



## LES TECHNOLOGIES INNOVATRICES EN SANTÉ PUBLIQUE

### SCIENCE DE LA MISE EN ŒUVRE

Association de la surveillance  
épidémiologique basée sur les eaux  
usées et modélisation du SRAS-CoV-2 **187**

### SCIENCE DE LA MISE EN ŒUVRE

Technologie innovante et  
partenariat établi **214**

### RAPPORT D'ÉCLOSION

Éclosions de COVID-19 dans les fermes de  
l'Ontario en 2020 **231**



# 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 publiée 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

#### Éditeurs scientifiques adjoints

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

#### Gestionnaire de la rédaction (intérimaire)

Laura Rojas Higuera

#### Responsable de la production

Katy Keeler, BA (Hon.)

#### Gestionnaire de contenu Web

Joshua Hachey, DEC

#### Révisseurs

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

#### Conseillère en communications

Julia Rogers, BA

#### Analyste des politiques

Sarah Raza, MSc, PhD

#### Conseillère en matière des Premières Nations et des Autochtones

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

#### Rédactrices juniors

Brittany Chang-Kit, BMSc, MD (c)  
Jocelyn Lee, HBSc, MPH  
Sumali Mehta, BSc, MSc (c)

Safa Iran-Manesh, BHSc, MPH (c)  
Jayshree Jha, BDS, MPH (c)  
Sorcha McNally, BHSc, MPH (c)  
Salma Mohamed, MDCM, PHRAM (c)  
Mehr Motwani, BSc, MPH (c)  
Amrit Sandhu, BHSc, MPH (c)  
Shunthusja Santhirakumar, BSc, MPH (c)  
Daria Tai, BSc, MPH (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](mailto:ccdr-rmtc@phac-aspc.gc.ca)  
613.301.9930

#### Référence photographique

La photo de couverture représente une image conceptuelle offrant un outil complémentaire de surveillance clinique pour détecter et surveiller la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19). L'image provient d'[Stock photo ID #1396801868](#).

### 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



## TABLE DES MATIÈRES

### SCIENCE DE LA MISE EN ŒUVRE

Association de la surveillance épidémiologique basée sur les eaux usées et de la modélisation du SRAS-CoV-2/COVID-19 : applications pratiques à l'Agence de santé publique du Canada  
*M Jin Joungz, CS Mangat, EM Mejia, A Nagasawa, A Nichani, C Perez-Iratxeta, SW Peterson, D Champredon* 187

Évolution des tests d'amplification des acides nucléiques au Canada observée dans le Programme d'essais d'aptitude du SRAS-CoV-2 du Réseau canadien de laboratoires d'intervention, mai 2020 à juin 2021  
*C Ranadheera, K Antonation, C Corbet* 198

Comparaison de quinze tests d'amplification de l'acide nucléique du SRAS-CoV-2 utilisés dans le cadre du Programme national de vérification de la compétence en matière de SRAS-CoV-2 du Réseau canadien de laboratoires d'intervention, mai 2020 à juin 2021  
*C Ranadheera, K Antonation, C Corbett* 203

Technologie innovante et partenariats établis – une recette pour une adaptabilité rapide dans des conditions de pandémie émergente  
*S Mukhi, M Laffin-Thibodeau, T Beattie* 214

### APERÇU

Gravité relative de la pandémie au Canada et dans quatre pays homologues pendant la pandémie de SRAS-CoV-2  
*A Peng, A Simmons, A Amoako, A Tuite, D Fisman* 221

### RAPPORT D'ÉCLOSION

Éclosions de COVID-19 dans les exploitations agricoles en Ontario, janvier à décembre 2020  
*H Patel, A Ulloa, S Buchan, M Abdulnoor, J Gubbay, M Murti* 231

### SURVEILLANCE

Détection par la réaction en chaîne quantitative de la polymérase après transcription inverse en temps réel du variant Delta du SRAS-CoV-2 dans les eaux usées du Canada  
*S Peterson, J Daigle, C Dueck, A Nagasawa, M Mulvey, CS Mangat* 238

Infections liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales dans les hôpitaux de soins de courte durée au Canada, 2017 à 2021  
*Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales* 247

Infections associées aux soins de santé et résistance aux antimicrobiens dans les hôpitaux canadiens de soins de courte durée, 2017 à 2021  
*Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales* 263



# Association de la surveillance épidémiologique basée sur les eaux usées et de la modélisation du SRAS-CoV-2/COVID-19 : applications pratiques à l'Agence de santé publique du Canada

Meong Jin Joung<sup>1,2</sup>, Chand S Mangat<sup>3</sup>, Edgard M Mejia<sup>3</sup>, Audra Nagasawa<sup>4</sup>, Anil Nichani<sup>5</sup>, Carol Perez-Iratxeta<sup>4</sup>, Shelley W Peterson<sup>3</sup>, David Champredon<sup>1\*</sup>

## Résumé

La surveillance du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2) à partir des eaux usées constitue un outil complémentaire de la surveillance clinique pour détecter et surveiller la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19). Étant donné que les personnes symptomatiques et asymptomatiques infectées par le SRAS-CoV-2 peuvent transmettre le virus par voie fécale, la surveillance à partir des eaux usées peut mesurer la prévalence communautaire de COVID-19 sans restriction liées aux comportements de recherche de soins de santé et à la capacité de dépistage clinique. Pendant la vague Omicron, la capacité limitée des tests cliniques à identifier les cas de COVID-19 dans de nombreux territoires a mis en évidence l'utilité de la surveillance à partir des eaux usées pour estimer la prévalence de la maladie et contribuer aux stratégies de santé publique; cependant, il existe de nombreux facteurs internes liés aux égouts, à l'environnement et aux laboratoires qui peuvent avoir une influence sur les résultats de la surveillance à partir des eaux usées. La mise en œuvre de la surveillance à partir des eaux usées nécessite donc un cadre complet pour définir une filière qui tienne compte de ces facteurs complexes et nuancés. Cet article passe en revue le cadre national de la surveillance à partir des eaux usées mené par l'Agence de la santé publique du Canada afin de présenter les méthodes de surveillance basées sur les eaux usées utilisées au Canada pour suivre et surveiller le SRAS-CoV-2. En particulier, nous mettons l'accent sur cinq villes canadiennes - Vancouver, Edmonton, Toronto, Montréal et Halifax - dont les signaux d'eaux usées sont analysés par un modèle mathématique afin de fournir des prévisions de cas et des estimations du nombre de reproduction. L'objectif de ce travail est de partager nos idées sur les approches de mise en œuvre de la surveillance à partir des eaux usées. Il est important de noter que le système national de surveillance à partir des eaux usées a des implications au-delà de la COVID-19, car un cadre similaire peut être appliqué pour surveiller d'autres pathogènes infectieux ou la résistance aux antimicrobiens dans la collectivité.

**Citation proposée :** Jin Joung M, Mangat CS, Mejia EM, Nagasawa A, Nichani A, Perez-Iratxeta C, Peterson SW, Champredon D. Association de la surveillance épidémiologique basée sur les eaux usées et de la modélisation du SRAS-CoV-2/COVID-19 : applications pratiques à l'Agence de santé publique du Canada. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2023;49(5):187–97. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v49i05a01f>

**Mots-clés :** COVID-19, SRAS-CoV-2, eaux usées, épidémiologie, surveillance environnementale, modélisation mathématique, pandémie

## Introduction

Les épidémies causées par des agents pathogènes infectieux font traditionnellement l'objet d'une surveillance clinique des individus. La surveillance basée sur les eaux usées est une

approche de surveillance épidémiologique alternative qui consiste à évaluer la concentration d'un agent pathogène d'intérêt dans les eaux usées afin d'estimer la prévalence de

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



## Affiliations

<sup>1</sup> Laboratoire national de microbiologie, Division des sciences du risque en santé publique, Agence de santé publique du Canada, Guelph, ON

<sup>2</sup> École de santé publique Dalla Lana, Université de Toronto, Toronto, ON

<sup>3</sup> Laboratoire national de microbiologie, Unité de surveillance des eaux usées, Agence de la santé publique du Canada, Winnipeg, MB

<sup>4</sup> Statistique Canada, Centre des mesures directes de la santé, Ottawa, ON

<sup>5</sup> Laboratoire national de microbiologie, Agence de la santé publique du Canada, Guelph, ON

## \*Correspondance :

[david.champredon@phac-aspc.gc.ca](mailto:david.champredon@phac-aspc.gc.ca)



l'infection qui lui est associée au sein d'une communauté. Depuis 2010, la surveillance des eaux usées fait partie intégrante des initiatives d'éradication du poliovirus (1). Au Canada, elle a été utilisée pour surveiller la consommation de médicaments et les pathogènes viraux afin de déterminer les variations saisonnières de la charge virale et l'inactivation par les processus de traitement des eaux usées (2–6). Pendant la pandémie de maladie à coronavirus 2019 (COVID-19), la surveillance à partir des eaux usées a attiré beaucoup d'attention pour la surveillance du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2) (le virus qui cause la COVID-19) à la fois au Canada et dans le monde (7). La surveillance des eaux usées constitue un outil complémentaire à la surveillance clinique pour détecter et suivre les tendances de la maladie causée par le SRAS-CoV-2. Contrairement à la surveillance clinique de la COVID-19 (8), la surveillance à partir des eaux usées n'est pas limitée par le sous-diagnostic des personnes asymptomatiques, car la plupart des personnes infectées par le SRAS-CoV-2 excrètent des particules virales dans leurs selles (9,10). La surveillance basée sur les eaux usées utilise un échantillon communautaire groupé provenant de la zone de captage d'un lieu d'échantillonnage pour mesurer les niveaux de SRAS-CoV-2 au sein de la collectivité (11). De nombreuses études ont montré que la concentration de SRAS-CoV-2 mesurée dans les eaux usées est corrélée avec la prévalence réelle affectant la collectivité vivante dans la zone de captage (12–15).

La surveillance des eaux usées a suscité un vif intérêt lors de l'apparition du variant préoccupant Omicron en novembre 2021 (16). Son grand nombre de mutations génétiques par rapport aux lignées circulantes précédentes lui a conféré une plus grande transmissibilité et une plus grande évasion immunitaire, entraînant une augmentation rapide du nombre de cas (17). Par conséquent, pendant la vague Omicron, les capacités de dépistage dans de nombreux pays, y compris dans les grandes villes canadiennes, ont été débordées, ce qui a obligé à limiter le dépistage du SRAS-CoV-2 par réaction en chaîne de la polymérase (PCR) dans les échantillons cliniques à certaines populations à haut risque ou vulnérables (18). Des recherches antérieures ont montré que le SRAS-CoV-2 était détecté dans 29 % à 100 % des échantillons fécaux des personnes infectées (19) et que la détection du SRAS-CoV-2 par la surveillance à partir des eaux usées précédait les cas cliniques confirmés de 5 à 63 jours (11), ce qui confirme que la surveillance à partir des eaux usées est 1) une mesure alternative de la prévalence de la maladie, en particulier lorsque la surveillance clinique est limitée par une demande excessive ou des comportements de recherche de tests et 2) un indicateur précoce de la présence de COVID-19 pour informer les stratégies de dépistage et de santé publique au niveau de la collectivité (20). Dans l'ensemble, la surveillance à partir des eaux usées constitue une méthode non invasive et peu coûteuse pour estimer la prévalence de COVID-19 dans la collectivité, ce qui permet de pallier les limites de la surveillance clinique traditionnelle.

Cependant, la surveillance à partir des eaux usées n'est pas exempte de biais et d'incertitudes. La surveillance à partir des eaux usées peut être influencée par divers facteurs pré- et post-analytiques, notamment les méthodes de collecte et de l'entreposage des échantillons, le protocole d'analyse en laboratoire, l'ingénierie du réseau d'égouts et des stations d'épuration des eaux usées, les changements de conditions météorologiques et les procédures d'analyse des données (21–23). En outre, comme la surveillance à partir des eaux usées pour le SRAS-CoV-2 est encore en cours d'évolution, il n'existe pas de procédures normalisées pour traiter ces facteurs. Compte tenu de la sensibilité potentielle des données surveillance à partir des eaux usées à ces facteurs, il est important d'établir une filière qui spécifie des protocoles et des méthodologies standardisés, de la collecte des échantillons à l'analyse, afin de garantir l'exactitude des données issues de la surveillance basée sur les eaux usées. Bien qu'il soit impossible de contrôler certaines sources d'incertitude, il est essentiel d'en minimiser les effets. Il est important de mettre en place un cadre permettant de combiner les résultats de la surveillance à partir des eaux usées et de la surveillance clinique afin de communiquer clairement les résultats épidémiologiques et de contribuer aux stratégies de santé publique (24).

