types de logements, respectivement : les taux allaient de neuf décès (pour les résidents de maisons individuelles non attenantes) à 23 et 26 décès (pour les résidents d'appartements) pour 100 000 habitants. Les taux étaient plus élevés chez les hommes que chez les femmes.

Tableau 1 : Taux de mortalité normalisé selon l'âge pour 100 000 habitants chez les résidents de logements privés, entre le 1^{er} janvier et le 4 juillet 2020, selon les facteurs de stratification au niveau individuel du Recensement de 2016, pour l'ensemble du Canada et par sexe

Facteurs de stratification	Taux de mortalité par 100 000 habitants normalisé selon l'âge					
	Tous		Femmes		Hommes	
	Taux pour 100 000 habitants	IC 95 %	Taux pour 100 000 habitants	IC 95 %	Taux pour 100 000 habitants	IC 95 %
Statut de mesure de faible revenu (après impôt)						
Personnes n'ayant pas un faible revenu	14	13, 14	11	10, 11	18	17, 19
Personnes à faible revenu	19	18, 20	15	14, 17	27	25, 30
Type de logement privé						
Maison individuelle non attenante	9	9, 10	7	7, 8	11	11, 12
Maison en rangée	13	11, 15	9	7, 11	19	15, 22
Maison jumelée	16	13, 18	12	9, 15	20	16, 24
Appartement dans un immeuble de cinq étages ou plus	23	21, 24	18	16, 19	33	30, 35
Appartement dans un immeuble de moins de cinq étages	24	23, 26	18	16, 20	36	33, 39
Appartement dans un duplex	26	23, 29	19	16, 21	37	32, 42
Type de ménage						
Famille monoparentale	13	12, 15	12	10, 13	19	14, 23
Ménage multigénérationnel	14	13, 16	13	11, 15	17	14, 20
Personne vivant seule	15	14, 15	11	11, 12	22	21, 24
Autre ménage comptant une famille de recensement ^a	15	13, 17	13	11, 16	16	13, 20



Tableau 1 : Taux de mortalité normalisé selon l'âge pour 100 000 habitants chez les résidents de logements privés, entre le 1^{er} janvier et le 4 juillet 2020, selon les facteurs de stratification au niveau individuel du Recensement de 2016, pour l'ensemble du Canada et par sexe (suite)

Facteurs de stratification	Taux de mortalité par 100 000 habitants normalisé selon l'âge					
	Tous		Femmes		Hommes	
	Taux pour 100 000 habitants	IC 95 %	Taux pour 100 000 habitants	IC 95 %	Taux pour 100 000 habitants	IC 95 %
Type de ménage (suite)						
Couple sans enfant	16	16, 17	14	12, 15	18	17, 19
Couple avec enfants	19	17, 22	10	7, 14	24	20, 27
Ménage sans famille de recensement de deux personnes ou plus (sauf multigénérationnel)	23	20, 27	19	15, 23	32	25, 39
Taille du ménage						
1 personne	15	14, 15	11	11, 12	22	21, 24
2 personnes	15	15, 16	12	11, 13	18	17, 19
3 personnes	15	14, 17	11	9, 12	21	18, 24
4 personnes	14	11, 16	11	9, 14	16	12, 19
5 personnes ou plus	17	15, 19	15	12, 17	20	16, 23

* Cela représente tous les ménages qui ne sont pas multigénérationnels où il y a une famille de recensement avec des personnes supplémentaires ou plus d'une famille de recensement

Entre le 1^{er} janvier et le 31 août 2020, les taux de mortalité liée à la COVID-19 variaient également selon les sous-groupes au niveau des quartiers (**tableau 2**). Pour 100 000 habitants, les taux variaient de quatre décès (pour les résidents en dehors des grands centres urbains) à 33 à 37 décès (pour les résidents

des grands centres urbains, des quartiers ayant les plus faibles revenus et ceux ayant la plus forte concentration de composition ethnoculturelle). Les taux dans ces populations étaient aussi plus élevés chez les hommes que chez les femmes.

Tableau 2 : Taux de mortalité normalisé selon l'âge pour 100 000 habitants parmi l'ensemble des résidents, du 1^{er} janvier au 31 août 2020, selon les facteurs de stratification au niveau des quartiers du Recensement de 2016, pour l'ensemble du Canada et par sexe

Facteurs de stratification	Taux de mortalité par 100 000 habitants normalisé selon l'âge					
	Tous		Femmes		Hommes	
	Taux pour 100 000 habitants	IC 95 %	Taux pour 100 000 habitants	IC 95 %	Taux pour 100 000 habitants	IC 95 %
Région métropolitaine de recensement (RMR)						
Dans les grands centres urbains (région métropolitaine de recensement, RMR)	33	32, 34	29	28, 29	39	38, 41
En dehors des grands centres urbains (en dehors des RMR)	4	3, 4	3	2, 3	5	4, 5
Composition ethnoculturelle						
Quintile 1 (concentration plus faible)	16	15, 17	14	13, 15	18	17, 20
Quintile 2	13	12, 14	12	11, 13	14	13, 16
Quintile 3	19	18, 20	16	15, 17	22	20, 24
Quintile 4	30	29, 31	25	24, 27	37	35, 39
Quintile 5	37	35, 38	31	30, 33	44	42, 47
Revenu des quartiers après impôt						
Quintile 1 (revenus plus faibles)	37	36, 39	30	29, 32	48	46, 50
Quintile 2	20	19, 20	16	15, 17	24	22, 25
Quintile 3	20	19, 21	18	17, 20	22	20, 24
Quintile 4	18	17, 19	16	15, 17	21	20, 23
Quintile 5	17	16, 18	16	15, 18	18	17, 20

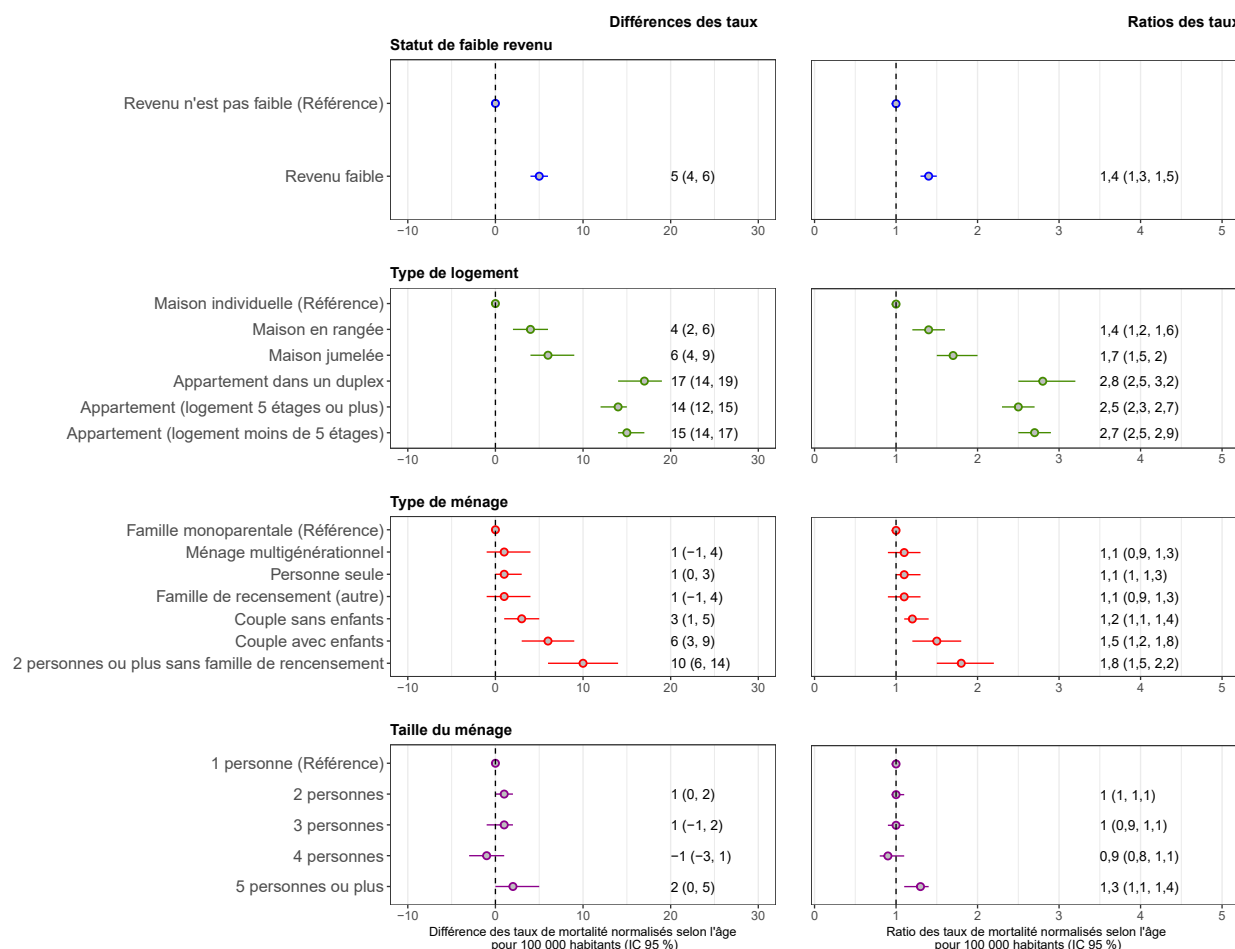


Inégalités absolues et relatives en matière de mortalité liée à la COVID-19 au sein des sous-groupes

Entre le 1^{er} janvier et le 4 juillet 2020, parmi les sous-groupes mesurés, les plus grandes inégalités absolues de mortalité liée à la COVID-19 parmi les résidents de logements privés ont été observées entre les résidents d'appartements (dans des duplex ou des immeubles à plusieurs étages) et les résidents de maisons individuelles non attenantes. Il y avait 14 à 17 décès de plus pour 100 000 (taux 2,5 à 2,8 fois plus élevés) chez les résidents d'appartements par rapport aux résidents de maisons individuelles non attenantes (**figure 1**) (les données présentées dans les figures 1 à 4 sont disponibles dans les **tableaux supplémentaires S2 à S5**, respectivement). Des inégalités moins importantes ont été observées entre les personnes vivant dans d'autres types d'habitation (maisons en rangée et maisons jumelées) et celles vivant dans des maisons individuelles non attenantes (le ratio des taux observés allait de 1,4 à 1,7, soit des différences de taux de 4 à 6 décès supplémentaires pour 100 000 habitants). De même, des inégalités moins importantes

ont été observées dans les sous-groupes pour type de ménage et statut de faible revenu; le ratio des taux observés allait de 1,1 à 1,8, et les différences de taux d'un à dix décès supplémentaires pour 100 000 dans ces sous-groupes (**figure 1**). Il y avait peu ou pas de différences dans les taux selon la taille des ménages (comme l'indique le chevauchement des intervalles de confiance à 95 % de la valeur nulle) (**figure 1**). Des analyses de sensibilité de la « valeur-e » ont été menées pour évaluer le risque de biais de confusion sur ces estimations bivariées d'inégalité. Les résultats suggèrent que les inégalités observées dans le risque de mortalité liée à la COVID-19 en fonction du statut de faible revenu, du type de ménage et du type d'habitation pourraient être entièrement expliquées par un facteur de confusion non mesuré qui aurait une association de RR = 2,1 à 5,0 (selon les groupes sociaux), à la fois avec ces dernières mesures d'exposition et le risque de la mortalité liée à la COVID-19, respectivement (**tableau supplémentaire S6**). En d'autres termes, il faudrait que le facteur de confusion non mesuré ait une association plus forte que celles observées pour les facteurs mesurés dans cette étude (**figure 1**).

Figure 1 : Différences de taux et ratios des taux de mortalité normalisés selon l'âge (pour 100 000 habitants) en fonction des caractéristiques individuelles, du 1^{er} janvier au 4 juillet 2020

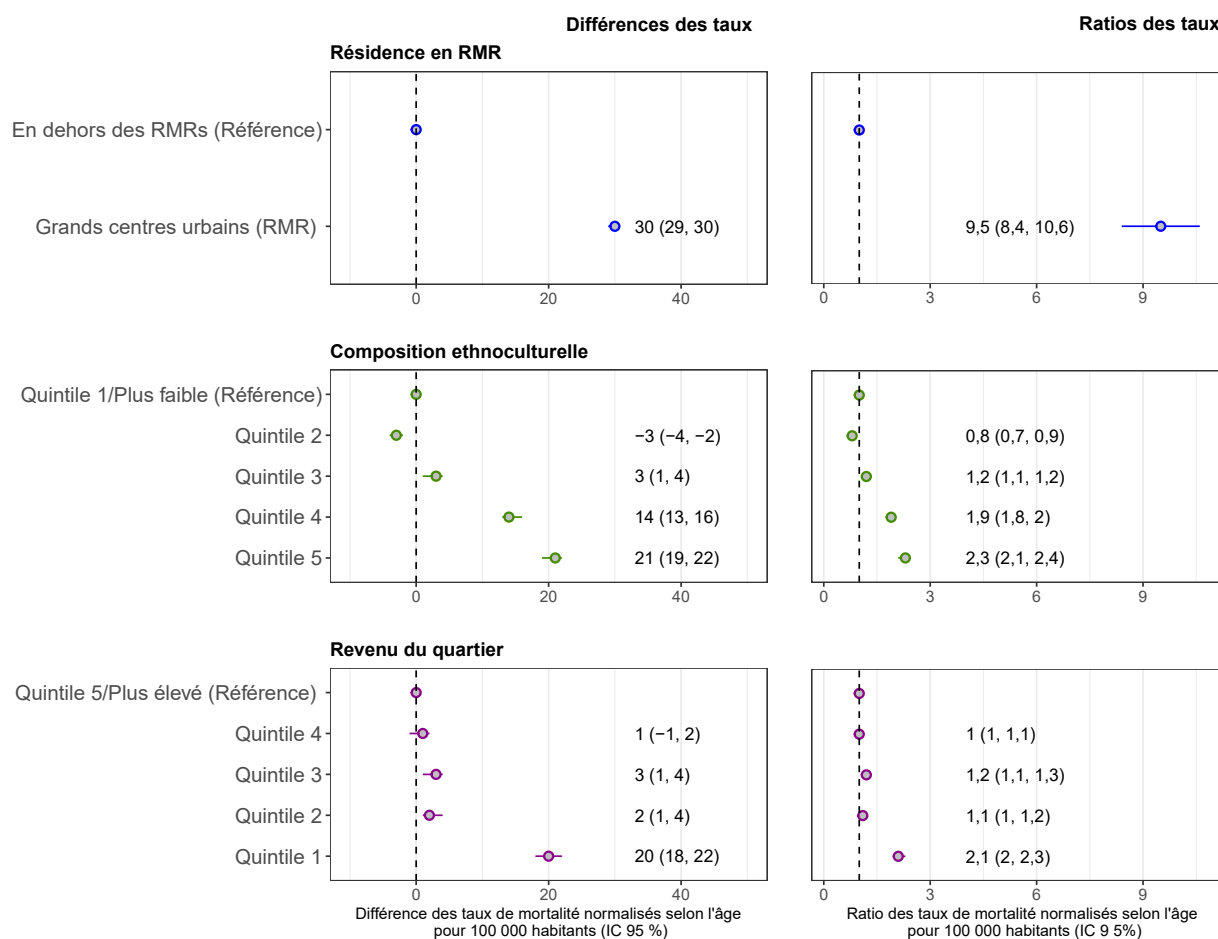




Entre le 1^{er} janvier et le 31 août 2020, parmi les sous-groupes évalués, les inégalités absolues les plus importantes en matière de mortalité liée à la COVID-19 ont été observées entre les résidents vivant à l'intérieur et à l'extérieur des grands centres urbains. Il y avait 30 décès de plus pour 100 000 habitants (taux 9,5 fois plus élevé) dans les centres urbains (**figure 2**). De grandes inégalités ont également été observées entre les quintiles de composition ethnoculturelle et de revenu du quartier. Pour 100 000 habitants, il y avait 14 à 21 décès de plus (taux 1,9 à 2,3 fois plus élevés) dans les quartiers ayant la plus

forte concentration de composition ethnoculturelle (quintiles 4 et 5 par rapport au quintile 1) et 20 décès de plus (taux 2,1 fois plus élevés) dans les quartiers ayant les plus faibles revenus (quintile 1 par rapport au quintile 5) (figure 2). Des analyses de sensibilité ont suggéré que ces dernières associations ne pouvaient être entièrement expliquées que par un facteur de confusion non mesuré, avec une association de RR = 3,2 à 18,5, selon les groupes sociaux, à la fois avec ces dernières expositions et le risque de mortalité lié à la COVID-19, respectivement (**tableau supplémentaire S7**).