Au Canada, la surveillance à partir des eaux usées est réalisée par des laboratoires aux niveaux fédéral, provincial et municipal, ainsi que par des groupes universitaires (7). Le Laboratoire national de microbiologie (LNM) de l'Agence de la santé publique du Canada (l'Agence) rassemble et analyse des échantillons provenant de plusieurs provinces afin de réaliser une surveillance à partir des eaux usées au niveau national. L'objectif de cet article de synthèse est de fournir une vue d'ensemble de la filière surveillance à partir des eaux usées au LNM et un cadre permettant d'intégrer la surveillance à partir des eaux usées et la surveillance clinique afin d'améliorer la surveillance nationale de la COVID-19. Nous décrivons comment la modélisation mathématique peut être utilisée pour faciliter l'interprétation des résultats de la surveillance à partir des eaux usées. Pour accroître l'utilité des données de la surveillance à partir des eaux usées, nous évaluons les facteurs clés qui influencent les signaux de la surveillance à partir des eaux usées à chaque étape de la chaîne de production et les méthodes pour y remédier.

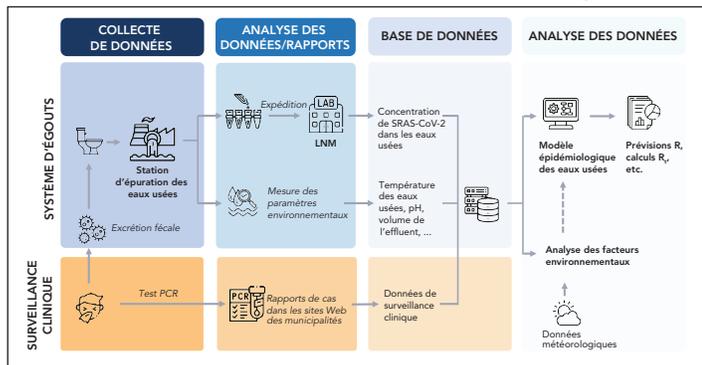
## Résultats

### Canalisation de surveillance des eaux usées

Le programme national canadien de surveillance à partir des eaux usées comprend la collaboration des stations d'épuration des eaux usées municipales et de plusieurs divisions et agences gouvernementales, dont Statistique Canada, le LNM et l'Agence. La surveillance à partir des eaux usées a été développée pour rationaliser les processus surveillance à partir des eaux usées, de la collecte des échantillons à l'établissement des rapports, de manière précise et rapide (**figure 1**).



Figure 1 : Données de surveillance des eaux usées et pipeline d'analyse à l'Agence de la santé publique du Canada/au Laboratoire national de microbiologie

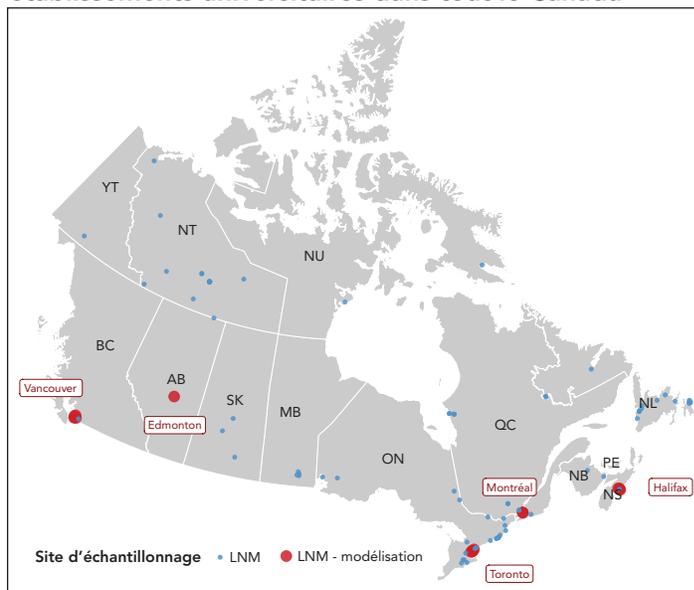


Abréviations: LNM, Laboratoire national de microbiologie; PCR, réaction en chaîne de la polymérase; SRAS-CoV-2, coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère

### Collecte de données

L'enquête canadienne sur les eaux usées, menée conjointement par Statistique Canada et l'Agence, porte actuellement sur 102 stations d'épuration au Canada. Nous mettons l'accent sur 15 stations d'épuration de cinq villes — Vancouver, Edmonton, Toronto, Montréal et Halifax — où la modélisation mathématique est appliquée pour analyser les tendances du SRAS-CoV-2 (figure 2). L'échantillonnage des eaux usées dans les cinq villes a commencé en septembre 2020. Les échantillons sont prélevés environ deux fois par semaine sur les effluents bruts. Les échantillons sont prélevés avant le dessablage dans une station d'épuration des eaux usées d'Edmonton, trois stations d'épuration des eaux usées de Montréal et trois stations d'épuration des eaux usées de Vancouver, et après le dessablage dans quatre stations d'épuration des eaux usées de Toronto et deux stations d'épuration des eaux usées de Vancouver. Les eaux usées peuvent être échantillonnées à l'aide de méthodes composites ou d'échantillons instantanés. L'échantillonnage instantané constitue un échantillonnage rapide à un moment précis, qui représente l'influent à ce moment-là; par conséquent, les résultats sont plus sujets aux variations du débit de l'influent au cours de la journée. L'échantillonnage composite consiste à collecter plusieurs échantillons à l'aide d'un échantillonneur automatique au cours d'une période donnée (généralement 24 heures) afin de représenter la composition des eaux usées pour cette période. Pour l'enquête canadienne sur les eaux usées, la méthode d'échantillonnage composite a été utilisée : des échantillonneurs automatiques ont collecté des échantillons d'eaux usées pendant une période de 24 heures. Ces échantillons ont été conservés à 4 °C et expédiés au LNM à Winnipeg, Manitoba.

Figure 2 : La surveillance de COVID-19 dans les eaux usées est activement menée par les autorités fédérales, provinciales et municipales ainsi que par des établissements universitaires dans tout le Canada



Abréviations : AB, Alberta; BC, Colombie-Britannique; LNM, Laboratoire national de microbiologie; MB, Manitoba; NB, Nouveau-Brunswick; NL, Terre-Neuve-et-Labrador; NS, Nouvelle-Écosse; NT, Territoires du Nord-Ouest; NU, Nunavut; ON, Ontario; PE, Île-du-Prince-Édouard; QC, Québec; SK, Saskatchewan; YT, Yukon

Outre la collecte d'échantillons, la qualité des eaux usées et les paramètres environnementaux des eaux usées, tels que le volume journalier influent, la température et le pH, sont mesurés à la station d'épuration. Les données sur les eaux usées du LNM sont rassemblées avec les paramètres environnementaux de chaque station d'épuration des eaux usées par Statistique Canada pour la gestion des données et partagées avec l'Agence/LNM.

Les données de surveillance clinique sont extraites de la liste des cas de COVID de l'Agence (une liste anonyme des cas de COVID, au niveau individuel, communiquée par les provinces et les territoires à l'Agence pendant la réponse au COVID-19) ou de sources accessibles au public sur les sites Web municipaux de chaque ville dans les cas où la liste de l'Agence n'a pas une résolution spatiale suffisante. Lorsqu'elles sont disponibles (e.g. Toronto, Vancouver), nous recueillons des données au niveau sous-municipal afin de cartographier la localisation spatiale des cas cliniques signalés avec la zone de captage de chaque station d'épuration. Les données environnementales liées aux conditions météorologiques, y compris la quantité de précipitations et de neige au sol pour chaque ville, sont obtenues auprès d'Environnement Canada.



## Analyse en laboratoire de la concentration de SRAS-CoV-2

La concentration de SRAS-CoV-2 a été mesurée à l'aide de deux méthodes. Les protocoles de laboratoire pour les deux méthodes ont été décrits en détail par Nourbakhsh *et al.* (25). En bref, avant le 12 février 2021, l'acide ribonucléique (ARN) du SRAS-CoV-2 a été extrait de la partie liquide surnageante d'échantillons d'eaux usées clarifiées. Toutefois, les premières études ont montré que la partie solide des échantillons d'eaux usées clarifiées présentait une concentration virale plus élevée (26–28). Par conséquent, après le 12 février 2021, l'extraction de l'ARN a été effectuée sur le culot solide après clarification. Le changement de protocole a permis d'améliorer l'efficacité de la quantification de l'ARN.

## Qualité des données et sources d'incertitude

Les données de surveillance à partir des eaux usées sont influencées par plusieurs facteurs, notamment les conditions environnementales, les protocoles de laboratoire et l'ingénierie des stations d'épuration. Nous résumons ci-dessous la manière dont les facteurs environnementaux et de laboratoire peuvent avoir un impact sur les données de surveillance à partir des eaux usées. Il s'agit d'un domaine où la recherche est encore active et où de nombreuses lacunes subsistent en matière de connaissances.

Les facteurs environnementaux tels que les précipitations ou la fonte des neiges ont été décrits comme des facteurs critiques susceptibles d'influencer les signaux viraux dans les eaux usées (29). Toutefois, l'impact des facteurs environnementaux peut varier en fonction du type de réseau d'égouts desservi par une station d'épuration des eaux usées. Il existe deux grands types de systèmes d'égouts : les systèmes combinés et les systèmes sanitaires. Les systèmes combinés recueillent les eaux pluviales de surface et les eaux usées dans les mêmes canalisations. Alors que les systèmes combinés ne collectent les eaux usées comme eau entrante dans la station d'épuration que par temps sec, le temps humide ou les fortes précipitations (y compris la fonte des neiges) augmentent le débit entrant et diluent la concentration virale présente dans les eaux usées (29). En revanche, les systèmes sanitaires séparent principalement les eaux pluviales et les eaux usées, ce qui signifie que le volume d'afflux ne varie pas de manière significative en fonction des conditions météorologiques, évitant ainsi la dilution du signal viral.

Les systèmes combinés sont présents dans les parties les plus anciennes des villes suivies par l'Agence. Pour garantir la qualité des données de surveillance à partir des eaux usées, nous avons étudié les effets médiateurs potentiels des précipitations sur le signal SRAS-CoV-2 de surveillance à partir des eaux usées. Nos analyses quantitatives des facteurs environnementaux (manuscrit en préparation) ont révélé que si certaines fluctuations du volume de l'affluent ont été enregistrées avec les changements de précipitations, elles ne semblent pas avoir d'impact significatif

sur la concentration de SRAS-CoV-2 dans les eaux usées pour les dates et les sites analysés. Il a également été suggéré que la fonte des neiges influence le signal du SRAS-CoV-2 dans les eaux usées (21,30). Bien que certaines études aient montré que le volume de l'influent augmentait pendant la saison de la fonte des neiges (30–32), il y a peu de preuves que les événements de fonte des neiges ont un impact significatif sur le signal viral.

## Facteurs de laboratoire

La mesure de la concentration virale à partir d'un échantillon d'eau usée est un processus en plusieurs étapes, où chaque étape peut introduire une source d'erreur potentielle. La durée et les conditions de transport de l'échantillon entre le lieu de prélèvement et le laboratoire peuvent avoir une incidence sur la mesure de la concentration finale de SRAS-CoV-2. Par nature, les échantillons d'eaux usées sont très « actifs » ; i.e. qu'ils présentent un degré élevé d'activité biologique qui entraîne une modification rapide de la nature de l'échantillon. En outre, l'équipement et les récipients du système d'échantillonnage peuvent être contaminés. Par conséquent, le stockage, le transport et la manipulation des échantillons d'eaux usées sont essentiels au maintien de leur intégrité et constituent des sources potentielles d'erreurs. En outre, la nature complexe et variable des eaux usées nécessite l'utilisation appropriée d'échantillons de contrôle pour tenir compte des variations dans la composition des eaux usées et évaluer l'efficacité globale du processus. L'absence d'exécution correcte de ces contrôles constitue une autre source potentielle d'erreur. La détection moléculaire par réaction en chaîne de la polymérase quantitative en temps réel (RT-qPCR) peut également être sujette à des erreurs (e.g. courbe standard non mise à jour, nouvelles mutations virales affectant l'identification par les amorces). Par conséquent, des protocoles rigoureux visant à garantir la cohérence et la fiabilité des mesures de concentration du SRAS-CoV-2 à partir d'échantillons d'eaux usées devraient être mis en place à ce stade de la filière de surveillance à partir des eaux usées. Les orientations relatives à ces protocoles sont présentées en détail dans les **Matériel supplémentaires**.