Figure 2 : Différences de taux et ratios des taux de mortalité normalisés selon l'âge (pour 100 000 habitants) en fonction des caractéristiques des quartiers, du 1^{er} janvier au 31 août 2020



Abréviation : RMR, région métropolitaine de recensement

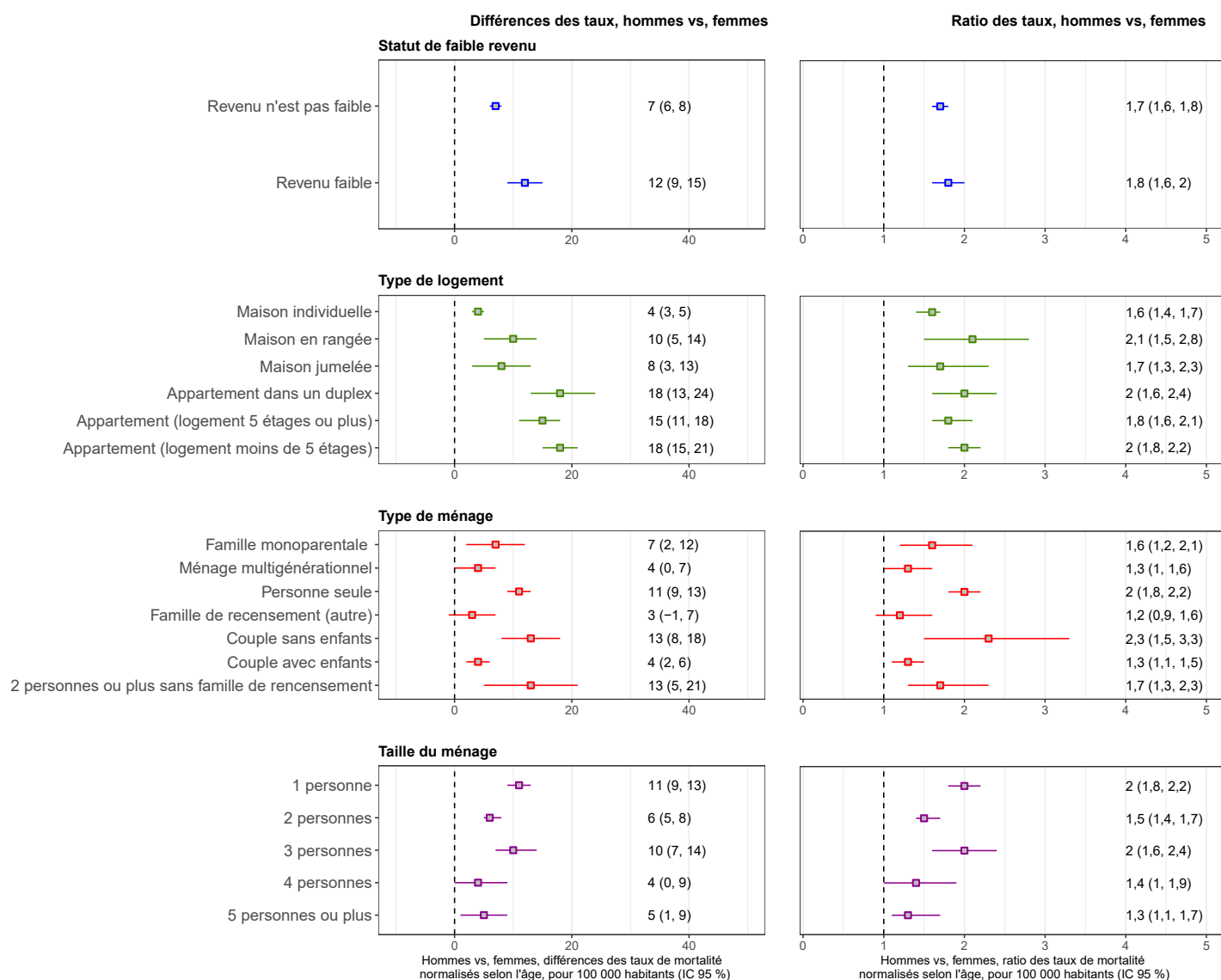


Les différences de taux pour les autres groupes de quintiles de revenu du quartier (quintiles 2 à 4) et les groupes de quintiles de composition ethnoculturelle (quintiles 2 à 3) variaient d'un à trois décès pour 100 000 habitants (ratios de 0,8 à 1,2), et plusieurs des intervalles de confiance à 95 % chevauchaient la valeur nulle (figure 2).

Inégalités entre les hommes et les femmes en matière de mortalité liée à la COVID-19 au sein des sous-populations

Entre le 1^{er} janvier et le 4 juillet 2020, parmi les résidents de logements privés, les plus grandes inégalités de mortalité entre les hommes et les femmes concernaient les habitants d'appartements (différence de 15 à 18 décès supplémentaires pour 100 000 habitants, ratios hommes-femmes de 1,8 à 2) (figure 3). Dans les autres sous-groupes de type d'habitation, les différences de taux allaient de quatre à dix décès pour 100 000 habitants (ratio hommes-femmes de 1,6 à 2,1) (figure 3).

Figure 3 : Différences et ratios de taux de mortalité normalisés selon l'âge entre les hommes et les femmes (groupe de référence) par sous-groupes au niveau individuel, du 1^{er} janvier au 4 juillet 2020

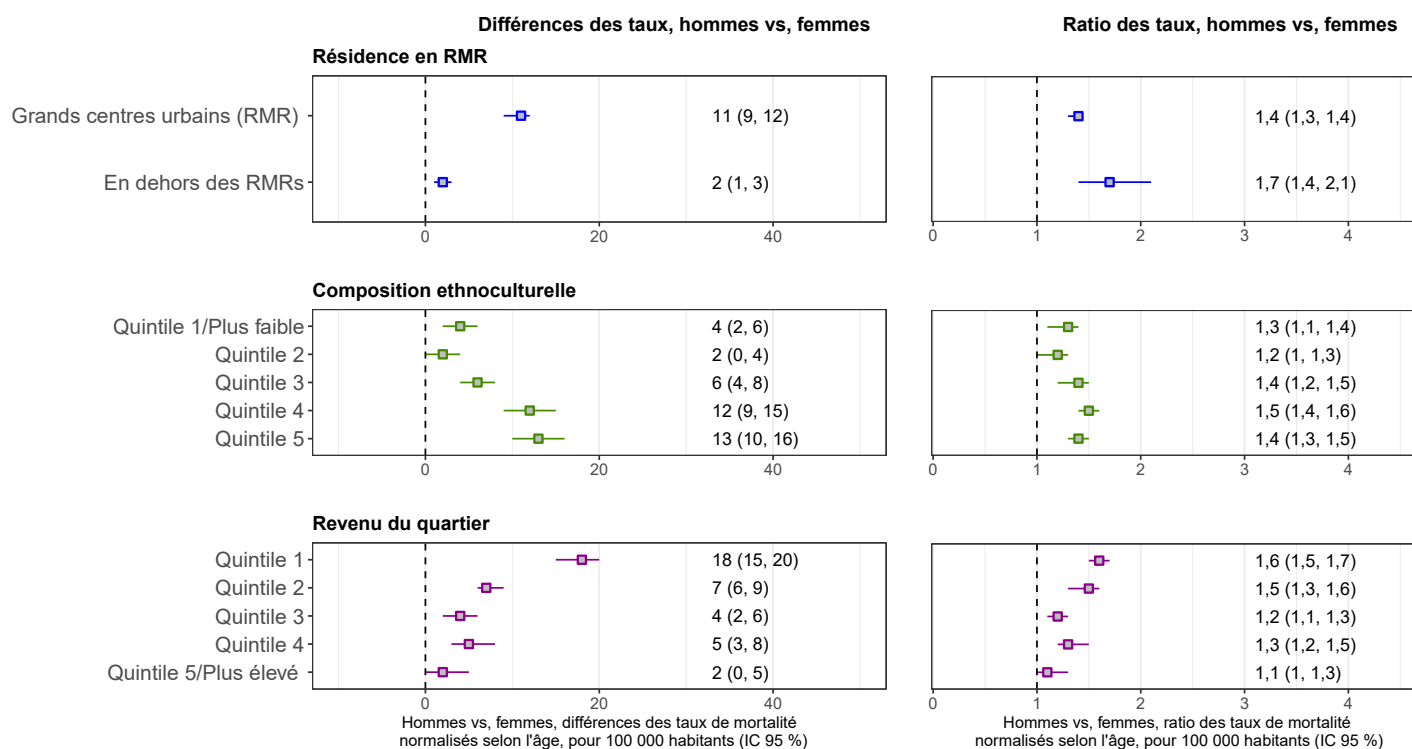




Parmi les types de ménages, les plus grandes inégalités entre les sexes étaient observées au sein des ménages d'une personne, des ménages sans famille de recensement de deux personnes ou plus et des couples avec enfants (différences de taux de 11 à 13 pour 100 000 habitants, ratio hommes-femmes de 1,7 à 2,3) (figure 3). Dans les autres types de ménages, les différences allaient de trois à sept pour 100 000 habitants (ratio hommes-femmes de 1,2 à 1,6), avec plusieurs intervalles de confiance à 95 % chevauchant la valeur nulle (figure 3). Les hommes ont connu 12 décès de plus pour 100 000 habitants que les femmes (ratio hommes-femmes de 1,8) dans les groupes à faible revenu, contre sept décès de plus pour 100 000 habitants (ratio hommes-femmes de 1,7) dans les groupes qui ne sont pas à faible revenu (figure 3). Enfin, par rapport aux femmes, les hommes ont connu entre 6 et 11 décès de plus dans les ménages d'une à trois personnes (taux 1,5 à 2 fois plus élevés) (figure 3). Dans les autres sous-groupes liés à la taille de ménage, les intervalles de confiance à 95 % pour les différences de taux et les ratios étaient près de la valeur nulle (figure 3).

De même, entre le 1^{er} janvier et le 31 août 2020, les inégalités selon le sexe et le genre variaient en fonction des ventilations au niveau des quartiers. Il y avait 11 décès de plus chez les hommes que chez les femmes pour 100 000 habitants dans les régions métropolitaines de recensement, comparativement à deux décès de plus chez les hommes pour 100 000 habitants à l'extérieur des centres urbains (**figure 4**). La différence de taux de mortalité entre les hommes et les femmes était la plus importante dans le quartier ayant les plus faibles revenus ou ayant la plus forte concentration de composition ethnoculturelle : pour 100 000 habitants, il y avait 18 décès de plus chez les hommes dans le quintile 1 de revenu (taux 1,6 fois plus élevé que chez les femmes) et 13 décès de plus chez les hommes dans le quintile 5 de composition ethnoculturelle (taux 1,4 fois plus élevé que chez les hommes que chez les femmes) (figure 4).

Figure 4 : Différences et ratios de taux de mortalité normalisée selon l'âge entre les hommes et les femmes (groupe de référence) par sous-groupes au niveau des quartiers, du 1^{er} janvier au 31 août 2020



Abréviation : RMR, région métropolitaine de recensement



Discussion

Cette étude visait à donner un aperçu des inégalités aux niveaux individuel et de quartier en matière de mortalité liée à la COVID-19 au Canada, au début de la pandémie. Au niveau individuel, les plus grandes inégalités de mortalité ont été observées entre les résidents d'appartements et ceux de maisons individuelles non attenantes. Au niveau des quartiers, de grandes inégalités ont été observées entre les personnes vivant dans les grands centres urbains, dans les quartiers ayant les plus faibles revenus et ayant la plus forte concentration de composition ethnoculturelle, par rapport aux groupes de référence respectifs. Les inégalités entre les taux de mortalité des hommes et des femmes étaient également plus élevées dans chacun des sous-groupes ci-dessus. Ces résultats reflètent le fardeau global de mortalité attribuable à la COVID-19 plus élevé que subissent les populations défavorisées.

Les inégalités observées, notamment en ce qui concerne les revenus et la composition ethnoculturelle, sont conformes aux résultats précédemment obtenus au Canada aux niveaux régional (1–3), provincial (4,5) et national (6,7,39). De plus, les inégalités entre les hommes et les femmes et le revenu à l'échelle des quartiers concordent également à ce qui a été observé pour d'autres maladies infectieuses et chroniques ainsi que pour la mortalité globale au Canada (11,40,41).

Des rapports antérieurs ont souligné que les inégalités en matière de mortalité attribuable à la COVID-19 peuvent s'expliquer par des différences sociales et économiques dans l'infection par le SRAS-CoV-2 (13–15), et à la répartition des facteurs de risque de mortalité, notamment la prévalence des maladies chroniques ainsi que l'accès et l'utilisation des services de santé (9). Par exemple, les inégalités systémiques dans les conditions de vie et de travail peuvent entraîner une répartition inéquitable des infections et des risques de morbidité (8). Les inégalités plus importantes entre les hommes et les femmes en matière de mortalité liée à la COVID-19 observées dans certains sous-groupes sont probablement un indicateur de l'interaction entre les facteurs immunologiques liés au sexe (42) et les expériences domestiques et professionnelles liées au genre qui façonnent le risque d'infection et de morbidité, y compris les comportements à risque (e.g. le tabagisme, le faible recours aux services de soins de santé (11) et la prévalence de maladies chroniques (42)).

De plus, les déterminants sociaux potentiels des issues de santé découlant de la COVID-19 peuvent inclure les mesures de santé publique, qui peuvent avoir des effets différents sur les populations, notamment en ce qui concerne la transmission du SRAS-CoV-2. Par exemple, un rapport de la *Toronto Foundation* indiquait comment la fermeture de lieux de travail non essentiels était associée à des taux de transmission du SRAS-CoV-2 plus faibles dans les quartiers ayant des revenus plus élevés, où davantage de résidents pouvaient travailler à domicile (43).

Cette politique semble être moins efficace dans les quartiers ayant de plus faibles revenus et une plus forte concentration de populations de minorités visibles (43). Il est courant que les interventions de la santé publique d'envergure universelle aient des effets variables si certains groupes socioéconomiques sont confrontés à des obstacles structurels qui les empêchent de profiter des avantages de ces interventions (44,45), comme l'incapacité de travailler à domicile, (46) l'absence de temps libre pour accéder à des services ou ressources, ou les barrières linguistiques (11). Comme tel, certains chercheurs ont notamment stipulé que les stratégies qui proposent une combinaison d'approches universelle et ciblées, fondées sur les besoins proportionnels des populations, permettraient de surmonter ces limites (47).

Par ailleurs, le fait que le fardeau de la mortalité attribuable à la COVID-19 diffère dans certains groupes, mais qu'il ne diffère pas dans d'autres groupes, suppose que ces inégalités de mortalité peuvent être évitées. Par conséquent, ces inégalités peuvent être considérées comme inévitables (48). À la lumière de ces résultats, il est évident que des efforts doivent être déployés pour avancer l'équité en santé au Canada pendant cette pandémie et à l'avenir dans le but de prévenir ces inégalités, conformément à ce qui est proposé dans le rapport intitulé *Les principales inégalités en matière de santé au Canada* (11).

Limites

Cette étude présente plusieurs limites. Premièrement, cette analyse visait à mieux comprendre les différences de mortalité entre les sous-populations, en utilisant les meilleures sources de données disponibles. Cependant, tel qu'indiqué précédemment, les données provisoires utilisées dans ce rapport ont probablement sous-estimé les taux de mortalité liée à la COVID-19. Les taux rapportés ne tiennent pas compte de tous les décès liés à la COVID-19 survenus au Canada pendant la période d'étude. À ce stade, il est impossible de mesurer si et comment la sous-déclaration de décès aurait pu influencer l'ampleur des inégalités observées. De plus, il n'était pas possible d'estimer, avec les données disponibles, comment les différences de sous-déclaration entre les groupes, ou les changements spatio-temporels de la sous-déclaration ou des taux de transmission, auraient pu influencer l'ampleur des inégalités au fil du temps. Deuxièmement, en raison des limitations de l'accès aux données, cette étude n'a pas exploré les interactions entre les mesures; également, aucune analyse multivariée n'a été réalisée pour identifier les mécanismes spécifiques par lesquelles ces inégalités se manifestent. Bien que les analyses de sensibilité effectuées suggèrent une vulnérabilité minimale à modérée à l'égard des biais de confusion potentiels, des analyses multivariées ultérieures sont nécessaires afin de combler ces lacunes. Troisièmement, les caractéristiques personnelles ou à l'échelle des quartiers peuvent avoir changé entre le moment de la collecte du Recensement de 2016 et celui où les décès sont survenus. Au moment de réaliser cette étude, il n'était pas possible d'estimer comment ce facteur



aurait pu influencer les estimations des inégalités. Également, cette étude n'a pas permis de distinguer les décès (parmi les bases de données des décès intégrées avec les données à l'échelle des quartiers ainsi que les inégalités qui en découlent) étant survenus auprès de résidents d'établissements de soins de longue durée de ceux survenus dans les logements privés. Ainsi, il est important de considérer ces aspects dans le cadre d'études futures. Enfin, cette étude n'a pas exploré plusieurs autres déterminants sociaux, notamment le genre, l'identité Autochtone, ou la race/l'ethnicité, puisque ces données n'étaient pas disponibles. L'exploration de ces déterminants sociaux, et des inégalités par province et territoire, à des moments ultérieurs de la pandémie, notamment après l'apparition des variants préoccupants du virus (49) et des campagnes de vaccination, s'avère un autre domaine important de recherches futures.

Conclusion

Le fardeau de mortalité liée à la COVID-19 entre janvier et juillet/août 2020 n'a pas été vécu de la même manière pour toutes les populations et communautés du Canada. Cette étude souligne l'influence des déterminants sociaux de la santé et des inégalités socioéconomiques dans la répartition inéquitable du fardeau de la COVID-19, et la nécessité de prendre en considération ces facteurs dans les analyses futures, afin de préparer une réponse à la pandémie axée sur l'équité en santé.

Déclaration des auteurs

A. B. — Conceptualisation de l'étude, réalisation des analyses des inégalités absolues et relatives, interprétation des données, rédaction et révision du manuscrit

S. Y. P. — Conceptualisation de l'étude, réalisation des analyses des inégalités absolues et relatives, rédaction et commentaires sur le manuscrit

N. A. — Estimation des taux ventilés et fourni des commentaires sur le manuscrit

F. J. Y. — Estimation des taux ventilés et fourni des commentaires sur le manuscrit

R. S. — Estimation des taux ventilés et fourni des commentaires sur le manuscrit

C. S. — Conceptualisation de l'étude et fourni des commentaires sur le manuscrit

Intérêts concurrents

Aucun.

Remerciements

Cette analyse est le fruit de l'Initiative pancanadienne sur les inégalités en santé. Créée en 2012 et dirigée par l'Agence de la santé publique du Canada (l'Agence), l'Initiative pancanadienne sur les inégalités en santé implique une collaboration entre l'Agence, Statistique Canada, le Réseau pancanadien de santé

publique, l'Institut canadien d'information sur la santé et le Centre de gouvernance de l'information des Premières Nations. Les rapports antérieurs de l'Initiative pancanadienne sur les inégalités en santé incluaient un outil interactif en ligne de données sur les inégalités en santé (outil de données sur les inégalités en santé) et *Les principales inégalités en santé au Canada de 2018 : A National Portrait*. Nous tenons à remercier Scott Van Millingen et Hongbo Liang pour leur contribution au développement de l'outil de données liées à la COVID-19 de l'Initiative pancanadienne sur les inégalités en santé et de l'outil de données sur les inégalités de santé.

Financement

Ce travail a été soutenu par l'Agence de santé publique du Canada.

Matériel supplémentaire

Ces documents sont accessibles dans le dossier

[Tableaux supplémentaires](#)

Tableau supplémentaire S1

Tableau supplémentaire S2

Tableau supplémentaire S3

Tableau supplémentaire S4

Tableau supplémentaire S5

Tableau supplémentaire S6

Tableau supplémentaire S7

Références

1. Toronto Public Health. COVID-19: Pandemic Data. Toronto (ON): TPH; June 2021 (accédé 2021-10-27). <https://www.toronto.ca/home/covid-19/covid-19-pandemic-data/>
2. Ottawa Public Health. COVID-19 and Racial Identity in Ottawa; February to August 2020. Toronto (ON): TPH; November 2020 (accédé 2021-10-27). <https://www.ottawapublichealth.ca/en/reports-research-and-statistics/resources/Documents/covid-19/Special-Focus/Report---COVID-19-and-Racial-Identity-in-Ottawa-2020.pdf>
3. Direction régionale de la santé publique de Montréal. Le point sur la santé des Montréalais en période de pandémie. Montréal (QC) : Santé Montréal; 2020 (accédé 2021-10-27). <https://santemontreal.qc.ca/population/coronavirus-covid-19/situation-du-coronavirus-covid-19-a-montreal/point-sante/populations-racisees/>
4. ICES. ICES releases report on COVID-19 in immigrants, refugees and other newcomers in Ontario. ICES; September 2020 (accédé 2021-10-27). <https://www.ices.on.ca/Newsroom/Announcements-and-Events/2020/ICES-releases-report-on-COVID-19-in-Immigrants-Refugees-and-Other-Newcomers-in-Ontario>



5. Chung H, Fung K, Ferreira-Legere LE, Chen B, Ishiguro L, Kalappa G, Gozdyra P, Campbell T, Paterson JM, Bronskill SE, Kwong JC, Guttman A, Azimae M, Vermeulen MJ, Schull MJ. COVID-19 Laboratory Testing in Ontario: Patterns of Testing and Characteristics of Individuals Tested, as of April 30; 2020. ICES, 2020 (accédé 2021-10-27). <https://www.ices.on.ca/Publications/Atlases-and-Reports/2020/COVID-19-Laboratory-Testing-in-Ontario>
6. Statistique Canada. Yang F, Aitken N. Les personnes qui vivaient en appartement ou au sein d'un ménage plus nombreux étaient plus à risque de mourir de la COVID-19 au cours de la première vague de la pandémie. Ottawa (ON) : StatCan; 2021 (accédé 2021-10-27). <https://www150.statcan.gc.ca/n1/pub/45-28-0001/2021001/article/00004-fra.htm>
7. Statistique Canada. StatCan et la COVID-19 : Des données aux connaissances, pour bâtir un Canada meilleur. Subedi R, Greenberg L, Turcotte M. Taux de mortalité attribuable à la COVID-19 dans les quartiers ethnoculturels du Canada. Ottawa (ON) : StatCan; 2020 (accédé 2021-10-27). <https://www150.statcan.gc.ca/n1/pub/45-28-0001/2020001/article/00079-fra.htm>
8. World Health Organization. Solar O, Irwin A. A conceptual framework for action on the social determinants of health. Geneva, CH; WHO; 2010 (accédé 2021-10-27). https://www.who.int/sdhconference/resources/ConceptualframeworkforactiononSDH_eng.pdf
9. Agence de la santé publique du Canada. Du risque à la résilience : Une approche axée sur l'équité concernant la COVID-19. Rapport de l'administratrice en chef de la santé publique. Ottawa (ON) : ASPC; 2020 (accédé 2021-10-27). <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/organisation/publications/rapports-etat-sante-publique-canada-administrateur-chef-sante-publique/du-risque-resilience-approche-equite-covid-19.html2>
10. Mishra S, Kwong JC, Chan AK, Baral SD. Understanding heterogeneity to inform the public health response to COVID-19 in Canada. CMAJ 2020;192(25):E684–5. DOI PubMed
11. Agence de la santé publique du Canada. Les principales inégalités en santé au Canada – Sommaire exécutif. Ottawa (ON) : ASPC; 2018 (accédé 2021-10-27). <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/publications/science-recherche-et-donnees/rapport-principales-inegalites-sante-canada-sommaire-executif.htm>
12. Walk RA, Bourne LS. Ghettos in Canada's cities? Racial segregation, ethnic enclaves and poverty concentration in Canadian urban areas. Can Geogr 2006;50(3):273–97. DOI
13. Bi Q, Wu Y, Mei S, Ye C, Zou X, Zhang Z, Liu X, Wei L, Truelove SA, Zhang T, Gao W, Cheng C, Tang X, Wu X, Wu Y, Sun B, Huang S, Sun Y, Zhang J, Ma T, Lessler J, Feng T. Epidemiology and transmission of COVID-19 in 391 cases and 1286 of their close contacts in Shenzhen, China: a retrospective cohort study. Lancet Infect Dis 2020;20(8):911–9. DOI PubMed
14. International Long Term Care Policy Network. Hsu AT, Lane N, Sinha SK, Dunning J, Dhuper M, Kahiel Z, Sveistrup H. Impact of COVID-19 on residents of Canada's long-term care homes—ongoing challenges and policy responses. ILTCNP; 2020 (accédé 2021-10-27). https://ltccovid.org/wp-content/uploads/2020/05/LTCCovid-country-reports_Canada_Hsu-et-al_May-10-2020-2.pdf
15. Leso V, Fontana L, Iavicoli I. Susceptibility to Coronavirus (COVID-19) in Occupational Settings: The Complex Interplay between Individual and Workplace Factors. Int J Environ Res Public Health 2021;18(3):10. DOI PubMed
16. Statistique Canada. StatCan et la COVID-19 : Des données aux connaissances, pour bâtir un Canada meilleur. O'Brien K, St-Jean M, Wood P, Willbond S, Phillips O, Currie D, Turcotte M. Comorbidités liées aux décès impliquant la COVID-19 au Canada. Ottawa (ON) : StatCan; 2020 (accédé 2021-10-27). <https://www150.statcan.gc.ca/n1/pub/45-28-0001/2020001/article/00087-fra.htm>
17. Bryant T, Leaver C, Dunn J. Unmet healthcare need, gender, and health inequalities in Canada. Health Policy 2009;91(1):24–32. DOI PubMed
18. Blair A, Warsame K, Naik H, Byrne W, Parnia A, Siddiqi A. Identifying gaps in COVID-19 health equity data reporting in Canada using a scorecard approach. Can J Public Health 2021;112(3):352–62. DOI PubMed
19. Center for Research-Action on Race Relations. CRARR Calls on Federal and Quebec Governments to Collect COVID-19 Data Based on Race, Language, Income Level. Montreal (QC): CRARR; 2020 (accédé 2021-10-27). <http://www.crarr.org/?q=node/20102>
20. Béland F. Pandémie, iniquités, santé publique, information, interventions : l'échec canadien? Can J Public Health 2021;112(3):349–51. DOI PubMed
21. McKenzie K. Socio-demographic data collection and equity in covid-19 in Toronto. EclinicalMedicine 2021;34(100812):100812. DOI PubMed
22. Statistique Canada. Nombre provisoire de décès et surmortalité, janvier à août 2020. Ottawa (ON) : StatCan; 2020 (accédé 2021-11-03). <https://www150.statcan.gc.ca/n1/daily-quotidien/201028/dq201028b-fra.htm>
23. Statistique Canada. Environnement de couplage de données sociales : Aperçu. Ottawa (ON) : StatCan; 2017 (accédé 2021-11-03). <https://www.statcan.gc.ca/fr/ecds/aperçu>
24. Statistique Canada. Tableaux de données, Recensement de 2016. Population, logements et ménages (8) du Canada, provinces et territoires, recensements de 1981 à 2016. Numéro catalogue. 98-400-X2016013. Ottawa (ON): StatCan; 2016 (accédé 2021-11-03). <https://www12.statcan.gc.ca/census-recensement/2016/dp-pd/dt-td/Rp-fra.cfm?TA=BID=1&LANG=F&A=R&APATH=3&DETAIL=0&DIM=0&FL=A&FREE=0&GC=01&GL=-1&GID=1234492&GK=1&GRP=1&O=D&PID=109532&PRID=10&PTYPE=109445&S=0&SHO=WALL=0&SUB=0&Temporal=2016&THEME=116&VID=0&VNAMEE=&VNAMEF=&D1=0&D2=0&D3=0&D4=0&D5=0&D6=0>