## Normalisation

Comme indiqué ci-dessus, de nombreux facteurs peuvent avoir un impact sur la concentration virale dans les eaux usées. Idéalement, ces facteurs devraient être déterminés, mesurés et contrôlés avant de communiquer une concentration virale « finale » dans les eaux usées. Les eaux usées représentent une matrice complexe qui contient des facteurs biologiques, chimiques et physiques susceptibles d'affecter la concentration et/ou la détection de l'ARN. Les eaux usées ne contiennent pas seulement des eaux usées domestiques, mais peuvent également contenir des rejets industriels/agricoles et des eaux pluviales en fonction des conditions météorologiques (33). La composition des eaux usées peut changer en termes de pH, de teneur en chlore et en oxygène dissous, ce qui peut réduire la concentration virale (23). En outre, le transport des eaux usées dans le réseau d'égouts comprend des fluctuations de

la température des eaux usées, du débit, de la sédimentation/ remise en suspension et de la durée du trajet. Pour ces raisons, il est peu probable d'obtenir un signal viral régulier dans les eaux usées, en particulier lors de la surveillance de petites collectivités. Cependant, plusieurs approches de normalisation ont été employées par différents groupes pour répondre à ces incertitudes. La normalisation n'est pas encore standardisée dans la surveillance à partir des eaux usées; même le mot « normalisation » n'est peut-être pas approprié, car il tente de corriger différents facteurs. Le signal viral dans les eaux usées doit être contrôlé pour 1) la masse fécale humaine afin de tenir compte de la population (e.g. en utilisant des biomarqueurs tels que le virus de la marbrure douce du poivron [PMMoV], le crAssphage et l'ammoniac); 2) les événements environnementaux (e.g. le débit d'afflux de la station d'épuration des eaux usées) et 3) la dynamique de transport et de dispersion dans les égouts (e.g. en utilisant des mesures de la suspension de particules dans les eaux usées). Il n'existe probablement pas de solution globale pour contrôler ces facteurs (et d'autres), car chaque égout présente des spécificités uniques. La normalisation est encore un domaine d'investigation à l'Agence/LNM, où la collecte de plusieurs variables de normalisation (e.g. la concentration de PMMoV, le pH, la masse des solides totaux en suspension) a été effectuée depuis le début du programme fédéral surveillance à partir des eaux usées.

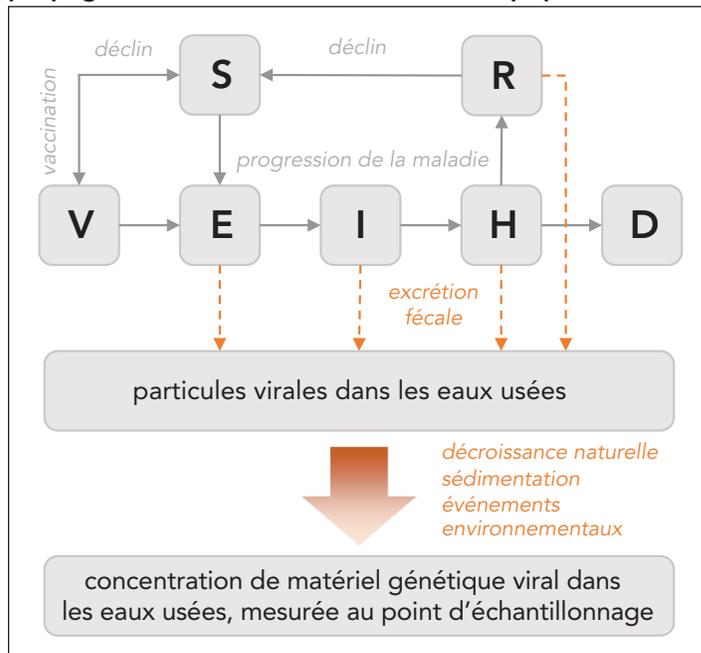
### Modèle épidémiologique des eaux usées

Un modèle mathématique décrivant à la fois la transmission du SRAS-CoV-2 au niveau de la population et la concentration du SRAS-CoV-2 dans les eaux usées (en modélisant explicitement l'excrétion fécale) a été mis au point à l'Agence/NML (25) et mis en œuvre sous la forme d'une librairie R accessible au public (34). Une représentation simple de ce modèle, appelé modèle épidémique des eaux usées (le MEEU), est illustrée par la **figure 3**.

Comme d'autres modèles mathématiques, le MEEU fournit un cadre de principe pour estimer les paramètres épidémiologiques non observés (e.g. la prévalence, le nombre de reproduction effectif  $R_e$ ) et pour prévoir les cas, les hospitalisations et les décès. Il est important de noter que le MEEU intègre à la fois les données relatives aux eaux usées et les données traditionnelles basées sur la surveillance clinique. Ces deux types de données, eaux usées et cliniques, peuvent être utilisés soit en combinaison lorsque davantage de renseignements sont nécessaires pour trianguler l'état de la pandémie, soit en remplacement l'un de l'autre lorsque l'une des deux sources de données est manquante ou jugée inexacte. Nous en donnons un exemple dans la section consacrée à l'analyse de la vague Omicron.

Comme le MEEU intègre les données relatives aux eaux usées, il traduit le signal des eaux usées - qui peut être difficile à interpréter d'un point de vue épidémiologique - en mesures pratiques et bien connues pour la santé publique (e.g. la prévalence,  $R_e$ ). Le manque de données et de compréhension

**Figure 3 : Le modèle épidémique des eaux usées est basé sur la modélisation mathématique standard de la propagation des maladies au sein d'une population<sup>a</sup>**



Abréviations : D, décédé; E, exposition latente; H, hospitalisé; I, infectieux; R, guéri; S, sensible; V, immunisation  
<sup>a</sup> Nourbakhsh et al. référence (25)

du devenir de l'ARN viral dans les égouts nous a empêchés d'associer, *a priori*, la mesure de la concentration virale au « véritable » niveau de prévalence de l'infection dans la zone desservie par la station d'épuration des eaux usées. Nous avons donc été limités à l'estimation de la prévalence comme si elle avait été rapportée par la surveillance clinique. Cela signifie que nous avons pris en compte les données historiques de la concentration virale dans les eaux usées et de la prévalence clinique rapportée pour calculer leur ratio moyen. Nous avons utilisé ce ratio pour convertir la concentration virale en une estimation des cas « déclarables » dans le MEEU (i.e. cas déclarables = ratio x concentration virale) (25). En d'autres termes, nous n'avons pas essayé d'estimer la fraction déclarante. Bien que cela soit techniquement possible avec le MEEU, nous n'avons pas essayé de prévoir les hospitalisations ou les décès parce que ces données n'étaient pas disponibles au niveau du réseau d'égouts (i.e. au niveau sous-municipal), ce qui nous a empêché d'ajuster les paramètres du modèle associés à l'hospitalisation et à la mortalité. C'est pourquoi nous avons limité nos prévisions aux cas déclarables et au matériel complémentaire. La **figure S1** montre nos estimations pour cinq villes canadiennes.

Nous n'avons pas constaté de différences significatives dans les prévisions produites par le MEEU, que la concentration soit normalisée par PMMoV ou non. Nous avons donc décidé d'utiliser simplement la concentration brute (non normalisée) de SRAS-CoV-2 dans les eaux usées, car la normalisation est



encore un domaine d'étude au LNM. Les prévisions de cas sont des indicateurs clés dans la planification des actions de santé publique car elles prédisent la transmission de la maladie au niveau de la population. Nous avons contrôlé la précision des prévisions à quatre semaines du MEEU en utilisant des scores logarithmiques (35).

Le nombre de reproduction effectif ( $R_t$ ) est une autre mesure importante qui résume l'état actuel de la dynamique de transmission. Nous présentons les estimations de  $R_t$  obtenues à partir du MEEU dans le matériel supplémentaire **figure S2**. Ces indicateurs épidémiologiques de la transmission du virus ont joué un rôle important dans la surveillance nationale de la COVID-19, et la modélisation permet d'incorporer des renseignements provenant de la surveillance à partir des eaux usées afin d'améliorer l'estimation de ces indicateurs.

### Rapports de surveillance des eaux usées

La surveillance des eaux usées est effectuée au niveau local — typiquement au niveau d'une municipalité (échantillonnage dans une station d'épuration), d'un quartier (échantillonnage dans une bouche d'égout) ou d'une institution (e.g. un hôpital, un campus universitaire). Lorsque des données provenant de plusieurs sites d'échantillonnage sont disponibles, il peut être plus pertinent d'agréger les données afin de fournir un indicateur de tendance pour une zone géographique plus large. Une approche possible pour agréger les concentrations virales dans les eaux usées de différents sites consiste à effectuer une moyenne pondérée par la taille de la population de chaque bassin versant. Bien entendu, les concentrations virales doivent être préalablement standardisées.

Pour étayer ses analyses, l'Agence agrège les échantillons d'eaux usées prélevés dans les stations d'épuration au niveau municipal et national. L'Agence analyse la surveillance à partir des eaux usées à travers le prisme de la modélisation; ainsi, l'agrégation de la moyenne pondérée est effectuée sur les mesures épidémiologiques (e.g. l'incidence prévue,  $R_t$ ) après avoir ajusté le MEEU aux données de chaque site d'échantillonnage. En d'autres termes, nous n'adaptions pas la méthode MEEU à un signal d'eaux usées agrégé. La surveillance basée sur les eaux usées est présentée en combinaison avec la surveillance clinique et les prévisions de modélisation pour montrer la concentration des eaux usées et les cas à ce jour, ainsi que les prévisions basées sur le modèle MEEU.

### Application à l'analyse de la vague Omicron au Canada

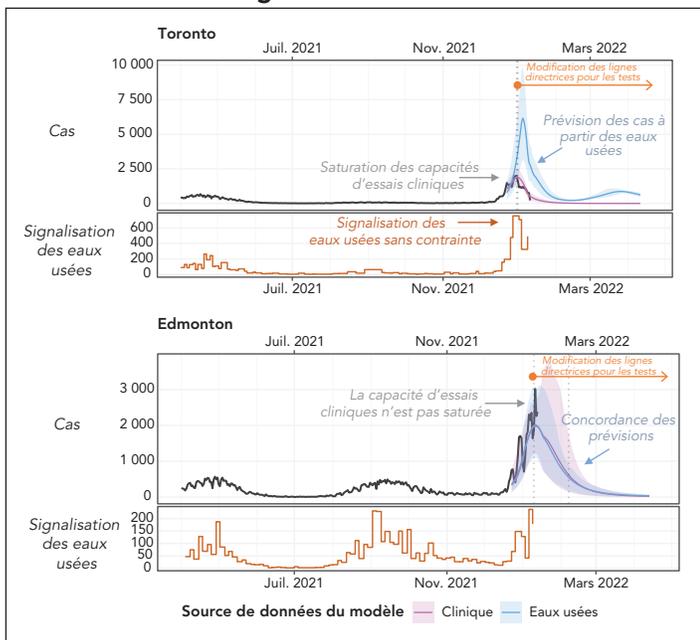
Le variant Omicron du SRAS-CoV-2 a été classé comme variant préoccupant le 26 novembre 2021 (16). En janvier 2022, plus de 90 % des échantillons de SRAS-CoV-2 collectés au Canada ont été identifiés comme étant Omicron (36). Omicron s'est rapidement répandu au Canada, ce qui a entraîné une modification des politiques de dépistage visant à limiter les

tests PCR aux populations à haut risque ou vulnérables dans de nombreux territoires afin de répondre à la demande écrasante. Ce changement a probablement conduit à une sous-estimation de la charge de morbidité par la surveillance clinique. Il est important de noter que les prévisions de cas issues des modèles utilisant les données de cas ne peuvent plus servir d'indicateurs fiables pour contribuer aux politiques de santé publique. En fait, dans les cinq villes analysées avec le MEEU, les charges virales des eaux usées ont augmenté de manière concordante avec les cas cliniques, mais les tendances ont divergé avec la mise en œuvre des restrictions des tests PCR (matériel supplémentaire, figure S1). Alors que les cas cliniques semblent avoir atteint un pic autour de la date de la restriction, les signaux des eaux usées sont restés élevés ou ont continué à augmenter. La discordance entre la surveillance clinique et la surveillance à partir des eaux usées pendant la vague Omicron a souligné l'utilité de la surveillance à partir des eaux usées lorsque les tests cliniques étaient limités (3).

Pour évaluer l'impact de la source de données sur les estimations de cas et les prévisions avec le MEEU en l'absence de tests cliniques fiables, le modèle a été calibré alternativement sur des données cliniques et des données de surveillance à partir des eaux usées. En outre, les paramètres du modèle représentant la proportion d'asymptomatiques et l'efficacité du vaccin, supposés constants pour toutes les vagues avant Omicron, ont été calibrés sur les données propres à Omicron lorsqu'elles sont devenues disponibles (e.g. les premières études sur l'efficacité du vaccin). Une fois ces ajustements effectués, les données de la surveillance à partir des eaux usées, de la surveillance clinique et des prévisions du modèle ont été communiquées avec des interprétations épidémiologiques pour le suivi interne des tendances nationales du SRAS-CoV-2 (figure 1). Le MEEU a fourni des estimations des cas déclarables (i.e. les cas cliniques qui auraient été déclarés sans les restrictions sur les tests PCR) en utilisant uniquement les données sur les eaux usées, en comparaison avec les cas cliniques effectivement déclarés, afin d'évaluer l'ampleur de la sous-déclaration et la probabilité d'avoir dépassé le pic d'incidence de la vague. La **figure 4** montre comment les résultats de la modélisation ont été utilisés dans deux villes différentes pendant la vague Omicron. Dans cet exemple, la méthode de MEEU a été ajustée aux données cliniques ou aux données sur les eaux usées de Toronto (la plus grande ville du Canada) et d'Edmonton (une ville de taille moyenne). Le modèle suggère que la sous-déclaration des cas était plus prononcée dans le premier cas que dans le second. Cette analyse de modélisation de la vague Omicron, ainsi que les estimations pour cinq villes sur une période plus longue présentées dans le matériel supplémentaire, figure S1, ont mis en évidence les limites de la surveillance clinique, en particulier après la modification des directives relatives aux tests PCR. La comparaison des cas estimés à partir de la surveillance clinique et de la surveillance à partir des eaux usées a mis en évidence la sous-déclaration des cas. En outre, la surveillance à partir des eaux usées a complété les renseignements issus

de la surveillance clinique, notamment en ce qui concerne le moment du pic et les tendances à la hausse ou à la baisse. Dans l'ensemble, la vague Omicron au Canada a permis d'apprécier l'utilité de la surveillance à partir des eaux usées en tant qu'approche alternative pour surveiller la transmission du SRAS-CoV-2 lorsque la surveillance clinique était débordée et peinait à fournir des données de haute qualité sur les tendances de la prévalence de la maladie.

**Figure 4 : Exemple d'interprétation de la sortie du modèle lors de la vague Omicron**



## Discussion

### Limites de la surveillance des eaux usées au Canada

Actuellement, la modélisation basée sur les eaux usées se concentre sur cinq grandes villes du Canada. Bien que la zone de couverture combinée de la surveillance à partir des eaux usées pour ces cinq villes représente environ 23 % de la population canadienne (37), elle ne peut fournir une vue d'ensemble des tendances du SRAS-CoV-2 en raison de l'étendue limitée de la surveillance. On ne sait pas exactement quelle proportion minimale de la population devrait être surveillée par la surveillance à partir des eaux usées pour fournir une estimation fiable de la prévalence nationale. La surveillance des grandes villes peut constituer un bon point de départ pour évaluer l'intensité de la transmission à l'échelle nationale, car c'est probablement là que se produit la majeure partie de la transmission. Bien que l'extension de l'enquête canadienne sur les eaux usées puisse accroître la couverture de l'enquête sur les eaux usées, plusieurs défis sont à prévoir compte tenu de la géographie et de la répartition de la population au Canada.

Tout d'abord, dans les petites collectivités ou les collectivités isolées, les méthodes d'échantillonnage devront être différentes, comme la collecte d'échantillons dans une fosse septique, un regard ou une lagune, en raison de l'absence de stations d'épuration dans ces régions. Bien que des recherches antérieures aient démontré que l'échantillonnage dans les regards n'entraînait pas de dégradation significative de l'ARN (38), il représente un défi logistique. En outre, notre cadre de modélisation actuel (le MEEU) n'est pas adapté à l'analyse des petites populations, principalement parce que le MEEU n'est pas un modèle stochastique.

Bien qu'il s'agisse encore d'un domaine de recherche actif, il est essentiel de tenir compte des incertitudes liées au signal viral dans les eaux usées, telles que la dynamique de l'excrétion fécale et la désintégration de l'ARN dans les égouts. Étant donné que le signal viral est censé être utilisé pour informer la santé publique, la normalisation peut améliorer sa précision dans l'estimation de la prévalence des infections. L'incertitude quant à l'efficacité des techniques de normalisation, à l'Agence/LNM mais aussi pour de nombreux autres groupes, est actuellement une limitation qui entrave l'interprétation de la surveillance à partir des eaux usées et un domaine de recherche active.

### Au-delà de la COVID-19

La mise en œuvre de la surveillance à partir des eaux usées en tant qu'outil de surveillance de routine a des implications plus larges que la COVID-19. La surveillance basée sur les eaux usées peut également être utilisée pour contrôler les pathogènes respiratoires autres que le SRAS-CoV-2 (y compris les virus de la grippe, le virus respiratoire syncytial), les infections transmissibles sexuellement, la résistance aux antibiotiques et l'utilisation des antibiotiques dans la collectivité (39,40). Il est important de noter que la recherche active avec la surveillance à partir des eaux usées pendant la pandémie de COVID-19 a permis de mieux comprendre les facteurs internes aux égouts, les facteurs environnementaux et la dynamique de la population qui affectent la surveillance à partir des eaux usées et de développer une modélisation mathématique pour estimer la prévalence du risque sanitaire au sein de la population et ses prévisions futures. Cependant, nous notons que pour tout agent pathogène étudié dans les eaux usées, il est essentiel de comprendre sa dynamique d'excrétion fécale et sa décomposition dans les égouts afin d'améliorer les estimations de la prévalence de l'infection dans la collectivité à partir de la concentration virale mesurée dans les eaux usées. Malheureusement, ces études cliniques sont rares, même pour le SRAS-CoV-2. Si l'extension de la surveillance à partir des eaux usées à d'autres pathologies nécessite la mise au point de nouveaux tests de laboratoire, le cadre et les connaissances actuels de la surveillance à partir des eaux usées et de la modélisation avec le MEEU constitueront une base solide pour faciliter la surveillance d'autres agents pathogènes infectieux.



## Prochaines étapes

Bien que le cadre présent constitue une filière complète pour le champ d'application actuel des surveillances à partir des eaux usées nationales, des modifications et des améliorations peuvent être apportées pour répondre à la nature dynamique de la pandémie de COVID-19. Une étape cruciale dans le développement de la surveillance à partir des eaux usées consiste à normaliser les données de surveillance, y compris les paramètres de mesure et le stockage, dans de nombreux laboratoires. Le modèle de données ouvertes pour la surveillance environnementale en santé publique (41) est une initiative visant à développer une structure de données ouvertes, y compris des métadonnées et un vocabulaire, pour soutenir la surveillance environnementale telle que la surveillance à partir des eaux usées. L'Agence est en train d'intégrer la surveillance nationale des eaux usées dans le modèle de données ouvertes de la surveillance environnementale de la santé publique afin d'accroître sa capacité à surveiller de multiples pathogènes et emplacements géographiques pour la surveillance à partir des eaux usées, facilitant ainsi l'extensibilité de l'analyse des données, grâce à sa structure de données normalisée. Outre l'intégration de données provenant de programmes de surveillance à partir des eaux usées simultanés, la surveillance à partir des eaux usées a le potentiel de s'étendre à un plus grand nombre de lieux géographiques avec des environnements divers, tels que des collectivités éloignées ou de petites tailles. Cependant, les collectivités isolées posent des problèmes particuliers, car elles ne disposent souvent pas de station d'épuration et nécessitent d'autres méthodes d'échantillonnage pour la surveillance à partir des eaux usées. Par conséquent, le cadre peut également être élargi pour intégrer les processus d'analyse des données provenant de ces différentes sources d'échantillons afin de normaliser les analyses. Enfin, la surveillance à partir des eaux usées peut servir d'indicateur des variantes émergentes préoccupantes grâce au séquençage du génome du SRAS-CoV-2. Bien que ce travail soit actuellement mené au LNM, les interprétations épidémiologiques des résultats ne sont pas encore incorporées dans la surveillance à partir des eaux usées décrite ici.

## Conclusion

Bien que la surveillance à partir des eaux usées ait déjà été utilisée pour contribuer aux réponses de la santé publique pour d'autres risques sanitaires, la pandémie de COVID-19 a stimulé l'expansion de la surveillance à partir des eaux usées à une échelle sans précédent. Comme l'a démontré la vague Omicron, la surveillance de la COVID-19 à partir des eaux usées peut avoir des implications politiques de santé publique importantes, en particulier lorsque les méthodes traditionnelles de surveillance épidémiologique sont réduites. Le cadre présent décrit la première surveillance nationale à partir des eaux usées de COVID-19 au Canada. En particulier, l'utilisation de la modélisation mathématique est un outil essentiel pour interpréter la surveillance à partir des eaux usées, car elle traduit les concentrations d'eaux usées en prévalence, ce qui facilite

l'interprétation dans le cadre de la santé publique. Bien que la surveillance à partir des eaux usées pour la COVID-19 fournisse des renseignements uniques sur la propagation communautaire du SRAS-CoV-2, il reste de nombreuses incertitudes et incohérences à résoudre dans les données de la surveillance à partir des eaux usées. La mise en place de ce cadre permettra de poursuivre l'expansion et le développement du programme de surveillance à partir des eaux usées, y compris la surveillance d'autres zones géographiques et d'autres agents pathogènes.

## Déclaration des auteurs

M. J. J. — Rédaction de la version originale, analyse des données, révision et édition, approbation finale  
C. S. M. — Acquisition des données, analyse des données, révision et édition, approbation finale  
E. M. M. — Acquisition des données, rédaction de la version originale des documents supplémentaires, analyse des données, révision et édition, approbation finale  
A. Nagasawa — Acquisition des données, analyse des données, révision et édition, approbation finale  
A. Nichani — Acquisition des données, révision et édition, approbation finale  
C. P. I. — Acquisition des données, analyse des données, révision et édition, approbation finale  
S. W. P. — Acquisition des données, rédaction de la version originale des documents supplémentaires, analyse des données, révision et édition, approbation finale  
D. C. — Rédaction de la version originale, rédaction de la version originale des documents supplémentaires, analyse des données, révision et édition, approbation finale

Les ensembles de données obtenus et/ou analysés au cours de la présente étude sont disponibles auprès de l'auteur correspondant sur demande raisonnable.

## Intérêts concurrents

Aucun.

## Financement

Aucun.

## Matériel supplémentaire

Ces documents sont accessibles dans le fichier « [Matériel supplémentaire](#) ».