25. Statistique Canada. Fichier de conversion des codes postaux MO plus (FCCP+). Ottawa (ON) : StatCan; 2021 (accédé 2021-10-27). <https://www150.statcan.gc.ca/n1/fr/catalogue/82F0086X>
26. Statistique Canada. Série de documents de recherche – Revenu. Les lignes de faible revenu : leur signification et leur calcul. Ottawa (ON) : StatCan; 2016 (accédé 2021-10-27). <https://www150.statcan.gc.ca/n1/pub/75f0002m/75f0002m2016002-fra.htm>
27. Statistique Canada. Dictionnaire, Recensement de la population, 2016 : Aire de diffusion (AD). Ottawa (ON) : StatCan; 2016 (accédé 2021-05-17). <https://www12.statcan.gc.ca/census-recensement/2016/ref/dict/geo021-fra.cfm>
28. Statistique Canada. RMR et AR : définition détaillée. Ottawa (ON) : StatCan; 2018 (accédé 2021-05-17). <https://www150.statcan.gc.ca/n1/pub/92-195-x/2011001/geo/cma-rmr/def-fra.htm>
29. Centre de collaboration nationale des déterminants de la santé. Le racisme et l'équité en santé : Parlons-en. Antigonish (N-E) : CCNDS; 2020 (accédé 2021-10-27). <https://nccdh.ca/fr/resources/entry/lets-talk-racism-and-health-equity>
30. Statistique Canada. Statistiques de l'état civil, Base de données sur les décès – Glossaire. Ottawa (ON) : StatCan; 2017 (accédé 2021-11-03). https://www.statcan.gc.ca/fr/programmes-statistiques/document/3233_D4_T9_V1
31. Statistique Canada. À la base des données ; Taux normalisés selon l'âge. Ottawa (ON) : StatCan; 2017 (accédé 2021-10-27). <https://www.statcan.gc.ca/fr/quo/bdd/tnsa>
32. Statistique Canada. Indicateurs de la santé : Qualité des données, concepts et méthodologie : Indicateurs de l'état de santé fondés sur les statistiques de l'état civil. Ottawa (ON) : StatCan; 2016 (accédé 2021-11-03). <https://www150.statcan.gc.ca/n1/pub/82-221-x/2013001/quality-qualite/qual-fra.htm>
33. SAS Institute. Base SAS 9.4 Procedures Guide (5th edition). SAS Institute Inc., USA; 2015. https://support.sas.com/content/dam/SAS/support/en/documentation/third-party-reference/493971_9.4-indbag-5th-ed.pdf
34. SAS Institute. Statistics using SAS Enterprise Guide. Cambridge University Press, UK; 2009. DOI
35. Harvard School of Public Health. The Public Health Disparities Geocoding Project. The Public Health Disparities Geocoding Project Monograph: Analytic Methods. Boston (MA): HSPH; 2021 (accédé 2021-06-15). <https://www.hsph.harvard.edu/thegeocodingproject/analytic-methods/>
36. Rothman K, Greenland S. Modern Epidemiology. 2nd ed. Philadelphia (PA): Lippincott William and Wilkins; 1998. <https://www.rti.org/publication/modern-epidemiology-2nd-edition>
37. The R Project for Statistical Computing. R version 4.0.2; 2020. <https://www.r-project.org/>
38. VanderWeele TJ, Ding P. Sensitivity Analysis in Observational Research: introducing the E-Value. Ann Intern Med 2017;167(4):268–74. DOI PubMed
39. Statistics Canada. StatCan et la COVID-19 : Des données aux connaissances, pour bâtir un Canada meilleur. Ng E. Décès liés à la COVID-19 chez les immigrants : données probantes des premiers mois de la pandémie. Ottawa (ON) : StatCan; 2021 (accédé 2021-06-11). <https://www150.statcan.gc.ca/n1/pub/45-28-0001/2021001/article/00017-fra.htm>
40. Mustard CA, Etches J. Gender differences in socioeconomic inequality in mortality. J Epidemiol Community Health 2003;57(12):974–80. DOI PubMed
41. Rosella LC, Calzavara A, Frank JW, Fitzpatrick T, Donnelly PD, Henry D. Narrowing mortality gap between men and women over two decades: a registry-based study in Ontario, Canada. BMJ Open 2016;6(11):e012564. DOI PubMed
42. MacIntyre S, Hunt K. Socio-economic position, gender and health: how do they interact? J Health Psychol 1997;2(3):315–34. DOI PubMed
43. Toronto Foundation. Toronto Fallout Report: Half a year in the life of COVID-19. Toronto (ON): Toronto Foundation; 2020 (accédé 2021-11-03). <https://torontofoundation.ca/wp-content/uploads/2020/11/Toronto-Fallout-Report-2020.pdf>
44. Rose G. Sick individuals and sick populations. Int J Epidemiol 2001;30(3):427–32. DOI PubMed
45. Rose G, Khaw KT, Marmot M. Rose's Strategy of Preventive Medicine. USA: Oxford University Press; 2008. DOI
46. Statistique Canada. Tableau 1 : Changement du principal lieu de travail selon le niveau de scolarité, Canada, 22 au 28 mars 2020. Ottawa (ON) : StatCan; 2020 (accédé 2021-06-11). <https://www150.statcan.gc.ca/n1/daily-quotidien/200417/t001a-fra.htm>
47. Marmot M, Allen J, Bell R, Bloomer E, Goldblatt P; Consortium for the European Review of Social Determinants of Health and the Health Divide. WHO European review of social determinants of health and the health divide. Lancet 2012;380(9846):1011–29. DOI PubMed
48. Whitehead M. The concepts and principles of equity and health. Health Promot Int 1991;6(3):217–28. DOI PubMed
49. Chagla Z, Ma H, Sander B, Baral SD, Mishra S. Characterizing the disproportionate burden of SARS-CoV-2 variants of concern among essential workers in the Greater Toronto Area, Canada. medRxiv 2021; 2021.03.22.21254127v2. <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2021.03.22.21254127v2>



Rapport national de mi-saison d'ÉpiGrippe, 2021–2022 : activité grippale sporadique de retour

Christina Bancej^{1*}, Abbas Rahal¹, Liza Lee¹, Steven Buckrell¹, Kara Schmidt¹, Nathalie Bastien²

Résumé

Au Canada, la surveillance de l'épidémie de grippe saisonnière de 2021–2022 a commencé au cours de la semaine épidémiologique 35 (la semaine commençant le 29 août 2021), pendant l'urgence mondiale de santé publique en cours concernant la pandémie de la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19).

On observe à ce jour, au cours de la période de surveillance 2021–2022, un retour d'une activité grippale sporadique persistante, et les premières hospitalisations associées à la grippe depuis la mi-2020 ont été signalées. Cependant, depuis la semaine 52 (semaine se terminant le 01 janvier 2022), l'activité est demeurée sporadique et aucune éclosion ou épidémie de grippe confirmée n'a été détectée. On constate un retard ou une absence de plusieurs indicateurs traditionnels de la grippe saisonnière, notamment l'annonce du début de la saison grippale, marqué par un seuil de 5 % de positivité, qui historiquement survient en moyenne à la semaine 47. Les 429 détections sporadiques signalées au Canada à ce jour ont eu lieu dans 31 régions de sept provinces et territoires. Près de la moitié ($n = 155/335$, 46,3 %) des cas rapportés touchaient la population pédiatrique (moins de 19 ans). Les trois quarts des cas étaient des détections de grippe A ($n = 323/429$, 75,3 %). Parmi les détections de grippe A sous-typée, A(H3N2) prédominait ($n = 83/86$, 96,5 %). Sur les 12 virus caractérisés par le Laboratoire national de microbiologie, 11 étaient des souches de la grippe saisonnière. Parmi les souches de la grippe saisonnière caractérisées, une seule, sur le plan antigénique, était similaire aux souches recommandées pour le vaccin de l'hémisphère Nord de 2021–2022, bien que toutes étaient sensibles aux antiviraux, l'oseltamivir et le zanamivir.

Jusqu'à très récemment, aucune épidémie de grippe saisonnière n'avait été signalée depuis mars 2020. Les données sur la réapparition des souches de la grippe saisonnière au Canada après la pandémie du virus grippal A(H1N1)pdm09 montrent que les épidémies de grippe A(H3N2) et B ont cessé pendant la saison 2009–2010 et la deuxième vague du virus A(H1N1)pdm09, mais qu'elles sont réapparues au cours des saisons suivantes pour prédominer et provoquer des épidémies d'une intensité plus élevée que pendant les saisons prépandémiques. Il est impossible de prévoir quand et où l'activité épidémique de la grippe saisonnière reprendra, mais les estimations basées sur des modèles et les schémas historiques post-pandémiques d'intensification des épidémies justifient une vigilance continue pendant la saison habituelle et en cas de réapparition hors saison. De plus, les mesures de préparation de la population, comme la vaccination annuelle contre la grippe pour atténuer l'intensité et la charge des futures vagues épidémiques de grippe saisonnière, doivent être maintenues.

Citation proposée : Bancej C, Rahal A, Lee L, Buckrell S, Schmidt K, Bastien N. Rapport national de mi-saison d'ÉpiGrippe, 2021–2022 : activité grippale sporadique de retour. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2022;48(1):43–50. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v48i01a06f>

Mots-clés : grippe, surveillance, Canada, humain/épidémiologie, humain/virologie, saisons, virus de la grippe de type A, virus de la grippe de type B, interventions non pharmaceutiques

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



Affiliations

¹ Centre de l'immunisation et des maladies respiratoires infectieuses, Agence de la santé publique du Canada, Ottawa, ON

² Laboratoire national de microbiologie, Agence de la santé publique du Canada, Winnipeg, MB

*Correspondance :

fluwatch-epigrippe@phac-aspc.gc.ca



Introduction

La réponse de la santé publique à la pandémie de COVID-19 à l'échelle mondiale a supprimé l'activité épidémique de la grippe saisonnière depuis mars 2020 et continue à contenir les épidémies de grippe saisonnière jusqu'à la période de la saison habituelle 2021–2022 dans l'hémisphère Nord (1–6).

La saison grippale 2019–2020 au Canada a été tronquée par des mesures de santé publique visant à réduire la transmission du coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère 2 (SRAS-CoV-2), et est restée à des niveaux intersaisonniers depuis (1,7–9). Tout au long de la saison habituelle dans l'hémisphère Nord en 2020–2021, et malgré l'augmentation des pratiques de dépistage de la grippe, seulement 69 détections de grippe confirmées en laboratoire et aucune éclosion de grippe ou hospitalisation confirmée en laboratoire ont été enregistrées au Canada par les provinces et territoires participants (10).

À l'échelle mondiale, les rapports d'éclosions de grippe localisées ont été rares tout au long de la période pandémique, les éclosions régionales du virus grippal A(H3N2) étant limitées à l'Asie du Sud et du Sud-Est, les épidémies du virus de la grippe B/Victoria en Chine et A(H1N1) en Afrique occidentale (11–13). Cependant, avec l'assouplissement accru des mesures de santé publique liées à la COVID-19, il semble y avoir eu une augmentation des rapports vérifiés et non vérifiés d'éclosions de grippe localisées au cours de la période de surveillance 2021–2022 dans l'hémisphère Nord (14,15).

La surveillance au Canada pour la saison grippale 2021–2022 a commencé le 29 août 2021 (semaine épidémiologique 2021-35) (6). Le présent rapport décrit la surveillance d'ÉpiGrippe pour la réapparition de l'activité saisonnière sporadique, localisée et épidémique au Canada, dans le contexte de l'assouplissement des mesures de santé publique à l'échelle mondiale et nationale au cours des 18 premières semaines de la saison grippale 2021–2022 au pays (du 29 août 2021 au 1^{er} janvier 2022 [semaines épidémiologiques 35 à 52]).

Méthodes

Conception

Le programme ÉpiGrippe est le système national de surveillance comprenant la surveillance virologique, la surveillance du niveau d'activité du syndrome d'allure grippale, la surveillance syndromique, la surveillance des éclosions de la grippe la surveillance des cas sévères et la surveillance de la vaccination au Canada. Chaque année, la surveillance continue de la grippe a lieu de la semaine épidémiologique 35 à la semaine épidémiologique 34 de l'année suivante. À l'exception de la couverture et de l'efficacité des vaccins, qui sont évaluées à la mi-saison et à la fin de la saison, le réseau d'ÉpiGrippe, composé de laboratoires, d'hôpitaux, de cabinets médicaux, de ministères provinciaux et territoriaux de la Santé et de particuliers, transmet

chaque semaine à ÉpiGrippe des données sur les cas et les événements survenus au cours de la semaine épidémiologique précédente.

Définitions et sources de données

Les détections globales en laboratoire sont signalées à ÉpiGrippe par les laboratoires de santé publique et les hôpitaux des provinces et territoires qui composent le programme de Surveillance et détection de virus des voies respiratoires. Le nombre de tests, le nombre de résultats positifs et le pourcentage de résultats positifs pour la grippe et les autres virus respiratoires sont calculés. Selon la province, des tests de réaction en chaîne de la polymérase par transcription inverse (RT-PCR) ont été effectués sur des échantillons de patients provenant de cas de syndrome d'allure grippale en consultation externe (la plupart des provinces déclarantes ont limité les tests en consultation externe aux groupes présentant un risque accru de complications liées à la grippe), de cas d'infection respiratoire aiguë aux urgences et/ou de cas de maladie respiratoire aiguë sévère hospitalisés, ainsi que d'éclosions.

Les données pour les cas sur les détections de grippe confirmées en laboratoire ont été fournies sur un sous-ensemble de cas de grippe positifs à partir des détections globales en laboratoire.

Pour les séries chronologiques historiques des saisons grippales à partir de 2007–2008, la souche de la grippe A dominante a été attribuée aux sous-types de la grippe A comprenant 40 % ou plus des virus de grippe A sous-typés. Avant 2009–2010, les données de sous-typage n'étaient disponibles que pour l'échantillon de spécimens de surveillance caractérisés sur le plan antigénique ou génétique par le Laboratoire national de microbiologie (LNM).

Les niveaux d'activité de la grippe et du syndrome d'allure grippale ont été signalés à ÉpiGrippe sur la base des évaluations des épidémiologistes des provinces et territoires. Les niveaux d'activité sont classés comme suit : 1) aucune activité (aucune détection de grippe confirmée en laboratoire au cours de la semaine de déclaration; toutefois, des cas sporadiques de syndrome d'allure grippale peuvent être signalés); 2) sporadique (cas sporadiques de syndrome d'allure grippale et de détection de grippe confirmée en laboratoire sans éclosion dans la région de surveillance de la grippe); 3) localisée (augmentation des cas de syndrome d'allure grippale et de la détection de la grippe confirmée en laboratoire et des éclosions dans les écoles, les hôpitaux, les établissements résidentiels et/ou d'autres types d'établissements dans moins de 50 % de la région de surveillance de la grippe); et 4) étendue (preuve d'une augmentation des cas de syndrome d'allure grippale et de la détection de la grippe confirmée en laboratoire et des éclosions dans les écoles, les hôpitaux, les établissements résidentiels et/ou d'autres types d'établissements dans une proportion supérieure ou égale à 50 % de la région de surveillance de la grippe).



Les éclosions de grippe confirmées en laboratoire ont été signalées à ÉpiGrippe par les provinces et territoires. L'ensemble des provinces et territoires ont signalé des éclosions de grippe confirmées en laboratoire et survenues dans des hôpitaux et des établissements de soins de longue durée. Des éclosions de grippe confirmées en laboratoire dans d'autres milieux, y compris des collectivités éloignées ou isolées, des lieux de travail, des écoles et universités ou des établissements correctionnels, ont été signalées par certains territoires et provinces. Une éclosion est considérée comme une détection de grippe confirmée si deux cas ou plus de syndrome d'allure grippale ont été signalés dans l'établissement pendant une période de sept jours, avec au moins un cas confirmé en laboratoire comme étant la grippe.

Pour la surveillance des cas sévères, les ministères provinciaux et territoriaux de la Santé de l'Alberta, de la Saskatchewan, du Manitoba, de l'Île-du-Prince-Édouard, de Terre-Neuve-et-Labrador, de la Nouvelle-Écosse, du Nouveau-Brunswick, du Yukon et des Territoires du Nord-Ouest ont signalé à ÉpiGrippe les hospitalisations, les admissions dans les unités de soins intensifs et les décès associés à une détection de grippe confirmée en laboratoire. Deux réseaux sentinelles, le Programme canadien de surveillance active de l'immunisation (pédiatrie) et le Réseau canadien de recherche sur l'immunisation – réseau de surveillance des cas graves (adulte), ont signalé à ÉpiGrippe les hospitalisations, les admissions en unité de soins intensifs et les décès d'enfants et d'adultes associés à la grippe confirmés en laboratoire, ainsi que des données supplémentaires de surveillance accrue des cas, provenant de sites sentinelles dans des provinces et territoires.

Pour la caractérisation du virus, le LNM a reçu des isolats de grippe des provinces et territoires, prélevés à différents moments de la saison, pour la caractérisation des souches et les tests de résistance aux antiviraux. Le LNM a également procédé au séquençage partiel du génome de l'hémagglutinine de certains isolats.

Méthodes statistiques

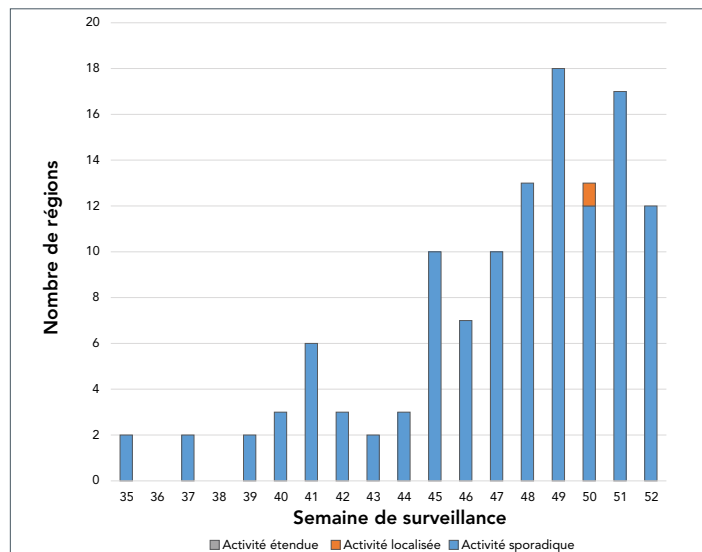
Les données hebdomadaires ont été saisies par l'entremise du portail du Réseau canadien de renseignements sur la santé publique ou directement intégrées dans SAS V9.4. Le nettoyage des données, l'agrégation et l'estimation des taux et des proportions ont été effectués dans SAS V9.4. La visualisation des données pour l'analyse spatiale et géographique a été effectuée à l'aide d'ArcGIS et les statistiques descriptives et les tendances temporelles ont été estimées dans SAS V9.4 et visualisées dans Excel.