## Références

1. Hovi T, Shulman LM, van der Avoort H, Deshpande J, Roivainen M, DE Gourville EM. Role of environmental poliovirus surveillance in global polio eradication and beyond. *Epidemiol Infect* 2012;140(1):1–13. [DOI PubMed](#)



2. Qiu Y, Lee BE, Neumann N, Ashbolt N, Craik S, Maal-Bared R, Pang XL. Assessment of human virus removal during municipal wastewater treatment in Edmonton, Canada. *J Appl Microbiol* 2015;119(6):1729–39. DOI PubMed
3. Statistique Canada. Enquête canadienne sur les eaux usées, décembre 2021 à janvier 2022. Ottawa, ON : StatCan; 2022. [Consulté le 20 avril 2022]. <https://www150.statcan.gc.ca/n1/daily-quotidien/220218/dq220218d-fra.htm>
4. Yargeau V, Taylor B, Li H, Rodayan A, Metcalfe CD. Analysis of drugs of abuse in wastewater from two Canadian cities. *Sci Total Environ* 2014;487:722–30. DOI PubMed
5. Qiu Y, Li Q, Lee BE, Ruecker NJ, Neumann NF, Ashbolt NJ, Pang X. UV inactivation of human infectious viruses at two full-scale wastewater treatment plants in Canada. *Water Res* 2018;147:73–81. DOI PubMed
6. Webb AL, Taboada EN, Selinger LB, Boras VF, Inglis GD. Prevalence and diversity of waterborne *Arcobacter butzleri* in southwestern Alberta, Canada. *Can J Microbiol* 2017;63(4):330–40. DOI PubMed
7. Naughton CC, Roman FA, Alvarado AGF, Tariqi A, Deeming MA, Kadonsky KF, Bibby K, Bivins A, Medema G, Ahmed W, Katsivelis P, Allan V, Sinclair R, Rose JB. Show us the data: global COVID-19 wastewater monitoring efforts, equity, and gaps. *FEMS Microbes* 2023;4:xtad003. DOI
8. Hilborne LH, Wagner Z, Cabrerós I, Brook RH. Linking Statistics With Testing Policy to Manage COVID-19 in the Community. *Am J Clin Pathol* 2020;154(2):142–8. DOI PubMed
9. Miura F, Kitajima M, Omori R. Duration of SARS-CoV-2 viral shedding in faeces as a parameter for wastewater-based epidemiology: re-analysis of patient data using a shedding dynamics model. *Sci Total Environ* 2021;769:144549. DOI PubMed
10. Sangkham S. A review on detection of SARS-CoV-2 RNA in wastewater in light of the current knowledge of treatment process for removal of viral fragments. *J Environ Manage* 2021;299:113563. DOI PubMed
11. Shah S, Gwee SX, Ng JQ, Lau N, Koh J, Pang J. Wastewater surveillance to infer COVID-19 transmission: A systematic review. *Sci Total Environ* 2022;804:150060. DOI PubMed
12. Akingbola S, Fernandes R, Borden S, Gilbride K, Oswald C, Straus S, Tehrani A, Thomas J, Stuart R. Early identification of a COVID-19 outbreak detected by wastewater surveillance at a large homeless shelter in Toronto, Ontario. *Can J Public Health* 2023;114(1):72–9. DOI PubMed
13. Izquierdo-Lara RW, Heijnen L, Oude Munnink BB, Schapendonk CM, Elsinga G, Langeveld J, Post J, Prasad DK, Carrizosa C, Been F, van Beek J, Schilperoort R, Vriend R, Fanoy E, de Schepper EI, Sikkema RS, Molenkamp R, Aarestrup FM, Medema G, Koopmans MP, de Graaf M. Rise and fall of SARS-CoV-2 variants in Rotterdam: comparison of wastewater and clinical surveillance. *Sci Total Environ* 2023;873:162209. DOI PubMed
14. Pang X, Gao T, Ellehoj E, Li Q, Qiu Y, Maal-Bared R, Sikora C, Tipples G, Diggle M, Hinshaw D, Ashbolt NJ, Talbot J, Hrudney SE, Lee BE. Wastewater-Based Surveillance Is an Effective Tool for Trending COVID-19 Prevalence in Communities: A Study of 10 Major Communities for 17 Months in Alberta. *ACS ES T Water* 2022;2(11):2243–54. DOI PubMed
15. Li Q, Lee BE, Gao T, Qiu Y, Ellehoj E, Yu J, Diggle M, Tipples G, Maal-Bared R, Hinshaw D, Sikora C, Ashbolt NJ, Talbot J, Hrudney SE, Pang X. Number of COVID-19 cases required in a population to detect SARS-CoV-2 RNA in wastewater in the province of Alberta, Canada: sensitivity assessment. *J Environ Sci (China)* 2023;125:843–50. DOI PubMed
16. World Health Organization. Classification of Omicron (B.1.1.529): SARS-CoV-2 Variant of Concern. Geneva (CH): WHO; 2021. [Consulté le 20 avril 2022]. [https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-\(b.1.1.529\)-sars-cov-2-variant-of-concern](https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-(b.1.1.529)-sars-cov-2-variant-of-concern)
17. Khandia R, Singhal S, Alqahtani T, Kamal MA, El-Shall NA, Nainu F, Desingu PA, Dhama K. Emergence of SARS-CoV-2 Omicron (B.1.1.529) variant, salient features, high global health concerns and strategies to counter it amid ongoing COVID-19 pandemic. *Environ Res* 2022;209:112816. DOI PubMed
18. Santé Publique Ontario. Sous-déclaration du nombre de cas de COVID-19 dans le contexte du variant Omicron. Toronto, ON : SPO; 2021. [Consulté le 20 avril 2022]. <https://www.publichealthontario.ca/fr/about/news/2021/underreporting-of-covid-19-case-counts-in-the-context-of-the-omicron-variant>
19. Kitajima M, Ahmed W, Bibby K, Carducci A, Gerba CP, Hamilton KA, Haramoto E, Rose JB. SARS-CoV-2 in wastewater: state of the knowledge and research needs. *Sci Total Environ* 2020;739:139076. DOI PubMed



20. Wu F, Xiao A, Zhang J, Moniz K, Endo N, Armas F, Bonneau R, Brown MA, Bushman M, Chai PR, Duvall C, Erickson TB, Foppe K, Ghaeli N, Gu X, Hanage WP, Huang KH, Lee WL, Matus M, McElroy KA, Nagler J, Rhode SF, Santillana M, Tucker JA, Wuertz S, Zhao S, Thompson J, Alm EJ. SARS-CoV-2 RNA concentrations in wastewater foreshadow dynamics and clinical presentation of new COVID-19 cases. *Sci Total Environ* 2022;805:150121. [DOI PubMed](#)
21. Wade MJ, Lo Jacomo A, Armenise E, Brown MR, Bunce JT, Cameron GJ, Fang Z, Farkas K, Gilpin DF, Graham DW, Grimsley JM, Hart A, Hoffmann T, Jackson KJ, Jones DL, Lilley CJ, McGrath JW, McKinley JM, McSparron C, Nejad BF, Morvan M, Quintela-Baluja M, Roberts AM, Singer AC, Souque C, Speight VL, Sweetapple C, Walker D, Watts G, Weightman A, Kasprzyk-Hordern B. Understanding and managing uncertainty and variability for wastewater monitoring beyond the pandemic: lessons learned from the United Kingdom national COVID-19 surveillance programmes. *J Hazard Mater* 2022;424 Pt B:127456. [DOI PubMed](#)
22. McCall C, Fang ZN, Li D, Czubai AJ, Juan A, LaTurner Z, Ensor K, Hopkins L, Bedient P, Stadler LB. Modeling SARS-CoV-2 RNA Degradation in Small and Large Sewersheds. *Environ Sci Water Res Technol* 2022;8:290–300. [DOI](#)
23. Bertels X, Demeyer P, Van den Bogaert S, Boogaerts T, van Nuijs AL, Delputte P, Lahousse L. Factors influencing SARS-CoV-2 RNA concentrations in wastewater up to the sampling stage: A systematic review. *Sci Total Environ* 2022;820:153290. [DOI PubMed](#)
24. Smith T, Holm RH, Yeager R, Moore JB 4th, Rouchka EC, Sokoloski KJ, Elliott EM, Talley D, Arora V, Moyer S, Bhatnagar A. Combining Community Wastewater Genomic Surveillance with State Clinical Surveillance: A Framework for SARS-CoV-2 Public Health Practice. *Food Environ Virol* 2022;14(4):410–6. [DOI PubMed](#)
25. Nourbakhsh S, Fazil A, Li M, Mangat CS, Peterson SW, Daigle J, Langner S, Shurgold J, D'Aoust P, Delatolla R, Mercier E, Pang X, Lee BE, Stuart R, Wijayasri S, Champredon D. A wastewater-based epidemic model for SARS-CoV-2 with application to three Canadian cities. *Epidemics* 2022;39:100560. [DOI PubMed](#)
26. Li B, Di DY, Saingam P, Jeon MK, Yan T. Fine-Scale Temporal Dynamics of SARS-CoV-2 RNA Abundance in Wastewater during A COVID-19 Lockdown. *Water Res* 2021;197:117093. [DOI PubMed](#)
27. Palmer EJ, Maestre JP, Jarma D, Lu A, Willmann E, Kinney KA, Kirisits MJ. Development of a reproducible method for monitoring SARS-CoV-2 in wastewater. *Sci Total Environ* 2021;799:149405. [DOI PubMed](#)
28. Kim S, Kennedy LC, Wolfe MK, Criddle CS, Duong DH, Topol A, White BJ, Kantor RS, Nelson KL, Steele JA, Langlois K, Griffith JF, Zimmer-Faust AG, McLellan SL, Schussman MK, Ammerman M, Wigginton KR, Bakker KM, Boehm AB. SARS-CoV-2 RNA is enriched by orders of magnitude in primary settled solids relative to liquid wastewater at publicly owned treatment works. *Environ Sci (Camb)* 2022;8(4):757–70. [DOI PubMed](#)
29. Lazuka A, Arnal C, Soyeux E, Sampson M, Lepeuple AS, Deleuze Y, Pouradier Duteil S, Lacroix S. COVID-19 wastewater based epidemiology: long-term monitoring of 10 WWTP in France reveals the importance of the sampling context. *Water Sci Technol* 2021;84(8):1997–2013. [DOI PubMed](#)
30. Statistique Canada. L'analyse des eaux usées laisse croire que la consommation de fentanyl, de cannabis et de méthamphétamine a augmenté au début de la pandémie. Ottawa, ON : StatCan; 2021. [Consulté le 20 avril 2022]. <https://www150.statcan.gc.ca/n1/daily-quotidien/210726/dq210726a-fra.htm>
31. Tiwari A, Lipponen A, Hokajärvi AM, Luomala O, Sarekoski A, Rytönen A, Österlund P, Al-Hello H, Juutinen A, Miettinen IT, Savolainen-Kopra C, Pitkänen T. Detection and quantification of SARS-CoV-2 RNA in wastewater influent in relation to reported COVID-19 incidence in Finland. *Water Res* 2022;215:118220. [DOI PubMed](#)
32. Ai Y, Davis A, Jones D, Lemeshow S, Tu H, He F, Ru P, Pan X, Bohrerova Z, Lee J. Wastewater SARS-CoV-2 monitoring as a community-level COVID-19 trend tracker and variants in Ohio, United States. *Sci Total Environ* 2021;801:149757. [DOI PubMed](#)
33. Nagarkar M, Keely SP, Jahne M, Wheaton E, Hart C, Smith B, Garland J, Varughese EA, Braam A, Wiechman B, Morris B, Brinkman NE. SARS-CoV-2 monitoring at three sewersheds of different scales and complexity demonstrates distinctive relationships between wastewater measurements and COVID-19 case data. *Sci Total Environ* 2022;816:151534. [DOI PubMed](#)
34. Wastewater Epidemic Model. [Consulté le 20 avril 2022]. <https://github.com/phac-nml-phrsd/wem>
35. Gneiting T, Balabdaoui F, Raftery AE. Probabilistic forecasts, calibration and sharpness. *J R Stat.* 2007;69(2):247–68. [DOI](#)



- 36. Santé Publique Ontario. Variant préoccupant Omicron de la COVID-19 (B.1.1.529) : Évaluation du risque, 26 janvier 2022. Toronto, ON : SPO; 2022. [https://www.publichealthontario.ca/-/media/documents/ncov/voc/2022/01/covid-19-omicron-b11529-risk-assessment-jan-26.pdf?sc\\_lang=fr](https://www.publichealthontario.ca/-/media/documents/ncov/voc/2022/01/covid-19-omicron-b11529-risk-assessment-jan-26.pdf?sc_lang=fr)
- 37. Statistique Canada. Profil du recensement, Recensement de la population de 2021. Ottawa, ON : StatCan; 2023. [Consulté le 20 avril 2022]. <https://www12.statcan.gc.ca/census-recensement/2021/dp-pd/prof/index.cfm?Lang=F>
- 38. Yeager R, Holm RH, Saurabh K, Fuqua JL, Talley D, Bhatnagar A, Smith T. Wastewater Sample Site Selection to Estimate Geographically Resolved Community Prevalence of COVID-19: A Sampling Protocol Perspective. *Geohealth* 2021;5(7):GH000420. DOI PubMed
- 39. Zhang Y, Duan L, Wang B, Du Y, Cagnetta G, Huang J, Blaney L, Yu G. Wastewater-based epidemiology in Beijing, China: prevalence of antibiotic use in flu season and association of pharmaceuticals and personal care products with socioeconomic characteristics. *Environ Int* 2019;125:152–60. DOI PubMed
- 40. Heijnen L, Medema G. Surveillance of influenza A and the pandemic influenza A (H1N1) 2009 in sewage and surface water in the Netherlands. *J Water Health* 2011;9(3):434–42. DOI PubMed
- 41. The Public Health Environmental Surveillance Open Data Model. [Consulté le 9 mars 2023]. <https://github.com/Big-Life-Lab/PHES-ODM>

Voulez-vous devenir pair examinateur?