Résultats

Du 29 août 2021 au 1^{er} janvier 2022 (semaines 35 à 52), on a signalé de façon persistante et croissante une activité grippale sporadique. Cette activité sporadique a eu lieu dans 31 régions

de sept provinces et territoires (Colombie-Britannique, Alberta, Manitoba, Ontario, Québec, Nouveau-Brunswick, Nouvelle-Écosse) (figure 1).

Figure 1 : Nombre de régions ayant signalé une activité grippale sporadique, localisée ou étendue, par semaine épidémiologique, Canada, semaines 2021-35 à 2021-52^a



^a Nombre total de régions déclarantes : 52

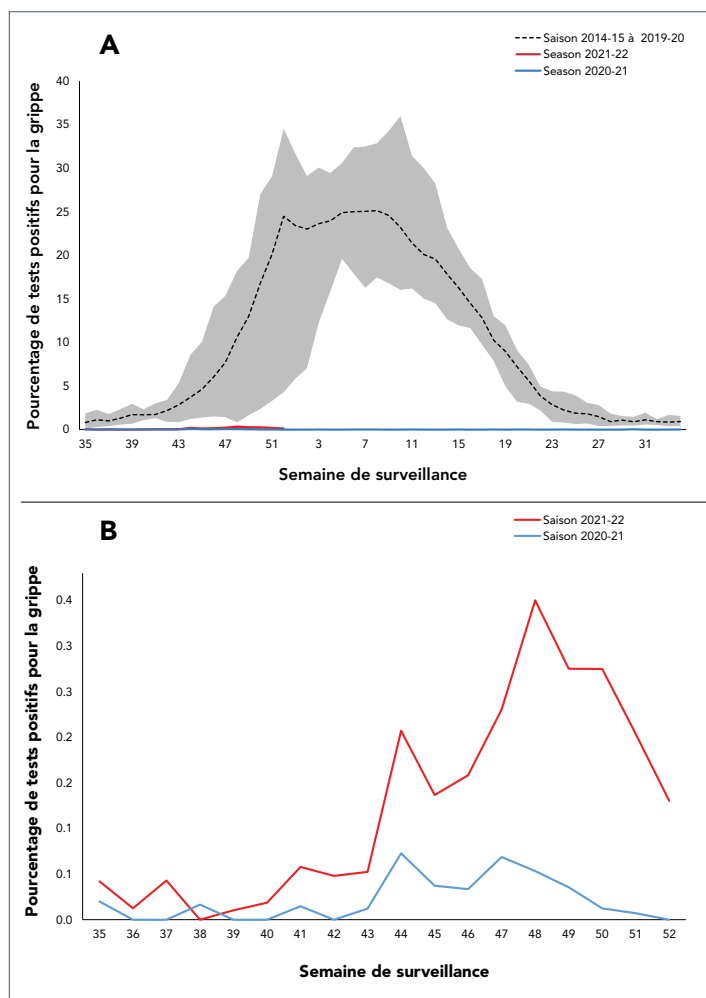
Les premiers cas de grippe de la saison 2021–2022 ont été détectés au début de la période de surveillance à la semaine 35 et les détections sporadiques de grippe ont persisté et augmenté lentement en nombre jusqu'à la semaine 49. Cependant, le pourcentage de positivité n'a pas atteint le seuil de 5 % nécessaire pour déclarer le début de l'épidémie de grippe saisonnière, restant inférieur à 0,5 % cette saison jusqu'à présent (**figure 2**). Une forte baisse des cas de grippe s'est amorcée et a persisté pendant les semaines 50 à 52, en même temps que l'apparition du variant Omicron du SRAS-CoV-2 et à la réintroduction de mesures de santé publique intensifiées.

La majorité des 429 détections de grippe sporadique effectuées à ce jour ont été signalées par la Colombie-Britannique, suivie du Québec et de l'Ontario. Deux provinces (Terre-Neuve et l'Île-du-Prince-Édouard) et deux territoires (Territoires du Nord-Ouest et le Nunavut) n'ont pas encore signalé de détections de grippe cette saison et une province (Saskatchewan) n'a détecté que des cas liés à des voyages. La grippe A représentait les trois quarts des détections, la grippe A étant détectée en plus grand nombre dans l'ensemble des provinces et territoires (le sous-type A[H3N2] étant le plus souvent détecté) (**figure 3**).

Au cours de la saison 2021–2022 jusqu'à présent, la grippe est restée à des niveaux intersaisonniers au Canada (figures 2A et 2B); toutefois, l'activité est actuellement en hausse, $n = 96/429$ (22,4 %) des détections ayant été enregistrées au cours des deux semaines épidémiologiques les plus récentes. Les premières



Figure 2 : Pourcentage de tests de détection de la grippe positifs, par semaine de rapport, Canada, saison grippale 2021–2022 à ce jour (semaines 35 à 52) par rapport à la moyenne historique et au minimum-maximum (saisons 2014–2015 à 2019–2020)

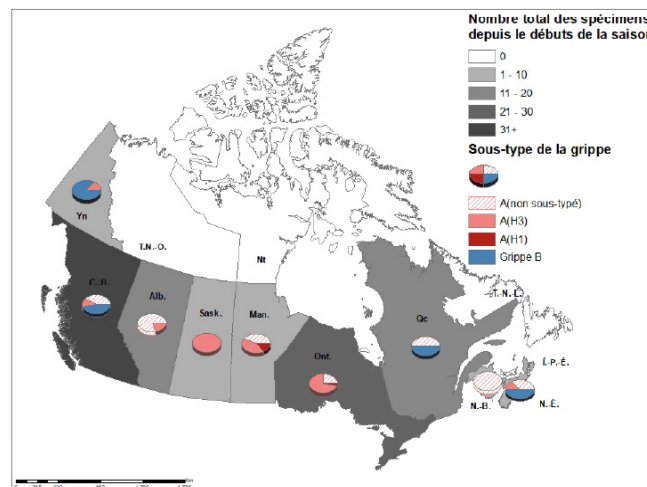


hospitalisations et admissions en unité de soins intensifs liées à la grippe ont été signalées depuis le milieu de l'année 2020, les premiers rapports ayant débuté au cours de la semaine 43; toutefois, l'activité reste sporadique et aucune éclosion ou activité épidémique associée à la grippe n'a été détectée.

Les cas signalés touchaient principalement moitié ($n = 155/335$, 46,3 %) des cas la population pédiatrique (moins de 19 ans).

La majorité des détections effectuées jusqu'à présent étaient des détections de grippe A ($n = 323/429$, 75,3 %). Parmi les détections de grippe A sous-typée, A(H3N2) prédominait ($n = 83/86$, 96,5 %). Parmi les 11 virus saisonniers caractérisés

Figure 3 : Distribution spatiale des détections de grippe (sporadique) ($n = 429$) par type/sous-type de grippe, Canada, semaines 2021-35 à 2021-52

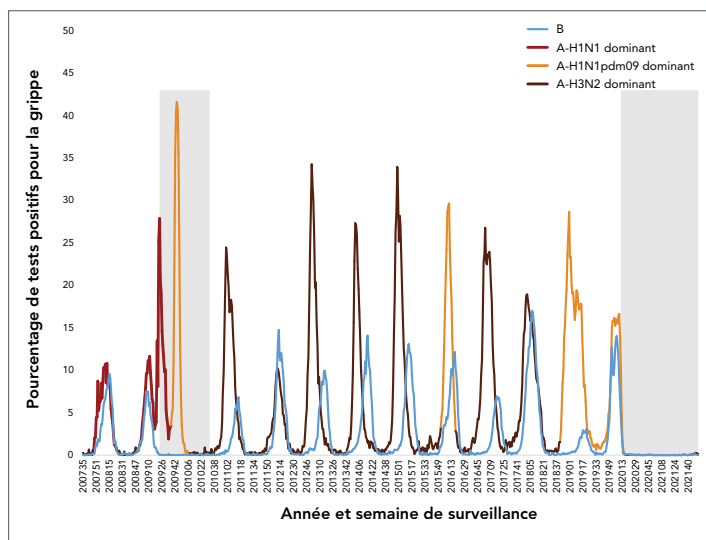


par le LNM (deux A[H1N1] pdm09, neuf A[H3N2]), un seul était similaire aux souches présentes dans le vaccin sur le plan antigénique, et tous étaient sensibles aux antiviraux, l'oseltamivir et le zanamivir. Une détection sporadique, identifiée par la suite comme un variant de la grippe porcine A(H1N2)v, a été signalée au cours de la semaine 2021-41 mais n'a pas pu être caractérisée plus précisément.

Pendant la pandémie du virus grippal A(H1N1)pdm09 au Canada, les détections de souches grippales non pandémiques (grippe A[H3N2], grippe A[H1N1] [la grippe qui circulait avant la pandémie] et grippe B) ont toutes été supprimées pendant la saison 2009–2010 et la deuxième vague de grippe A(H1N1) pdm09. Le pourcentage de positivité de la grippe B a varié de 0,0 % à 0,21 % et les souches de la grippe A non pandémiques étaient pratiquement absentes pendant la période de la pandémie de H1N1 2009. La grippe A(H3N2) est réapparue au cours des saisons 2010–2011 et 2011–2012, avec des épidémies plus sévères qu'avant la pandémie. Elle a également provoqué des épidémies particulièrement sévères en 2012–2013 et au cours des deux saisons qui ont suivi, les saisons 2014–2015 (augmentation de l'activité moyenne avec un pic de 34 % de positifs) et 2016–2017 (augmentation de l'activité moyenne avec un pic de 26,8 % de positifs) étant des saisons de grippe A(H3N2) particulièrement intenses. La grippe B est également réapparue en 2010–2011, mais avec une épidémie moins sévère, suivie d'une plus sévère en 2011–2012 où elle a circulé et dominé avec la grippe A(H3N2) (figure 4).



Figure 4 : Épidémies saisonnières de grippe par type ou sous-type avant, pendant et après la pandémie de H1N1 de 2009, Canada, semaines 2007-35 à 2021-52



Discussion

Le Canada a connu un retour et une poursuite de l'activité sporadique pendant la plupart des semaines de la saison 2021-2022 à ce jour (semaines 2021-35 à 2021-52). L'activité est restée sporadique tout au long de cette période, une seule région ayant signalé une activité localisée au cours de la semaine 50 et aucune éclosion de grippe confirmée en laboratoire ayant été signalée. Au cours de la semaine 2021-52, l'activité est restée sous le seuil épidémique. Les détectations sporadiques étaient un mélange de grippe A et B, avec une prédominance de la grippe A(H3N2).

De même, dans le contexte mondial, la plupart des pays ont continué à signaler une activité grippale inférieure à la normale, avec moins de détectations qu'à l'accoutumée et très peu d'éclosions localisées (11-13) pendant la première partie typique de la saison grippale de l'hémisphère Nord. Jusqu'en décembre 2021, aucune activité épidémique n'avait été signalée nulle part depuis avril 2020 (5,6). Les récents rapports de surveillance de décembre 2021 du Centre européen de prévention et de contrôle des maladies et des Centres pour le contrôle et la prévention des maladies des États-Unis ont indiqué le début et l'intensification de l'activité épidémique saisonnière dans plusieurs parties de l'hémisphère Nord (18,19). Les détectations signalées au Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS) et les isolats signalés à l'Initiative mondiale de partage des données sur la grippe aviaire (GISAID) ne représentent qu'une fraction de ce qu'ils étaient avant la pandémie. Une diminution de la diversité génétique des virus de la grippe en circulation a été signalée avec une quasi-absence de la grippe B/Yamagata (11). Une forte proportion de détectations

sporadiques dans le monde, qui ont été caractérisées, présentaient des différences antigéniques par rapport aux souches recommandées pour le vaccin (20,21).

Les renseignements concernant les cas sur les détectations sporadiques effectuées jusqu'à présent au Canada ont montré quelques différences dans le modèle par rapport à ceux observés au cours des récentes épidémies de grippe saisonnière qui ont eu lieu avant la pandémie de COVID-19. La charge est généralement la plus élevée chez les personnes âgées, mais les détectations sporadiques effectuées à ce jour concernent principalement la population pédiatrique et les jeunes adultes. Les détectations de grippe A(H1N1)pdm09 et B ont tendance à se produire de manière disproportionnée chez les enfants, tandis que les détectations de grippe A(H3N2) sont disproportionnées chez les personnes âgées, mais jusqu'à présent, les infections par la grippe A(H3N2) ont été prédominantes et ont été observées de manière disproportionnée chez les enfants et les jeunes adultes. Cependant, il est trop tôt pour discerner des tendances émergentes ou des raisons possibles de ces résultats, étant donné le manque de transmission communautaire.

Une question clé concerne le moment où l'activité augmentera au-delà des détectations sporadiques et où les épidémies de grippe saisonnière réapparaîtront au Canada. Tant que les mesures de santé publique réduisent la transmission de la grippe de 30 % ou plus, la circulation communautaire de la grippe restera probablement supprimée (22). La réduction des voyages internationaux diminue le risque de réintroduction des souches de grippe saisonnière à partir des poches où elles circulent et les mesures nationales visant à réduire la transmission du SRAS-CoV-2 et de ses variants émergents, y compris celles récemment mises en œuvre contre le variant Omicron du SRAS-CoV-2, sont susceptibles de maintenir ou de rétablir les réductions de la transmission de la grippe également (11,23).

Une autre question importante concerne l'impact ou la gravité probable des épidémies de grippe saisonnière lorsqu'elles réapparaîtront. Une modélisation publiée avant la saison grippale 2020-2021 dans l'hémisphère Nord a démontré que, même si le moment de la réapparition est imprévisible, des épidémies plus intenses et plus graves de grippe et d'autres virus respiratoires saisonniers comme le virus respiratoire syncytial sont susceptibles de se produire lorsque la circulation et la transmission reprendront, en raison d'une immunité moindre de la population contre les agents pathogènes et les souches non pandémiques, en particulier chez les jeunes (24). Les résultats de la surveillance présentés ici, ainsi que les études de modélisation ont montré que des épidémies de grippe A(H3N2) et B plus graves, se sont produites dans les années qui ont suivi la pandémie de H1N1 de 2009 (25,26). Bien que les agents pathogènes pandémiques soient différents et que la rigueur et la durée des mesures de santé publique soient plus importantes dans le cas de la pandémie de COVID-19, l'expérience qui a suivi l'émergence de la grippe A(H1N1)pdm09 peut donner un aperçu du comportement des virus endémiques après



une période de suppression ainsi que de la performance des contre-mesures médicales. La sélection de souches pour le vaccin contre la grippe s'est avérée difficile au cours de la pandémie de COVID-19, notamment en raison de la faible circulation de la grippe dans le monde et de la disponibilité limitée des virus vaccinaux candidats qui en résulte (27). Les centres nationaux de la grippe, au Canada comme dans le monde, ont signalé une proportion relativement élevée d'isolats détectés qui sont, sur le plan antigénique, différents des souches comprises dans le vaccin et l'efficacité du vaccin n'a pas été évaluée depuis la saison 2019–2020 de l'hémisphère Nord (28).

Il reste possible que lorsque les épidémies de grippe saisonnière reprendront, elles se produiront pendant une période de circulation endémique en même temps que le SRAS-CoV-2. La circulation conjointe et la co-infection de la grippe et du SRAS-CoV-2 ont été documentées, et des données indiquent que les effets synergiques sont plus graves chez les patients infectés par les deux virus que chez ceux qui ont été infectés par l'un ou l'autre virus (29,30). Les défis de la circulation conjointe de la grippe et du SRAS-CoV-2, deux agents pathogènes à forte charge de morbidité, dans le contexte d'un système de santé tendu et de nouvelles mesures plus strictes de prévention et de contrôle des infections pour la gestion des cas de maladies infectieuses respiratoires, nécessitent des approches de planification intégrées.

Le Canada pourrait ne pas connaître une nouvelle saison grippale typique en 2021–2022 en raison des possibilités plus limitées d'introduction et de transmission/circulation locale. Une autre saison de suppression de l'activité de la grippe saisonnière laisse ouverte la possibilité d'une circulation hors saison et continue qui étendrait la population à risque, en particulier les nouvelles cohortes d'enfants de moins de cinq ans ainsi que les personnes âgées qui présentent un risque disproportionné d'infection par la grippe A(H3N2), d'hospitalisation et de décès. La menace de la grippe reste persistante, et il est essentiel que les pays soient vigilants quant à l'émergence de virus grippaux non saisonniers à potentiel pandémique et à la réapparition de la grippe saisonnière pour la saison grippale de l'hémisphère Nord 2021–2022 et au-delà (31,32).

Déclaration des auteurs

L'équipe de ÉpiGrippe du Centre de l'immunisation et des maladies respiratoires infectieuses a rédigé conjointement la première ébauche; tous les auteurs ont pris part à la conceptualisation, à la rédaction et à la révision du manuscrit.

Intérêts concurrents

Aucun.

Remerciements

Nous tenons à remercier tous ceux qui, partout au Canada, ont participé à la surveillance de la grippe.

Financement

La surveillance ÉpiGrippe est financée par l'Agence de la santé publique du Canada.

Références

1. Groves HE, Piché-Renaud PP, Peci A, Farrar DS, Buckrell S, Bancej C, Sevenhuysen C, Campigotto A, Gubbay JB, Morris SK. The impact of the COVID-19 pandemic on influenza, respiratory syncytial virus, and other seasonal respiratory virus circulation in Canada: A population-based study. *Lancet Reg Health Am* 2021;1:100015. DOI PubMed
2. Olsen SJ, Azziz-Baumgartner E, Budd AP, Brammer L, Sullivan S, Pineda RF, Cohen C, Fry AM. Decreased Influenza Activity During the COVID-19 Pandemic - United States, Australia, Chile, and South Africa, 2020. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* 2020;69(37):1305–9. DOI PubMed
3. Sullivan SG, Carlson S, Cheng AC, Chilver MB, Dwyer DE, Irwin M, Kok J, Macartney K, MacLachlan J, Minney-Smith C, Smith D, Stocks N, Taylor J, Barr IG. Where has all the influenza gone? The impact of COVID-19 on the circulation of influenza and other respiratory viruses, Australia, March to September 2020. *Euro Surveill* 2020;25(47):2001847. DOI PubMed
4. Tang JW, Bialasiewicz S, Dwyer DE, Dilcher M, Tellier R, Taylor J, Hua H, Jennings L, Kok J, Levy A, Smith D, Barr IG, Sullivan SG. Where have all the viruses gone? Disappearance of seasonal respiratory viruses during the COVID-19 pandemic. *J Med Virol* 2021;93(7):4099–101. DOI PubMed
5. Karlsson EA, Mook PA, Vandemaële K, Fitzner J, Hammond A, Cozza V, Zhang W, Moen A. Relevé épidémiologique hebdomadaire No 25, 2021:96:241–64. Bilan de la circulation mondiale de la grippe entre fin 2019 et fin 2020 et effets de la pandémie de COVID-19 sur la circulation de la grippe. OMS; 2021. <https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/341994/WER9625-eng-fre.pdf>
6. World Health Organization. Global Influenza Programme. Influenza Update N° 407. Geneva, CH: WHO; 2021. <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/surveillance-and-monitoring/influenza-updates/current-influenza-update>
7. Agence de la santé publique du Canada. Rapport de virus des voies respiratoires, semaine 52 : se terminant le 1 janvier 2022. ASPC; 2022. <https://www.canada.ca/en/public-health/services/surveillance/respiratory-virus-detections-canada/2021-2022/week-52-ending-january-1-2022.htm>



8. Lagacé-Wiens P, Sevenhuysen C, Lee L, Nwosu A, Smith T. Incidence des interventions non pharmaceutiques sur la détection de l'influenza A et B en laboratoire au Canada. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2021;47(3):155–61. DOI
9. Agence de la santé publique du Canada. Rapport annuel d'ÉpiGrippe : saison grippale 2019-2020. 2021. <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/publications/maladies-et-affections/surveillance-influenza/2019-2020/rapport-annuel.html>
10. Nwosu A, Lee L, Schmidt K, Buckrell S, Sevenhuysen C, Bancej C. Rapport annuel national sur la grippe dans le contexte mondial, Canada, 2020–2021. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2021;47(10):450–8. DOI
11. Dhanasekaran V, Sullivan S, Edwards K, Xie R, Khvorov A, Valkenburg R, Cowling B, Barr I. Human seasonal influenza under COVID-19 and the potential consequences of influenza lineage elimination. 14 September 2021, PREPRINT (Version 1). Research Square. DOI
12. Siegers JY, Dhanasekaran V, Xie R, Deng YM, Patel S, Ieng V, Moselen J, Peck H, Aziz A, Sarr B, Chin S, Heng S, Khalakdina A, Kinzer M, Chau D, Raftery P, Duong V, Sovann L, Barr IG, Karlsson EA. Genetic and Antigenic Characterization of an Influenza A(H3N2) Outbreak in Cambodia and the Greater Mekong Subregion during the COVID-19 Pandemic, 2020. J Virol 2021;95(24):e0126721. DOI PubMed
13. Sovann LY, Sar B, Kab V, Yann S, Kinzer M, Raftery P, Albalak R, Patel S, Hay PL, Seng H, Um S, Chin S, Chau D, Khalakdina A, Karlsson E, Olsen SJ, Mott JA. An influenza A (H3N2) virus outbreak in the Kingdom of Cambodia during the COVID-19 pandemic of 2020. Int J Infect Dis 2021;103:352–7. DOI PubMed
14. Centers for Disease Control and Prevention. Increasing seasonal influenza A (H3N2) activity, especially among young adults and in college and university settings, during SARS-CoV-2 Co-circulation. Atlanta, GA; CDC; 2021. <https://stacks.cdc.gov/view/cdc/111997>
15. UK Health Security Agency. Weekly national Influenza and COVID-19 surveillance report. Week 47 report (up to week 46 data) 25 November 2021. London, UK: UKHSA; 2021. https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1035959/Weekly_Flu_and_COVID-19_report_w47.pdf
16. Organisation mondiale de la Santé. Déclaration finale sur la neuvième réunion du Comité d'urgence du Règlement sanitaire international (2005) concernant la pandémie de maladie à coronavirus 2019 (COVID-19). 26 octobre 2021. [https://www.who.int/fr/news/item/26-10-2021-statement-on-the-ninth-meeting-of-the-international-health-regulations-\(2005\)-emergency-committee-regarding-the-coronavirus-disease-\(covid-19\)-pandemic](https://www.who.int/fr/news/item/26-10-2021-statement-on-the-ninth-meeting-of-the-international-health-regulations-(2005)-emergency-committee-regarding-the-coronavirus-disease-(covid-19)-pandemic)
17. World Health Organization. Director-General statement following the ninth meeting of the Emergency Committee. Geneva, CH: WHO; 2010. <https://www.who.int/news/item/10-08-2010-director-general-statement-following-the-ninth-meeting-of-the-emergency-committee>
18. Joint European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC)/World Health Organization (WHO). Europe Weekly influenza update. Week 52/2021 (27 December 2021 – 2 January 2022). <https://flunewseurope.org/Archives>
19. United States Centers for Disease Control and Prevention, National Centre for Immunization and Respiratory Diseases. FluView Summary ending on January 1, 2022. Key Updates for week 52, ending January 1, 2022. <https://www.cdc.gov/flu/weekly/weeklyarchives2021-2022/week52.htm>
20. Australian Government Department of Health. Australian Influenza Surveillance Report - No 16 – fortnight ending 07 November 2021. Canberra, Australia: Australian Government; 2021. <https://www1.health.gov.au/internet/main/publishing.nsf/Content/ozflu-surveil-no16-21.htm>
21. European Centre for Disease Prevention and Control. Influenza virus characterization - Summary Europe, October 2021. Solna, Sweden: ECDC; 2021. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/influenza-virus-characterisation-summary-europe-october-2021>
22. Academy of Medical Sciences. COVID-19: Preparing for the future. Looking ahead to winter 2021/22 and beyond. London, UK: AMS; 2021. <https://acmedsci.ac.uk/file-download/4747802>
23. Sullivan SG. Preparing for out-of-season influenza epidemics when international travel resumes. Med J Aust 2022;16(1):25–6. DOI PubMed
24. Baker RE, Park SW, Yang W, Vecchi GA, Metcalf CJ, Grenfell BT. The impact of COVID-19 nonpharmaceutical interventions on the future dynamics of endemic infections. Proc Natl Acad Sci USA 2020;117(48):30547–53. DOI PubMed
25. Schanzer DL, Saboui M, Lee L, Nwosu A, Bancej C. Burden of influenza, respiratory syncytial virus, and other respiratory viruses and the completeness of respiratory viral identification among respiratory inpatients, Canada, 2003-2014. Influenza Other Respir Viruses 2018;12(1):113–21. DOI PubMed
26. Schanzer DL, Sevenhuysen C, Winchester B, Mersereau T. Estimating influenza deaths in Canada, 1992-2009. PLoS One 2013;8(11):e80481. DOI PubMed



27. World Health Organization. Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2021-2022 northern hemisphere influenza season. Geneva, CH: WHO; 2021. <https://www.who.int/publications/i/item/recommended-composition-of-influenza-virus-vaccines-for-use-in-the-2021-2022-northern-hemisphere-influenza-season>
28. Skowronski DM, Zou M, Sabaiduc S, Murti M, Olsha R, Dickinson JA, Gubbay JB, Croxson MA, Charest H, Jassem A, Krajden M, Bastien N, Li Y, De Serres G. Interim estimates of 2019/20 vaccine effectiveness during early-season co-circulation of influenza A and B viruses, Canada, February 2020. *Euro Surveill* 2020;25(7):2000103. DOI PubMed
29. Stowe J, Tessier E, Zhao H, Guy R, Muller-Pebody B, Zambon M, Andrews N, Ramsay M, Lopez Bernal J. Interactions between SARS-CoV-2 and influenza, and the impact of coinfection on disease severity: a test-negative design. *Int J Epidemiol* 2021;50(4):1124–33. DOI PubMed
30. Zheng J, Chen F, Wu K, Wang J, Li F, Huang S, Lu J, Huang J, Liu H, Zhou R, Huang Z, Meng B, Yuan Z, Wu X. Clinical and virological impact of single and dual infections with influenza A (H1N1) and SARS-CoV-2 in adult inpatients. *PLoS Negl Trop Dis* 2021;15(11):e0009997. DOI PubMed
31. Hammond A, Cozza V, Hirve S, Medina MJ, Pereyaslov D, Zhang W. Leveraging Global Influenza Surveillance and Response System for the COVID-19 Pandemic Response and Beyond. *China CDC Wkly* 2021;3(44):937–40. DOI PubMed
32. World Health Organization. Maintaining surveillance of influenza and monitoring SARS-CoV-2: adapting Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS) and sentinel systems during the COVID-19 pandemic. Geneva, CH: WHO; 2020. [https://www.who.int/publications/i/item/maintaining-surveillance-of-influenza-and-monitoring-sars-cov-2-adapting-global-influenza-surveillance-and-response-system-\(gisrs\)-and-sentinel-systems-during-the-covid-19-pandemic](https://www.who.int/publications/i/item/maintaining-surveillance-of-influenza-and-monitoring-sars-cov-2-adapting-global-influenza-surveillance-and-response-system-(gisrs)-and-sentinel-systems-during-the-covid-19-pandemic)

Voulez-vous devenir pair examinateur?

Communiquez avec l'équipe de rédaction du RMTC :
ccdr-rmtc@phac-aspc.gc.ca

RMTC RELEVÉ DES MALADIES TRANSMISSIBLES AU CANADA



Éclosion d'*Escherichia coli* O103 associée à du céleri haché chez des personnes hospitalisées à Victoria, Colombie-Britannique, en 2021

Courtney Smith^{1*}, Allison Griffiths², Sandra Allison², Dee Hoyano², Linda Hoang³

Résumé

Contexte : En avril 2021, une éclosion d'*Escherichia coli* (*E. coli*) O103 producteurs de Shiga-toxines (STEC) a été décelée chez des patients de deux hôpitaux de Victoria, en Colombie-Britannique. L'objectif de cette étude est de décrire l'enquête sur cette éclosion et de déterminer les problèmes de salubrité des aliments pour les produits à haut risque préparés pour les populations vulnérables.

Méthodes : Des cas confirmés d'*E. coli* O103 ont été signalés à l'unité des maladies transmissibles d'Island Health. Le laboratoire provincial de santé publique a procédé au séquençage du génome entier des isolats des cas confirmés, conformément à la pratique courante pour les STEC en Colombie-Britannique. Les renseignements sur l'exposition ont été obtenus par l'entremise d'entrevues avec des cas et de l'examen des menus des hôpitaux. Les autorités sanitaires fédérales et locales ont procédé à une inspection de l'usine de transformation de la source suspecte.

Résultats : Six cas confirmés d'*E. coli* O103 ont été décelés, tous liés par le séquençage du génome entier. La majorité des cas étaient des femmes (67 %) et l'âge médian était de 61 ans (intervalle de 24 à 87 ans). Tous les cas confirmés étaient des patients hospitalisés ou en consultation externe dans deux hôpitaux et ont été exposés à du céleri haché cru dans des sandwichs préparés fournis par les services alimentaires de l'hôpital. Un transformateur local fournissait le céleri haché exclusivement aux deux hôpitaux. L'analyse du produit chez le transformateur était peu fréquente, et le rinçage au chlore avait lieu avant le hachage. Nous croyons que la propagation de la contamination résiduelle par *E. coli* lors du processus de hachage, en plus des abus de température dans les hôpitaux, ont contribué à cette éclosion.

Conclusion : Les légumes crus, comme le céleri, sont une source potentielle de STEC et présentent un risque pour les populations vulnérables. Les recommandations issues de cette éclosion comprennent des tests plus fréquents chez le transformateur, une révision du processus de chloration et de hachage et une révision des pratiques des services alimentaires de l'hôpital pour atténuer les abus de température.

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



Affiliations

¹ Agence de la santé publique du Canada, Victoria, BC

² Island Health, Victoria, BC

³ Centre de contrôle des maladies de la Colombie-Britannique, Vancouver, BC

*Correspondance :

courtney.r.smith@phac-aspc.gc.ca

Citation proposée : Smith CR, Griffiths A, Allison S, Hoyano D, Hoang L. Éclosion d'*Escherichia coli* O103 associée à du céleri haché chez des personnes hospitalisées à Victoria, Colombie-Britannique, en 2021. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2022;48(1):51–6. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v48i01a07f>

Mots-clés : infection à *E. coli*, origine alimentaire, éclosion, céleri

Introduction

Les maladies d'origine alimentaires causées par *Escherichia coli* (*E. coli*) surviennent souvent lors de la consommation d'aliments contaminés, comme des produits frais, de la viande et des produits fromagers, et peuvent entraîner des symptômes comme la diarrhée, la colite hémorragique et le syndrome hémolytique et urémique (1,2). Les *E. coli* pathogènes producteurs de

Shiga-toxines (STEC) figurent parmi les 10 causes les plus courantes de maladies d'origine alimentaire au Canada (3). Bien que *E. coli* O157 reste le STEC le plus courant, les taux d'incidence des infections par des STEC non O157, notamment *E. coli* O103, ont augmenté au fil du temps. Le principal facteur contribuant à cette augmentation est le progrès des tests diagnostiques (4).