Communiquez avec l'équipe de rédaction du RMTC : [phac.ccdr-rmtc.aspc@canada.ca](mailto:phac.ccdr-rmtc.aspc@canada.ca)

RMTC

RELEVÉ DES MALADIES TRANSMISSIBLES AU CANADA



# Évolution des tests d'amplification des acides nucléiques au Canada observée dans le Programme d'essais d'aptitude du SRAS-CoV-2 du Réseau canadien de laboratoires d'intervention, mai 2020 à juin 2021

Charlene Ranadheera<sup>1\*</sup>, Kym Antonation<sup>1</sup>, Cindi Corbet<sup>1</sup>

## Résumé

Afin de faire face à l'augmentation des dépistages cliniques du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2) due à la pandémie de maladie à coronavirus 2019, il a été nécessaire de décentraliser les dépistages des laboratoires provinciaux de santé publique vers les laboratoires régionaux et les laboratoires privés. Afin de soutenir le nombre croissant de sites offrant des tests au Canada, le Laboratoire national de microbiologie a élaboré un programme d'essais d'aptitude pour la détection du SRAS-CoV-2 à l'aide de tests d'amplification des acides nucléiques et qui ont été soutenus par le Réseau des laboratoires d'intervention du Canada (RCLI). Depuis sa création en mai 2020, le RCLI a mené trois plans d'essai d'évaluation d'aptitude, à compter de mai 2020 à juin 2021, et a observé une augmentation de plus de 400 % de la participation. Cet article analyse l'évolution du Programme d'essais d'aptitude du SRAS-CoV-2 du RCLI et le soutien qu'il apporte à la réponse du Canada à la pandémie.

**Citation proposée :** Ranadheera C, Antonation K, Corbett C. Évolution des tests d'amplification des acides nucléiques au Canada observée dans le Programme d'essais d'aptitude du SRAS-CoV-2 du Réseau canadien de laboratoires d'intervention, mai 2020 à juin 2021. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2023;49(5): 198–202. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v49i05a02f>

**Mots-clés :** plan d'essais d'aptitude, SRAS-CoV-2, tests moléculaires, COVID-19

## Introduction

En décembre 2019, un virus capable de provoquer une maladie respiratoire aiguë chez l'humain a été signalé dans la région de Wuhan, dans la province du Hubei en Chine. Depuis, ce virus, le coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2), s'est rapidement propagé dans le monde entier et a provoqué la pandémie mondiale la plus importante du 21<sup>e</sup> siècle. Une identification rapide et une recherche des contacts sont essentielles au maintien et à la gestion des infrastructures critiques de santé publique. En raison de l'augmentation constante du nombre de cas de maladie à coronavirus 2019 (COVID-19), il était nécessaire de mettre en place des laboratoires d'essai et d'équipement décentralisés, des hôpitaux et des centres de soins de santé en mesure d'effectuer des diagnostics du SRAS-CoV-2 de manière indépendante. Les tests d'amplification des acides nucléiques (TAAN) constituent

la norme actuelle pour l'établissement du diagnostic. Outre l'équipement et la préparation de ces centres de dépistage, la reconnaissance officielle et l'autorisation pour effectuer des tests de dépistage du SRAS-CoV-2 étaient nécessaires.

En avril 2020, le Réseau des laboratoires de santé publique du Canada a effectué une demande de soutien au Réseau canadien de laboratoires d'intervention (RCLI) pour la mise en place rapide d'un programme d'essais d'aptitude du SRAS-CoV-2 afin d'aider les partenaires provinciaux et régionaux de la santé publique, puisque les programmes d'essais d'aptitude commerciaux n'étaient pas disponibles à l'époque. Le premier programme d'essais d'aptitude du SRAS-CoV-2 du RCLI a été distribué par le Laboratoire national de microbiologie en mai 2020, un deuxième programme a été distribué en novembre 2020 et un dernier en

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



## Affiliation

<sup>1</sup> Division de la sécurité et de l'intervention sanitaires, Laboratoire national de microbiologie, Agence de la santé publique du Canada, Winnipeg, MB

**\*Correspondance :**  
[charlene.ranadheera@phac-aspc.gc.ca](mailto:charlene.ranadheera@phac-aspc.gc.ca)

juin 2021. Depuis, un certain nombre d'organisations nationales et internationales ont mis au point des programmes d'essais d'aptitude de participation ouverte pour le SRAS-CoV-2. Cela a entraîné une diminution de cette mesure de soutien d'urgence nationale. Parallèlement au programme d'essais du RCLI, le « Canadian Microbiology Proficiency Testing » (Organisation canadienne des essais d'aptitude en microbiologie) a déployé en mars 2021 son premier plan d'essais d'aptitude du SRAS-CoV-2, composé de quatre échantillons qui simulaient des échantillons frais prélevés sur écouvillon, à raison de trois envois par an (1). Le « College of American Pathologists » a distribué son premier plan de test moléculaire de SRAS-CoV-2 en novembre 2021, composé de trois échantillons respiratoires liquides simulés, à raison de deux envois par an (2). Le « Quality Control for Molecular Diagnostics », un autre fournisseur international externe d'assurance de la qualité, fournit chaque année un groupe de cinq échantillons de SRAS-CoV-2 (3). L'Organisation mondiale de la Santé propose également un programme externe de l'assurance de la qualité pour le SRAS-CoV-2. Toutefois, ce programme se limite aux laboratoires nationaux et infranationaux du monde entier (4).

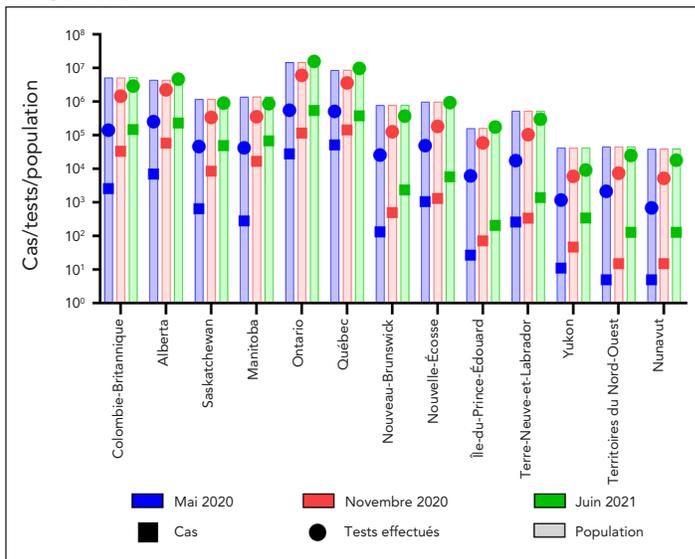
Le présent article porte sur les diverses tendances et observations concernant les tests de dépistage du SRAS-CoV-2 observées au Canada pour la période allant de mai 2020 à juin 2021 grâce à la mise en œuvre du Programme d'essais d'aptitude au dépistage du SRAS-CoV-2 du RCLI.

## Résultats et discussion

Trois plans d'essais d'aptitude du RCLI, qui constituent le Programme d'essais d'aptitude du RCLI, ont été distribués aux partenaires de la santé publique entre mai 2020 et juin 2021. On a offert aux participants six échantillons de tests cliniques artificiels contenant un virus inactivé et on leur a demandé d'utiliser les algorithmes du TAAN de leur laboratoire pour détecter la présence du SRAS-CoV-2. À mesure que la pandémie évoluait, les demandes de tests et le nombre de cas de COVID-19 dans le pays ont augmenté de manière considérable (figure 1). Ainsi, il était nécessaire de décentraliser davantage le dépistage et d'étendre les centres de test aux hôpitaux régionaux et aux laboratoires privés. En juin 2021, chaque province et chaque territoire avait considérablement augmenté sa capacité de dépistage, notamment celle des communautés éloignées et isolées du nord, qui dépendaient normalement de grandes installations urbaines (figure 1) (5,6). Cette évolution se reflète dans les trois plans d'essais d'aptitude du RCLI. Le RCLI s'est engagé auprès des partenaires provinciaux et territoriaux à sélectionner les participants appropriés. Cinquante-trois laboratoires ont participé au plan d'essai d'aptitude de mai 2020. Le nombre de participants est passé à 118 pour le plan d'essai d'aptitude de novembre 2020 et à 214 pour celui de juin 2021 (figure 2). Une augmentation de la participation a été observée dans toutes les administrations canadiennes

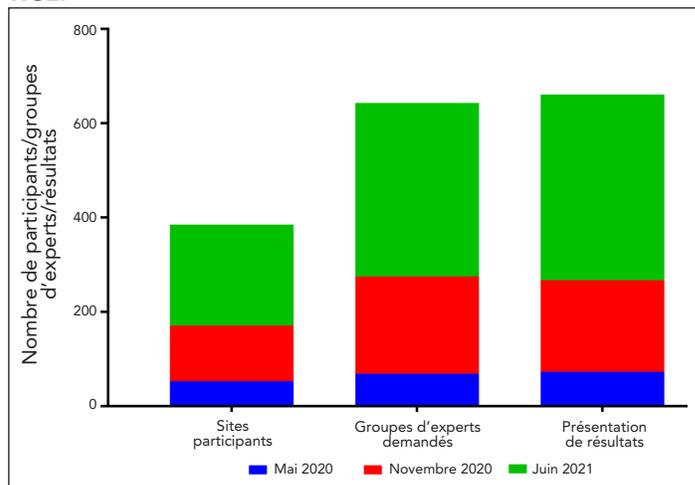
entre mai 2020 et juin 2021. La participation des laboratoires provinciaux a augmenté de 160 % (i.e. neuf nouveaux centres participants), celle des hôpitaux régionaux a augmenté de 443 % (i.e. 120 nouveaux centres participants) et celle des laboratoires privés a augmenté de 550 % (i.e. 18 nouveaux centres participants) (figure 3).

Figure 1 : Population et démographie du SRAS-CoV-2 au Canada<sup>a</sup>



Abréviation : SRAS-CoV-2, coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère  
<sup>a</sup> Le nombre de cas de SRAS-CoV-2, les tests effectués et le nombre de cas dans l'ensemble du pays sont recensés à l'aide des données recueillies dans la Base de données du gouvernement canadien sur les maladies à coronavirus (COVID-19) : Page de référence de la mise à jour de l'épidémie (5). Les chiffres de la population à chaque point dans le temps ont été déterminés à l'aide de l'outil d'estimation de la population du gouvernement du Canada (6). Une répartition des cas cumulés de COVID-19 par province est présentée (carré). Une ventilation des tests de dépistage de COVID-19 cumulés, effectués par province, est présentée (cercle). Une estimation de la population provinciale et territoriale est présentée (barre ombragée)

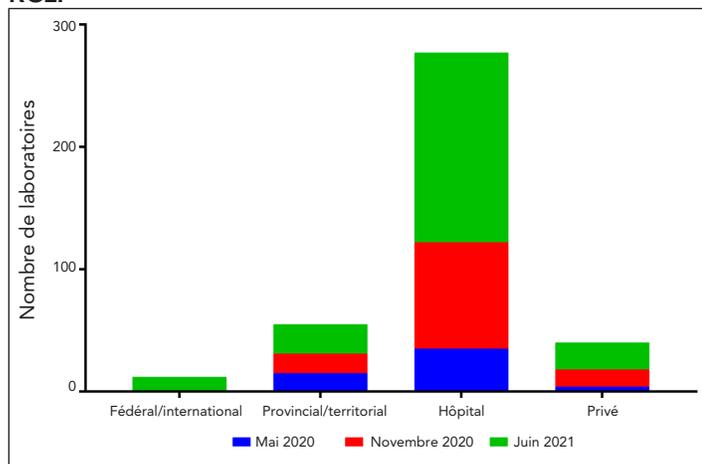
Figure 2 : Nombre de sites participants, de groupe d'experts demandés et de résultats soumis au cours des trois plans d'essais d'aptitude pour le SRAS-CoV-2 du RCLI