Des éclosions d'*E. coli* O103 ont déjà été liées à des germes de trèfle, de la viande de bison, du bœuf haché, des saucissons de mouton, du lait de vache cru et des saucisses fermentées (5–8). Bien que le céleri ait été signalé comme véhicule de *Listeria monocytogenes*, de norovirus et d'*E. coli* O157:H7 (9–11), aucune éclosion d'*E. coli* non O157 associée au céleri n'a été signalée dans la littérature à ce jour.

En avril 2021, une éclosion d'*E. coli* O103 producteurs de Shiga-toxines s'est manifesté chez des patients hospitalisés et des patients externes dans deux hôpitaux de Victoria, en Colombie-Britannique, après qu'une augmentation inhabituelle de l'activité d'*E. coli* ait déclenché une enquête des responsables locaux de la santé publique. L'objectif de cet article est de décrire la première éclosion d'*E. coli* non O157 associée au céleri au Canada et d'établir les questions de salubrité alimentaire pour les produits à haut risque préparés pour des populations vulnérables, afin de réduire la probabilité de telles éclosions à l'avenir.

Méthodes

Tous les cas de STEC doivent être signalés à la santé publique en Colombie-Britannique. Les laboratoires hospitaliers et communautaires locaux de Victoria procèdent au dépistage des gènes Stx dans les échantillons entériques (12). En cas de résultat positif, le laboratoire régional local de Victoria teste les échantillons pour isoler les STEC en culture, et ces isolats sont transmis au laboratoire de santé publique du Centre de contrôle des maladies de la Colombie-Britannique pour sérotypage et séquençage du génome entier. Tous les STEC reçus ou récupérés par le laboratoire de santé publique sont systématiquement sérotypés à l'aide d'une réaction en chaîne par polymérase multiplex ciblant les sérotypes les plus courants en Colombie-Britannique : O26; O45; O111; O103; O121; et O145. Tous les isolats de STEC sont systématiquement soumis à un typage de séquence multilocus du génome entier (wgMLST). Le schéma wgMLST pour *E. coli* a comparé 17 380 loci dans le génome d'*E. coli* selon les procédures normalisées utilisées par PulseNet Canada. Conformément à PulseNet Canada, les isolats d'*E. coli* ont été considérés comme génétiquement apparentés s'ils présentent moins de 10 différences d'allèles.

Une augmentation inhabituelle des cas d'*E. coli* O103 a été détectée en avril 2021 dans la région de Victoria, ce qui a déclenché une enquête pour trouver la source de la maladie. L'enquête sur l'éclosion a eu lieu entre le 16 avril 2021 et le 10 mai 2021. Un cas confirmé a été défini comme étant un résident ou un visiteur de la région Island Health avec une confirmation en laboratoire d'*E. coli* O103 et une date d'apparition des symptômes ou de collecte le 15 mars 2021 ou après. Les cas ont été interrogés par un seul enquêteur à l'aide du questionnaire de routine de la Colombie-Britannique sur

E. coli. Les entretiens ont permis de recueillir des renseignements sur les voyages, l'exposition aux animaux et certains aliments à haut risque associés aux précédentes éclosions d'*E. coli*, notamment le bœuf, les légumes verts à feuilles et les produits laitiers non pasteurisés. Les renseignements sur l'exposition ont été recueillis pour la période de 10 jours précédant la date de l'épisode (la première date d'apparition des symptômes ou la date de prélèvement de l'échantillon), reflétant la période d'incubation d'*E. coli*. Pour les personnes admises à l'hôpital pendant leur période d'incubation, les menus hospitaliers ont également été examinés pour la période de 10 jours précédant la date de leur épisode.

Les enquêteurs locaux ont inspecté la cuisine de l'hôpital A, où la majorité des cas étaient des patients hospitalisés ou des patients externes. Les inspecteurs ont examiné les températures et les registres des réfrigérateurs, les températures des lave-vaisselle, les processus de désinfection, la datation des produits et les pratiques de manipulation des aliments afin de détecter toute déficience ou tout risque de contamination croisée. Les inspecteurs se sont également renseignés sur des personnes malades qui manipulaient des aliments. Les dossiers ont été examinés pour déterminer les fournisseurs de divers produits.

Des enquêteurs locaux et fédéraux ont inspecté l'usine de transformation de la source suspecte de l'éclosion : le transformateur A. Les inspecteurs ont recueilli les registres d'approvisionnement et examiné les processus afin de déterminer les sources potentielles de contamination et les lacunes éventuelles en matière de sécurité alimentaire.

L'éclosion a été déclarée terminée lorsque la période d'incubation maximale (10 jours) plus le délai de déclaration du 90^e percentile se sont écoulés depuis la date de l'épisode le plus récent d'un cas confirmé.

Résultats

Six cas confirmés ont été identifiés au cours de l'enquête. Les dates des épisodes se sont échelonnées du 20 mars au 9 avril 2021 (**figure 1**). La majorité des cas étaient des femmes ($n = 4/6$; 67 %) et l'âge médian était de 61 ans (intervalle de 24 à 87 ans). Un décès a été signalé ($n = 1/6$; 17 %), bien que l'infection à *E. coli* n'ait pas été la cause du décès. Tous les cas avaient été admis dans deux hôpitaux de la région de Victoria, ou s'y étaient rendus, pendant leur période d'exposition. Sur les six cas confirmés, quatre ont été admis à l'hôpital A, un a été admis à l'hôpital B, et un cas n'a pas été admis à l'hôpital, mais a visité les urgences de l'hôpital A pendant la période d'exposition (**figure 2**). Pour les cas dont les dates d'apparition étaient disponibles, le délai médian de déclaration était de 19 jours (intervalle de 18 à 23 jours).



Figure 1 : Cas confirmés d'infection à *Escherichia coli* O103 par date d'épisode (date d'apparition des symptômes ou date de prélèvement de l'échantillon, selon la première éventualité), mars-avril 2021

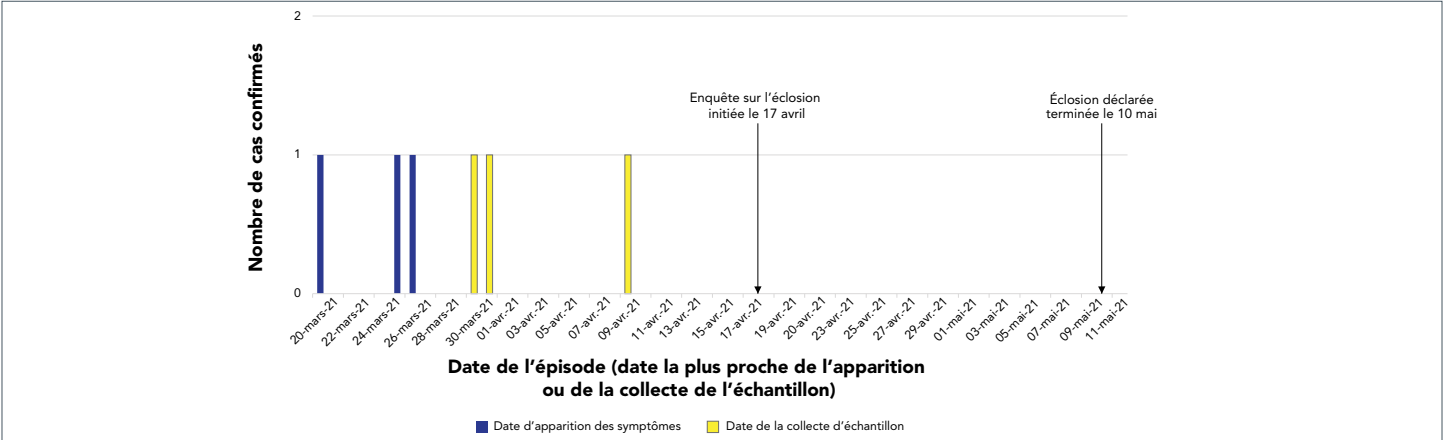
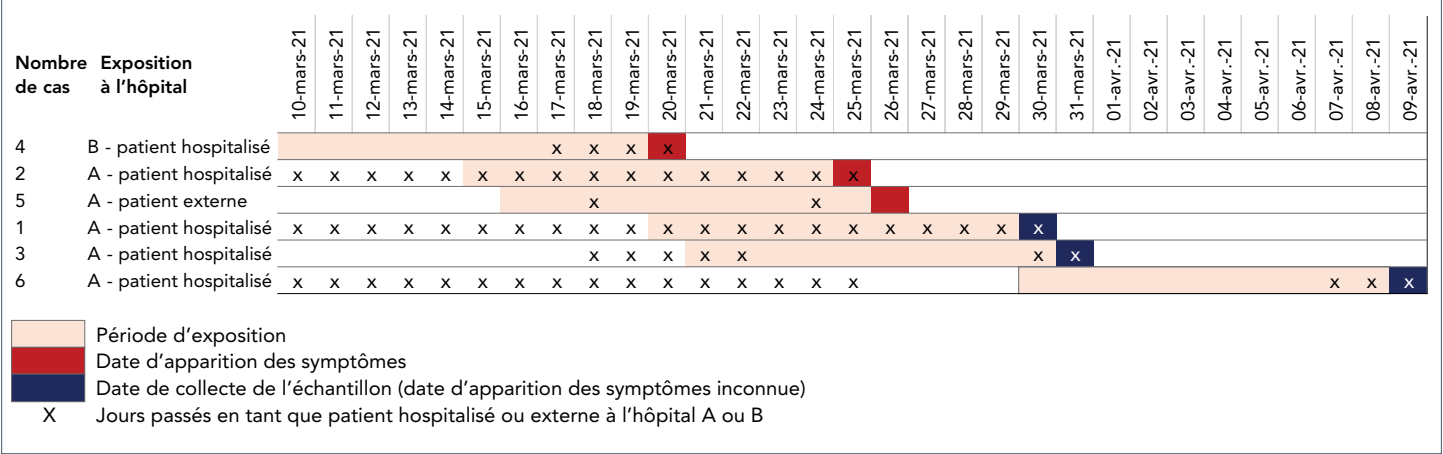


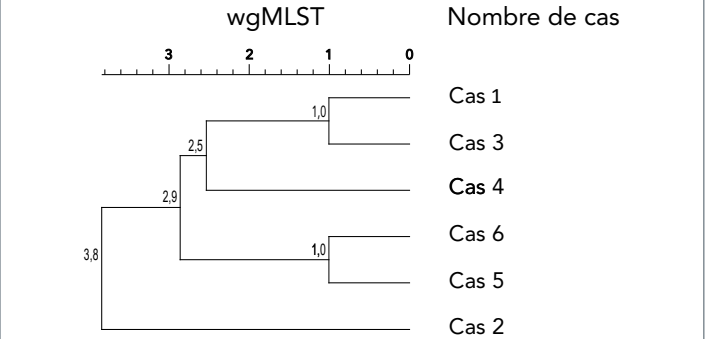
Figure 2 : Diagramme de Gantt des cas confirmés indiquant la période d'exposition, la date de l'épisode (la plus proche de l'apparition des symptômes ou de la date de prélèvement de l'échantillon) et les dates d'hospitalisation



Tous les cas confirmés de l'hôpital A et de l'hôpital B ont été considérés comme hautement apparentés les uns aux autres par le wgMLST, avec des différences de zéro à quatre allèles (figure 3), et distincts des cas historiques d'*E. coli* O103. Aucun cas connexe n'a été établi au cours de la même période que cette écloison au niveau national ou aux États-Unis.

Trois cas ont été interrogés, tandis que les trois autres n'ont pas pu l'être, car ils étaient soit décédés (n = 1), soit médicalement affaiblis (n = 2). D'après les données des entretiens, les seules expositions rapportées par au moins deux des trois cas confirmés étaient le bœuf haché (n = 2/3), le fromage (n = 3/3), la charcuterie (n = 2/3), la laitue (n = 2/3) et les sandwiches au thon (n = 3/3). Aucun point commun entre les restaurants et les épiceries n'a été établi. Le cas qui s'est rendu aux urgences de l'hôpital A a déclaré n'avoir mangé qu'un sandwich au thon pendant sa visite, qui lui avait été donné par un travailleur de la santé. Le sandwich au thon a été préparé par les services alimentaires de l'hôpital A et provenait de la même source que les aliments destinés aux patients hospitalisés.

Figure 3 : Arbre phylogénique des cas de foyers d'*Escherichia coli* O103^a



Abréviation : wgMLST, typage de séquence multi-locus du génome entier
^a Les comparaisons ont été générées à l'aide de Bionumerics v 7.6.2. Les différences d'allèles wgMLST indiquées aux nœuds ont été calculées en utilisant la méthode des moyennes par paire non pondérée avec moyenne arithmétique (UPGMA) et ne sont donc pas des nombres entiers. Pour déterminer la valeur du nombre entier le plus proche, arrondissez au chiffre supérieur si le chiffre qui suit la décimale est égal ou supérieur à cinq; arrondissez au chiffre inférieur si le chiffre qui suit la décimale est inférieur à cinq



Les menus des hôpitaux ont été examinés pour les cinq cas qui ont été admis à l'hôpital. Les cinq cas ont été exposés à des sandwichs préparés pendant leur séjour à l'hôpital, notamment des sandwichs au thon ($n = 4/5$), aux œufs ($n = 2/5$), à la salade de poulet ($n = 4/5$), à la dinde ($n = 1/5$) et au rosbif ($n = 4/5$). Le seul ingrédient commun à tous les sandwichs était le céleri haché, et le céleri haché dans les sandwichs était la seule exposition rapportée par $n = 6/6$ cas. L'inspection de la cuisine de l'hôpital A, où la majorité des cas ont été exposés au céleri haché en tant que patients hospitalisés ou externes, n'a révélé aucun problème de sécurité alimentaire ou de contamination croisée. Aucune maladie n'a été signalée parmi le personnel chargé de la manipulation des aliments. L'inspection a révélé des problèmes d'abus de température, les sandwichs étant souvent laissés hors du réfrigérateur pendant de longues périodes sur des plateaux ou dans les chambres des patients avant d'être consommés.

L'enquête de traçabilité a révélé que le céleri haché utilisé dans les sandwichs de l'hôpital A et de l'hôpital B a été acheté dans le même lot auprès du même fournisseur local, le transformateur A, et provenait de la région de Guadalupe en Californie. L'enquête de traçabilité a révélé que ce produit de céleri haché a été fourni exclusivement à l'hôpital A et à l'hôpital B, et à aucun autre établissement, distributeur ou magasin. Du céleri haché provenant du même lot de produit a été fourni à un vaste réseau de distribution, à l'exclusion de l'hôpital A et de l'hôpital B. L'inspection du transformateur A a révélé deux problèmes. Premièrement, les tests sur les agents pathogènes étaient peu fréquents, le dernier test sur *E. coli* ayant eu lieu en janvier 2020, soit plus d'un an avant l'éclosion actuelle. Deuxièmement, si l'étape de la chloration répond aux normes requises, elle a lieu avant le hachage.

La source présumée de cette éclosion était le céleri haché du transformateur A. La cause fondamentale serait *E. coli* qui a persisté après la chloration et qui s'est ensuite mélangé au produit pendant le processus de hachage. Les abus de température à l'hôpital A et à l'hôpital B peuvent avoir contribué davantage à la propagation d'*E. coli* dans ce produit. L'éclosion a été déclarée terminée le 10 mai 2021.

Comme il n'y avait plus de produit à la fin de l'enquête, aucune mesure n'a été prise. Les autorités locales et fédérales chargées de la salubrité alimentaire ont procédé à une deuxième inspection conjointe du transformateur A afin de recommander des tests plus fréquents pour la détection d'*E. coli* et de procéder à un examen du processus de chloration. Un suivi a également été effectué à l'hôpital A et à l'hôpital B pour proposer des méthodes permettant de réduire la probabilité d'abus de température en utilisant des horodateurs pour enregistrer le moment où les sandwichs sont retirés du réfrigérateur.

Discussion

Une enquête sur l'apparition de six cas d'*E. coli* O103 a été menée en avril 2021. L'éclosion a été associée à la consommation de céleri haché transformé localement et provenant de Californie. Bien que ce ne soit pas la première éclosion d'*E. coli* signalée dans le céleri (11), c'est la première à être causée par *E. coli* O103 et la première à toucher exclusivement une population vulnérable et hospitalisée. Cette enquête a donné lieu à plusieurs recommandations visant à améliorer la sécurité alimentaire de ce produit dans la région Island Health.

Les résultats des enquêtes épidémiologiques et de salubrité alimentaire indiquent que le céleri haché est à l'origine de cette éclosion. Les six cas confirmés ont été exposés à la source suspecte, et aucun autre produit n'a été signalé dans les six cas confirmés, malgré des menus détaillés pour tous les patients hospitalisés. Le cas aberrant, celui d'un patient externe qui a mangé un sandwich au thon et au céleri uniquement lors de sa visite aux urgences de l'hôpital A, a renforcé la thèse du céleri comme source suspecte. Cette enquête a également révélé des preuves solides de traçabilité en aval – le céleri haché servi à l'hôpital A et à l'hôpital B a été fourni par le même fournisseur; l'enquête a également révélé des preuves solides de traçabilité en amont – le fournisseur a fourni le produit de céleri haché uniquement aux deux hôpitaux, et nulle part ailleurs. Comme le produit contaminé n'était plus disponible au moment de l'enquête, et en raison des procédures de nettoyage du transformateur A, aucun échantillon de produit ou d'environnement n'était disponible pour les tests. Malgré l'absence de preuves de laboratoire, les auteurs estiment que les solides preuves épidémiologiques, de traçabilité et de traçabilité directe sont suffisantes pour impliquer le céleri haché dans cette éclosion.

L'éclosion met en évidence le risque lié aux légumes crus fournis aux populations vulnérables et attire particulièrement l'attention sur le risque de hachage lors de la transformation. Alors que des travaux antérieurs ont documenté les dangers potentiels pour la sécurité alimentaire des produits frais coupés (13), cette éclosion sert à documenter les risques potentiels posés par le hachage, qui donne l'occasion à de petites quantités de bactéries restant à la surface d'un produit, même après la chloration, de se répandre dans tout un lot. L'attribution de l'étape du hachage comme problématique dans ce scénario d'éclosion est d'autant plus soutenue que l'enquête de traçage a révélé que du céleri haché plus grossièrement provenant du même lot a été fourni à un large réseau de distribution, à l'exclusion de l'hôpital A et de l'hôpital B, sans qu'aucun cas de la souche d'*E. coli* O103 de l'éclosion ne soit associé à ce produit.

Malgré l'approvisionnement en nourriture d'une population d'environ 800 patients hospitalisés chaque jour, la détection de seulement six cas dans l'hôpital A et l'hôpital B pourrait



s'expliquer par un faible niveau de contamination, qui n'a pu causer des maladies que chez les personnes dont les sandwiches ont été soumis à une température excessive. Les abus de température sont un vecteur connu de propagation des agents pathogènes (14–16), et ont été signalés par les hôpitaux lors du suivi de l'enquête. On suppose que toute contamination présente après l'étape de hachage chez le transformateur A a été propagée par ces rapports d'abus de température, ce qui a entraîné les maladies signalées. Les deux hôpitaux concernés ont recommandé d'utiliser un horodateur pour tous les sandwiches pour indiquer le moment où le produit a été sorti du réfrigérateur, afin de réduire le risque d'abus de température.

Il y a plusieurs limites à prendre en compte dans l'interprétation de ces données sur les éclosions. Premièrement, les données relatives à l'exposition au céleri n'étaient pas disponibles pour les témoins de la population saine afin de les comparer directement aux cas d'éclosion. Cependant, étant donné que 100 % des cas confirmés ont été exposés à la source suspecte, et que c'était la seule exposition commune aux six cas, les auteurs sont confiants dans les preuves épidémiologiques pour ce produit. Deuxièmement, le délai de déclaration de cette éclosion a été long, ce qui a retardé l'identification de l'éclosion et l'enquête. Les délais de déclaration sont influencés par une multitude de facteurs, mais les comorbidités parmi les cas hospitalisés et ambulatoires de cette éclosion peuvent avoir retardé l'examen d'un diagnostic de maladie entérique, et donc, la demande d'un échantillon de selles à tester. Troisièmement, il manquait les dates d'apparition de plusieurs cas, car ils n'ont pas pu être interrogés. Pour ces personnes, la date d'apparition des symptômes est probablement antérieure à la date de prélèvement de l'échantillon, ce qui a également un impact sur leur période d'exposition. Cela a été tenu en compte lors de l'interprétation des données d'exposition et de l'analyse des menus hospitaliers. Quatrièmement, il n'y avait pas d'échantillons d'aliments disponibles pour tester la présence d'*E. coli* O103; par conséquent, il n'y avait pas de données de laboratoire pour confirmer définitivement la source de cette éclosion. Cependant, malgré l'absence de confirmation en laboratoire, les auteurs estiment que les preuves épidémiologiques, les données de traçabilité et les données de traçabilité directe ont permis de confirmer la source suspecte. Enfin, il n'a pas été possible de déterminer où et comment *E. coli* a été introduit, car un suivi plus poussé chez le producteur aux États-Unis n'était pas du ressort de l'enquête sur cette éclosion.

Conclusion

Les légumes crus, comme le céleri, sont une source connue de contamination par *E. coli* et présentent un risque pour les populations vulnérables. Le hachage pendant la transformation des légumes crus et l'abus de température avant la consommation peuvent constituer des facteurs de risque supplémentaires. Cette éclosion a donné lieu à plusieurs recommandations visant à réduire le risque lié au céleri haché servi dans les hôpitaux, notamment des tests plus fréquents chez

le transformateur, une révision du processus de chloration et de hachage et une révision des pratiques des services alimentaires hospitaliers pour atténuer les abus de température.

Déclaration des auteurs

C. S. — Analyse et interprétation des données et rédaction de l'article

A. G. — Analyse et interprétation des données et rédaction de l'article

S. A. — Conceptualisation du travail, interprétation des données et révision de l'article

D. H. — Conceptualisation du travail, interprétation des données et révision de l'article

L. H. — Analyse et interprétation des données et révision de l'article

Intérêts concurrents

Aucun.

Remerciements

Aucun.

Financement

Ce travail a été soutenu par Island Health.

Références

1. Yang SC, Lin CH, Aljuffali IA, Fang JY. Current pathogenic *Escherichia coli* foodborne outbreak cases and therapy development. *Arch Microbiol* 2017;199(6):811–25. DOI PubMed
2. Croxen MA, Law RJ, Scholz R, Keeney KM, Wlodarska M, Finlay BB. Recent advances in understanding enteric pathogenic *Escherichia coli*. *Clin Microbiol Rev* 2013;26(4):822–80. DOI PubMed
3. Thomas MK, Murray R, Flockhart L, Pintar K, Pollari F, Fazil A, Nesbitt A, Marshall B. Estimates of the burden of foodborne illness in Canada for 30 specified pathogens and unspecified agents, circa 2006. *Foodborne Pathog Dis* 2013;10(7):639–48. DOI PubMed
4. Tseng M, Sha Q, Rudrik JT, Collins J, Henderson T, Funk JA, Manning SD. Increasing incidence of non-O157 Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) in Michigan and association with clinical illness. *Epidemiol Infect* 2016;144(7):1394–405. DOI PubMed
5. Centers for Disease Control and Prevention; List of Selected Multistate Foodborne Outbreak Investigations. Atlanta (GA); CDC; 2021 (accédé 2021-06-21). <https://www.cdc.gov/foodsafety/outbreaks/multistate-outbreaks/outbreaks-list.html>



6. Schimmer B, Nygard K, Eriksen HM, Lassen J, Lindstedt BA, Brandal LT, Kapperud G, Aavitsland P. Outbreak of haemolytic uraemic syndrome in Norway caused by stx2-positive *Escherichia coli* O103:H25 traced to cured mutton sausages. *BMC Infect Dis* 2008;8:41. [DOI PubMed](#)
7. Mylius M, Dreesman J, Pulz M, Pallasch G, Beyrer K, Claußen K, Allerberger F, Fruth A, Lang C, Prager R, Flieger A, Schlager S, Kalhöfer D, Mertens E. Shiga toxin-producing *Escherichia coli* O103:H2 outbreak in Germany after school trip to Austria due to raw cow milk, 2017 - The important role of international collaboration for outbreak investigations. *Int J Med Microbiol* 2018;308(5):539–44. [DOI PubMed](#)
8. Sekse C, O'Sullivan K, Granum PE, Rørvik LM, Wasteson Y, Jørgensen HJ. An outbreak of *Escherichia coli* O103:H25 - bacteriological investigations and genotyping of isolates from food. *Int J Food Microbiol* 2009;133(3):259–64. [DOI PubMed](#)
9. Gaul LK, Farag NH, Shim T, Kingsley MA, Silk BJ, Hyttia-Trees E. Hospital-acquired listeriosis outbreak caused by contaminated diced celery--Texas, 2010. *Clin Infect Dis* 2013;56(1):20–6. [DOI PubMed](#)
10. Erickson MC. Microbial Risks Associated with Cabbage, Carrots, Celery, Onions, and Deli Salads Made with These Produce Items. *Compr Rev Food Sci Food Saf* 2010;9(6):602–19. [DOI PubMed](#)
11. Centres for Disease and Prevention. Multistate Outbreak of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* O157:H7 Infections Linked to Costco Rotisserie Chicken Salad (Final Update). <https://www.cdc.gov/ecoli/2015/o157h7-11-15/index.html>
12. BC Ministry of Health Services Guidelines and Protocols Advisory Committee. Infectious Diarrhea - Guideline for Ordering Stool Specimens. BC MOH; Mar 16, 2009. <https://www2.gov.bc.ca/gov/content/health/practitioner-professional-resources/bc-guidelines/infectious-diarrhea>
13. Francis GA, Gallone A, Nychas GJ, Sofos JN, Colelli G, Amodio ML, Spano G. Factors affecting quality and safety of fresh-cut produce. *Crit Rev Food Sci Nutr* 2012;52(7):595–610. [DOI PubMed](#)
14. Lund BM. Microbiological food safety for vulnerable people. *Int J Environ Res Public Health* 2015;12(8):10117–32. [DOI PubMed](#)
15. Wachtel MR, Charkowski AO. Cross-contamination of lettuce with *Escherichia coli* O157:H7. *J Food Prot* 2002;65(3):465–70. [DOI PubMed](#)
16. Duffy G, Cummins E, Nally P, O'Brien S, Butler F. A review of quantitative microbial risk assessment in the management of *Escherichia coli* O157:H7 on beef. *Meat Sci* 2006;74(1):76–88. [DOI PubMed](#)

Recevez le **RMTC** dans votre boîte courriel

- ♦ Connaître les tendances
- ♦ Recevoir les directives en matière de dépistage
- ♦ Être à l'affût des nouveaux vaccins
- ♦ Apprendre sur les infections émergentes
- ♦ Recevoir la table des matières directement dans votre boîte courriel

ABONNEZ-VOUS AUJOURD'HUI

Recherche web : RMTC+abonnez-vous

Q



Merci aux pairs évaluateurs du RMTC en 2021

Nous tenons à remercier les personnes suivantes pour le temps et l'expertise qu'elles ont généreusement partagés en 2021 en tant que pairs évaluateurs du *Relevé des maladies transmissibles au Canada* (RMTC). Elles ont travaillé dans l'anonymat, pendant leur temps libre, sans percevoir de rémunération. Leurs commentaires et leurs observations ont été essentiels à l'amélioration de la qualité des articles publiés dans le RMTC. Le RMTC a pour objectif de fournir des renseignements pratiques et faisant autorité aux cliniciens et aux professionnels de la santé publique au Canada et à l'échelle internationale.

Natalia Abraham	Jared Bullard	Geneviève Gravel	Dorothy Moore	Marlene Shehata
Bijay Adhikari	Stacey Burns MacKinnon	Devon Greyson	Vanessa Morton	Christopher Sikora
Rukshanda Ahmad	Julie Carson	Shalane Ha	Michelle Murti	Ameeta Singh
Jamal Ahmadian Yazdi	David Champredon	David Haldane	Renuka Naraine	Courtney R. Smith
Grace Akinjobi	Jette Christensen	Sylvie Hudon	Nnamdi Ndubuka	Stephanie Smith
Robert Allard	Daniel Coombs	Christina Jensen	Wilfred Ntiamoah	Justin Sorge
Vanessa Allen	Vanessa Constant	Khady Ka	Nadia O'Brien	Natisha Stashko
Anne Andermann	Mary Jean Craigie	Mohamed Karmali	Nicholas Ogden	Rob Stirling
Kym Antonation	Andrea Currie	Sandra Kiazzyk	Susanna Ogunnaike-Cooke	Ruey C. Su
David Auguste	Catherine Dickson	John Kim	Katherine Paphitis	Darrell H. S. Tan
Ulrick Auguste	Parminder Dhami	Jules Koffi	Kaitlin Patterson	Marsha Taylor
Oliver Baclic	Connie Debenedet	Sarah E. Koske	Pierre Plourde	Sylvia Thompson-Nicholson
Blake T. Ball	Michael Drebot	Ramya Krishnan	Wendy Pons	Karen Timmerman
Logan Banadyga	Andrea Foebel	Abigail Kroch	Caroline Quach Thanh	Gregory Traversy
Anna Banerji	Daniel Fong	Annie-Claude Labbé	Saleem Razack	Raymond Tsang
Helen Bangura	Lindsay Friedman	Andrew T. Lam	Aleisha Reimer	Peter Uhthoff
Kim Barker	Sarah Funnell	Isabelle Larocque	Robert P. Rennie	Marina Ulanova
Philippe Belanger	Rita Gad	Sonia Lecordier	Joan Robinson	Éric Vallières
Byron M. Berenger	Victor Gallant	Bonita Lee	Stacy Sabourin	Monali Varia
Asako Bienek	Margaret Gale-Rowe	Jordyn Lerner	Javier Sanchez	Tom Wong
Terry Blake	Colette Gaulin	Robbin Lindsay	Steven Shofield	Heidi Wood
Erika Bontovics	Greg German	Clayton MacDonald	Alberto Severini	Kelsey Young
Jennifer Born	Claudia Gorenko	Liane MacDonald	Amanda Shane	Kevin Zhang
Karen Born	Nicolas Gilbert	Noni MacDonald	Shamila Shanmugasagaram	Hui Zheng
William Bowie	Paul Gully	Jessica Minion	Davendra Sharma	Nathan Zelyas

RMTC

RELEVÉ DES MALADIES TRANSMISSIBLES AU CANADA

Agence de la santé publique du Canada
130, chemin Colonnade
Indice de l'adresse 6503A
Ottawa (Ontario) K1A 0K9
ccdr-rmtc@phac-aspc.gc.ca

Promouvoir et protéger la santé des Canadiens au moyen du leadership, de partenariats, de l'innovation et de la prise de mesures dans le domaine de la santé publique.

Agence de la santé publique du Canada
Publication autorisée par la ministre de la Santé.

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

On peut aussi consulter cette publication en ligne :
<https://www.canada.ca/rmtc>

Also available in English under the title:
Canada Communicable Disease Report