Abréviations : RCLI, Réseau canadien de laboratoires d'intervention; SRAS-CoV-2, coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère



**Figure 3 : Nombre de centres de laboratoires gouvernementaux qui participent à la période du Programme d'essais d'aptitude pour le SRAS-CoV-2 du RCLI**



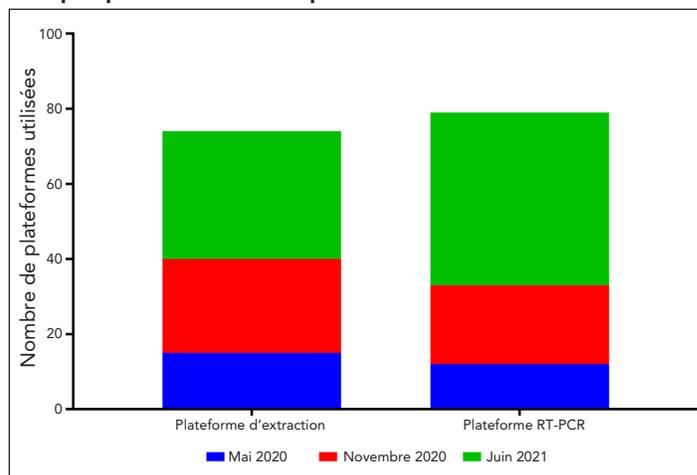
Abréviations : RCLI, Réseau canadien de laboratoires d'intervention; SRAS-CoV-2, coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère

En outre, on a observé une augmentation de 285 %, entre mai 2020 et juin 2021, de la participation des laboratoires des partenaires situés dans des communautés éloignées et isolées du nord du Canada. Les laboratoires fédéraux de pointe du Canada, qui gèrent le surplus d'échantillons de santé publique provenant des laboratoires provinciaux, ont participé pour la première fois au plan d'essais de juin 2021 et ont représenté sept nouveaux centres (figure 3). Enfin, les membres du Groupe d'intervention sur la sécurité sanitaire mondiale (Global Health Security Action Group), qui compte cinq participants internationaux, ont participé au plan d'essai de juin 2021.

L'augmentation des tests à l'échelle nationale a été mise en corrélation avec une augmentation des demandes de panels de test et des présentations de résultats. Ces chiffres sont passés respectivement de 69 et 73 pour le plan de tests de mai 2020, à 206 et 194 pour le plan de tests de novembre 2020, et à 368 et 394 pour le plan de tests de juin 2021 (figure 2). Il n'a pas été possible de procéder à une répartition supplémentaire en fonction des caractéristiques géographiques ou démographiques. La collecte de métadonnées secondaires n'ayant pas été effectuée, les variations de la participation des différentes administrations, en raison de la limitation des ressources disponibles à l'époque, auraient entraîné une présentation erronée de toutes les observations possibles. La participation à ce programme d'essais d'aptitude a été bien accueillie par tous les partenaires, cependant des problèmes liés à la logistique ont empêché la distribution à grande échelle des essais dans un court laps de temps. La planification future doit prendre en considération des réseaux interprovinciaux, des ressources disponibles et du déploiement rapide des accords de transfert de matériel.

La variété des plateformes d'extraction d'acide nucléique et de transcription inverse de la réaction en chaîne de la polymérase (RT-PCR) a connu une expansion liée à l'essor des tests à l'échelle nationale. Les différentes plateformes d'extraction et de RT-PCR utilisées ont augmenté de 227 % et 383 % respectivement (figure 4).

**Figure 4 : Nombre de plateformes différentes d'extraction et de PCR en temps réel utilisées dans chaque plan d'essais d'aptitude du SRAS-CoV-2 du RCLI**



Abréviations : RCLI, Réseau canadien de laboratoires d'intervention; RT-PCR, réaction en chaîne par polymérase à transcription inverse; SRAS-CoV-2, coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère

Le plan d'essais d'aptitude de mai 2020 a compté 53 participants et a soumis 73 séries de résultats (tous les résultats étaient conformes aux attentes). Tandis que le plan d'essais d'aptitude de 2020 a compté 118 participants et a soumis 194 séries de résultats (94,3 % ont obtenu les résultats attendus) et le plan d'essais d'aptitude de juin 2021 a compté 214 participants et a soumis 394 séries de résultats (99,5 % ont obtenu les résultats attendus). En raison des taux de réussite élevés, les résultats étaient comparables entre les établissements provinciaux, régionaux et privés, sans qu'aucun schéma discernable ne soit associé à des résultats divergents. Une seule exception a été observée lors du plan d'essais de novembre 2020, où un taux de réussite légèrement inférieur a été observé par rapport aux deux autres plans d'essais. Ces résultats sont en corrélation avec la création d'installations régionales qui ont permis d'augmenter l'aptitude d'essais. Des écarts de résultats ont été détectés et des mesures correctives ont été proposées dans l'évaluation du plan d'essais. Des mesures correctives et des flux de travail fonctionnels efficaces ont été observés dans le cadre du plan d'essais de juin 2021.

À mesure que la capacité du Canada augmentait et que la pandémie approchait de la saison du rhume et de la grippe de 2020, il est devenu de plus en plus nécessaire que les laboratoires soient en mesure de faire la distinction entre le SRAS-CoV-2 et d'autres agents pathogènes respiratoires d'importance. De nombreux centres de dépistage ont



commencé à effectuer des tests RT-PCR multiplex ou des tests équivalents pour détecter une multitude d'agents pathogènes respiratoires, y compris le SRAS-CoV-2. À cette fin, les participants avaient la possibilité de signaler d'autres agents pathogènes respiratoires qui auraient pu être détectés au cours de leurs essais. Le plan d'essais de novembre 2020 a été modifié et composé de six échantillons cliniques artificiels : trois échantillons contenant le SRAS-CoV-2, un échantillon contenant à la fois le SRAS-CoV-2 et le virus respiratoire syncytial (VRS), un échantillon contenant le virus de la grippe A et un échantillon sans virus. Vingt-quatre participants ont mis en œuvre des paramètres de test pour détecter le virus de la grippe A et 22 ont mis en œuvre des tests pour le VRS. Tous les participants ont correctement identifié les échantillons contenant ces virus. Le programme d'essai de juin 2021 a élargi ces paramètres à deux échantillons cliniques artificiels contenant des quantités variables de SRAS-CoV-2, deux échantillons cliniques artificiels contenant du SRAS-CoV-2 et du rhinovirus ou du virus de la grippe B, un échantillon clinique artificiel contenant du virus de la grippe A et un autre ne contenant pas de virus. Cinquante-quatre sites ont effectué des tests sur le rhinovirus, 116 sites ont mis en œuvre des paramètres de test pour le virus de la grippe A et 106 sites ont effectué des tests sur le virus de la grippe B. Dans tous les cas, les différents virus de chaque échantillon ont été correctement identifiés. Un seul résultat discordant a été observé : on a obtenu un résultat équivoque pour le VRS à partir d'un échantillon qui contenait uniquement le SRAS-CoV-2.

L'émergence de variants préoccupants (VP) du SRAS-CoV-2 a eu lieu à la fin de l'année 2020. Le premier variant préoccupant du SRAS-CoV-2 (B.1.1.7) aurait émergé au Royaume-Uni, les premiers échantillons du virus ont été signalés en septembre 2020, puis il s'est propagé dans plusieurs pays en décembre 2020 (7,8). L'Ontario a confirmé le premier cas du variant B.1.1.7 au Canada le 26 décembre 2020. Le 26 avril 2021, toutes les provinces et tous les territoires avaient signalé des cas confirmés. Depuis lors, les VP ont continué à apparaître et à se répandre dans le monde entier (8). Ainsi, les laboratoires et les installations de référence ont commencé à mettre au point des tests pour identifier et signaler les VP. Afin d'aider ces laboratoires, le plan d'essais d'aptitude du SRAS-CoV-2 du RCLI de juin 2021 a intégré trois VP du SRAS-CoV-2 dans le groupe d'experts d'essais. Le plan d'essais de juin 2021 comportait des échantillons contenant le virus SRAS-CoV-2 de type sauvage, les variants B.1.1.7, B.1.351 ou P.1. Quarante-sept participants ont effectué divers tests de polymorphisme d'un nucléotide simple (PNS) et deux participants ont procédé au séquençage du génome entier. 68 % des participants ont identifié l'échantillon contenant le variant B.1.1.7, tandis que 24 % ont signalé la détection d'un variant non spécifié et 8 % étaient incorrects ou indéterminés. 39 % pour cent des participants ont identifié l'échantillon contenant le variant B.1.351, tandis que 59 % ont identifié les variants B.1.351/P.1 et que 2 % ont signalé la détection d'un variant non spécifié. 12 % des participants ont correctement identifié l'échantillon contenant le variant P.1,

tandis que 51 % ont identifié du B.1.351 ou P.1, 22 % ont signalé la détection d'un variant non spécifié, et 14 % étaient incorrects ou indéterminés. Enfin, 78 % des participants ont correctement identifié la souche de type sauvage, tandis que 22 % étaient indéterminés. Dans l'ensemble, la majorité des sites ont été en mesure de déterminer la présence d'un VP. Cependant, le typage du variant à l'aide de tests PNS n'était pas cohérent en raison d'une combinaison limitée de tests utilisés. Ce typage nécessiterait des tests PNS supplémentaires ou une analyse de la séquence génomique pour obtenir une lignée définitive. Par exemple, les variants B.1.351 et P.1 partagent une mutation E484K et N501Y dans la protéine de spicule, sans une cible distinctive, tel que K417N/T, la détermination d'une lignée ne serait pas possible.

Il est donc nécessaire de comprendre l'objectif et les résultats en matière de santé publique afin de déterminer la complexité des processus requis. Bien que le séquençage du génome entier fournisse un vaste ensemble de données, l'utilisation de tests PNS présente un certain nombre d'avantages : un débit plus élevé, une sensibilité accrue, une réduction de l'impact sur les ressources et l'infrastructure, ainsi qu'un meilleur rapport coût-efficacité.

### Conclusion

La mise en œuvre du plan d'essais pour le SRAS-CoV-2 du RCLI de mai 2020 à juin 2021 a permis de montrer la capacité de mise en œuvre à grande échelle des programmes externes d'assurance qualité de la santé publique du Canada par l'intermédiaire du RCLI. Le fait de disposer d'un programme centralisé d'essais d'aptitude au Canada a permis au réseau de laboratoires d'établir des mesures de rendement et des considérations, telles que la nécessité d'élargir les essais d'identification des VP, lorsque les laboratoires veulent faire la distinction des VP qui circulent à l'aide d'un dépistage par PCR. Le Programme complet a également montré la capacité d'adaptation du système de santé publique du Canada à des environnements en évolution rapide. La réponse des laboratoires canadiens à la pandémie de COVID-19 s'est caractérisée par la mise en place rapide et réussie de laboratoires d'essais partout au pays afin de répondre à l'augmentation des besoins en matière d'essais. Que ce soit pour augmenter la capacité de dépistage en milieu urbain grâce à la participation de laboratoires hospitaliers, de laboratoires privés et de sites fédéraux de pointe ou pour mettre en place des centres de dépistage dans des communautés éloignées et isolées du nord du Canada, le Programme d'essais d'aptitude du SRAS-CoV-2 du RCLI a clairement montré qu'il était possible d'augmenter la capacité de dépistage de manière efficace et de maintenir les normes de dépistage pour permettre à la population canadienne d'identifier rapidement les cas d'infection par le SRAS-CoV-2.



## Déclaration des auteurs

C. R. — Conceptualisation, analyse des données, rédaction de la version originale, rédaction et révision

K. A. — Conceptualisation, rédaction de la version originale, révision de version définitive

C. C. — Conceptualisation, rédaction de la version originale, révision de version définitive

## Intérêts concurrents

Aucun.

## Remerciements

Nous tenons à remercier toutes les personnes, organisations et réseaux qui ont participé au déroulement du Programme d'essais d'aptitude pour le SRAS-CoV-2 du Réseau canadien de laboratoires d'intervention (RCLI).

**Le laboratoire national de microbiologie** : N. Bastien (Section grippe, virus respiratoire et coronavirus), le Programme des agents pathogènes spéciaux l'équipe d'expédition et de réception des échantillons, le Bureau de la gestion de la propriété intellectuelle et du développement commercial, les Services de sécurité et d'environnement et le Centre d'opérations d'urgence.

### Groupe de travail sur les infections virales respiratoires du Réseau des laboratoires de santé publique du Canada :

N. Bastien (Laboratoire national de microbiologie), P. Levett (Laboratoire de santé publique du Centre de prévention et contrôle des maladies de la Colombie-Britannique, Vancouver, Colombie-Britannique), N. Zeylas (Laboratoire provincial de santé publique de l'Alberta, Alberta Precision Laboratories, Edmonton, Alberta), A. Lang (Laboratoire provincial Roy Romanow, Regina, Saskatchewan), Laboratoire provincial K. Dust Cadham, Winnipeg, Manitoba), J. Gubbay (Laboratoires de santé public de l'Ontario, Toronto, Ontario), J. Fafard et V. Dikimpe (Laboratoire de santé publique du Québec, Ste-Anne-de-Bellevue, Québec), G. German et V. Arseneau (Queen Elizabeth Hospital-Health, Prince Edward Island, Charlottetown, Île-du-Prince-Édouard), J. LeBlanc (Queen Elizabeth II Health Science Centre, Halifax, Nouvelle-Écosse), Y. Yu (Newfoundland and Labrador Public Health Laboratory, St. John's, Terre-Neuve-et-Labrador), G. Desnoyers (Centre hospitalier universitaire Dr Georges L. Dumont, Moncton, Nouveau-Brunswick), K. Dionne (Hôpital général Qikiqtani, Iqaluit, Nunavut), L. Steven (Hôpital territorial Stanton, Yellowknife, Territoires du Nord-Ouest), et P. Rodgers (Hôpital général de Whitehorse, Whitehorse, Yukon).

## Financement

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

## Références

1. Canadian Microbiology Proficiency Testing. External Quality Assessment for COVID-19 Testing. Vancouver, BC: CMPT. [Consulté le 1<sup>er</sup> févr. 2023]. <https://cmpt.ca/eqa-programs/covid-19/>
2. College of American Pathologists. SARS-CoV-2 Proficiency Testing/External Quality Assessment (PT/EQA) and Quality Improvement Programs. Northfield, IL: CAP. [Consulté le 1<sup>er</sup> févr. 2023]. <https://www.cap.org/laboratory-improvement/proficiency-testing/sars-cov-2-proficiency-testing-programs>
3. Quality Control for Molecular Diagnostics. EQA Programmes. Glasgow (UK): QCMD. [Consulté le 1<sup>er</sup> févr. 2023]. <https://www.qcmd.org/index.php?pagelD=3&pageVersion=EN>
4. World Health Organization. WHO runs SARS-CoV-2 External Quality Assessment (EQA) Programme for National and Subnational laboratories. Geneva (CH): WHO; 2021. [Consulté le 1<sup>er</sup> févr. 2023]. <https://www.who.int/news/item/05-11-2021-who-runs-sars-cov-2-external-quality-assessment-programme-for-national-and-subnational-laboratories>
5. Agence de la santé publique du Canada. COVID-19 : Situation actuelle. Ottawa, ON : ASPC; 2023. <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/maladies/2019-nouveau-coronavirus.html>
6. Statistique Canada. Estimations de la population, trimestrielles. Ottawa, ON : StatCan; 2022. [Consulté le 8 févr. 2023]. [https://www150.statcan.gc.ca/t1/tbl1/fr/tv.action?pid=1710000901&cubeTimeFrame.startMonth=04&cubeTimeFrame.startYear=2020&cubeTimeFrame.endMonth=04&cubeTimeFrame.endYear=2021&referencePeriods=20200401%2C20210401&request\\_locale=fr](https://www150.statcan.gc.ca/t1/tbl1/fr/tv.action?pid=1710000901&cubeTimeFrame.startMonth=04&cubeTimeFrame.startYear=2020&cubeTimeFrame.endMonth=04&cubeTimeFrame.endYear=2021&referencePeriods=20200401%2C20210401&request_locale=fr)
7. Centers for Disease Control and Prevention. Science Brief: Emerging SARS-CoV-2 Variants. Atlanta, GA: CDC; 2021. [Consulté le 25 févr. 2022]. <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/science/science-briefs/scientific-brief-emerging-variants.html>
8. World Health Organization. Tracking SARS-CoV-2 variants. Geneva (CH): WHO; 2023. [Consulté le 25 févr. 2022]. <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>



# Comparaison de quinze tests d'amplification de l'acide nucléique du SRAS-CoV-2 utilisés dans le cadre du Programme national de vérification de la compétence en matière de SRAS-CoV-2 du Réseau canadien de laboratoires d'intervention, mai 2020 à juin 2021

Charlene Ranadheera<sup>1\*</sup>, Kym Antonation<sup>1</sup>, Cindi Corbett<sup>1</sup>

## Résumé

**Contexte :** Le 11 mars 2020, l'Organisation mondiale de la Santé a déclaré une pandémie causée par le coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2), récemment apparu. Cela a entraîné une augmentation des tests cliniques et une décentralisation de ces tests des laboratoires de santé provinciaux vers les établissements régionaux et privés. S'appuyant sur les résultats du programme national de vérification des compétences (VC) en matière de SRAS-CoV-2 du Réseau canadien de laboratoires d'intervention, cette étude compare plusieurs tests d'amplification des acides nucléiques commerciaux et développés en laboratoire, en évaluant à la fois la sensibilité et la spécificité chez de nombreux utilisateurs.

**Méthodes :** Chaque panel était composé de six échantillons cliniques simulés en aveugle. Les panels ont été distribués aux laboratoires internationaux, provinciaux et territoriaux, puis aux installations partenaires. Les laboratoires participants ont été invités à soumettre ces échantillons à leurs procédures d'extraction/PCR respective et à communiquer les résultats au Laboratoire national de microbiologie, en indiquant la plateforme d'extraction de l'acide nucléique et le test d'amplification des acides nucléiques utilisés, ainsi que la cible du gène viral et les valeurs de Ct ou équivalentes obtenues. Les données ont été compilées pour chaque plateforme moléculaire et chaque cible génétique utilisée.

**Résultats :** Les dispositifs des VC ont été déployés en mai 2020, novembre 2020 et juin 2021, ce qui a permis d'obtenir 683 ensembles de données utilisant 37 tests d'amplification d'acide nucléique différents. Au cours des trois programmes d'essais, les participants ont obtenu une note moyenne de 99,3 %, ce qui témoigne de la cohérence des essais entre les laboratoires et les plateformes d'essai.

**Conclusion :** Cette étude a confirmé la mise en œuvre rapide et réussie d'un programme canadien de VC et a fourni une analyse comparative des différents tests autorisés en cas d'urgence et développés en laboratoire pour la détection du SRAS-CoV-2, et a démontré une concordance globale des tests de 99,3 % à l'échelle nationale.

**Citation proposée :** Ranadheera C, Antonation K, Corbett C. Comparaison de quinze tests d'amplification de l'acide nucléique du SRAS-CoV-2 utilisés dans le cadre du Programme national de vérification de la compétence en matière de SRAS-CoV-2 du Réseau canadien de laboratoires d'intervention, mai 2020 à juin 2021. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2023;49(5):203–13. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v49i05a03f>

**Mots-clés :** PCR, SRAS-CoV-2, test d'amplification des acides nucléiques, COVID-19

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



## Affiliation

<sup>1</sup> Division de la sécurité et de l'intervention en santé, Laboratoire national de microbiologie, Agence de la santé publique du Canada, Winnipeg, MB

**\*Correspondance :**  
[charlene.ranadheera@phac-aspc.gc.ca](mailto:charlene.ranadheera@phac-aspc.gc.ca)



## Introduction

Fin 2019, un nouveau virus respiratoire, le coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2), est apparu dans la province chinoise de Hubei et a ensuite provoqué la pandémie mondiale de maladie à coronavirus 2019 (COVID-19). Le nombre de cas augmentant rapidement, il est devenu nécessaire de décentraliser les tests afin de soutenir les tests aux niveaux fédéral, provincial/territorial et municipal, y compris les laboratoires privés, les hôpitaux et les établissements de soins de santé.

Le Réseau des laboratoires d'intervention du Canada (RCLI) du Laboratoire national de microbiologie (LNM) de Winnipeg, au Canada, fournit des panels de compétence à haut risque pour les agents de menace biologique afin de s'assurer que les laboratoires de santé publique sont prêts à réagir avec des tests de diagnostic de haute qualité. Pendant la pandémie de la COVID-19, le RCLI a été mis à contribution pour développer un programme de vérification des compétentes (VC) afin de soutenir les établissements qui effectuent des tests cliniques sur le SRAS-CoV-2 à l'aide de méthodes moléculaires. À l'instar d'autres efforts internationaux, le programme national de VC en matière de SRAS-CoV-2 soutient la capacité des installations de tests de santé publique à établir leur compétence et à obtenir ou maintenir leur accréditation pour effectuer des tests cliniques sur le SRAS-CoV-2 par rapport à une norme de référence connue afin de garantir la cohérence entre les plateformes de test et les laboratoires dans tout le pays et dans le monde entier (1–3). Les tests d'amplification des acides nucléiques (TAAN) sont considérés comme la méthode de référence pour la détection des cas actifs de SRAS-CoV-2. Depuis l'émergence du SRAS-CoV-2 en décembre 2019, divers TAAN ont été mis au point, qu'il s'agisse de tests développés en laboratoire ou de tests commerciaux. Cette étude compare les différentes plateformes du TAAN utilisées au Canada au cours de trois programmes de VC, de mai 2020 à juin 2021.

## Matériels et méthodes

### Production, contrôle de la qualité et distribution des panels

Les virus irradiés ont été dilués dans un mélange de sécrétions nasales humaines négatives servant de matrice de fond, à des concentrations variables, et immédiatement aliquotés dans des tubes pré-étiquetés. Chaque panel était composé de six échantillons cliniques simulés en aveugle. Les échantillons ont été triés par numéro de site, emballés de manière appropriée pour le transport et stockés à -80 °C jusqu'à leur distribution.

Avant la distribution, des mesures de contrôle de la qualité ont été prises pour garantir l'homogénéité et la stabilité de l'échantillon. En bref, dix aliquotes de chaque échantillon ont

été retirées du stockage, les acides nucléiques ont été extraits conformément aux instructions du fabricant (MagMax<sup>MD</sup> CORE Nucleic Acid Purification Kit, Applied Biosystems<sup>MD</sup>, Ontario) et analysés par amplification en chaîne par polymérase quantitative en temps réel (qRT-PCR) (QuantiNova<sup>MD</sup> Probe RT-PCR Kit, Qiagen<sup>MD</sup>, Ontario) ciblant le gène E du SRAS-CoV-2 (4). Les coefficients de variation ont été calculés pour chaque série d'échantillons du panel à l'aide des statistiques descriptives de GraphPad<sup>MD</sup> Prism. Une valeur moyenne de Ct avec un coefficient de variation inférieur à 10 % était nécessaire pour passer les contrôles de qualité de l'homogénéité de l'échantillon. Les tests de stabilité ont commencé le premier jour après la production et se sont poursuivis à des intervalles spécifiés pendant la durée du programme de VC en utilisant la même approche que celle décrite ci-dessus. Si les contrôles de qualité ont satisfait aux tests d'homogénéité et de stabilité le premier et le septième jour après la production, les panels ont été autorisés à être distribués. Les essais de stabilité se sont poursuivis pendant toute la durée du programme d'essais.

Les panels ont été emballés dans de la glace sèche et distribués aux laboratoires internationaux, provinciaux et territoriaux, qui les ont ensuite distribués à leurs partenaires au sein de leur administration. La chaîne du froid a été contrôlée et, si elle n'était pas maintenue, un nouveau panel a été expédié directement par le LNM.

### Sélection des participants et utilisation prévue

Les membres provinciaux et territoriaux du Réseau de laboratoires de santé publique du Canada (RLSPC) ont demandé au LNM de contribuer à la réponse à la pandémie en produisant et en administrant un programme de VC pour le SRAS-CoV-2, car il n'y en avait pas de disponible à l'époque. Les partenaires provinciaux et territoriaux du RLSPC ont fourni au LNM une liste de participants et ont été chargés de la distribution des panels de test dans leurs administrations respectives. Les participants comprenaient des laboratoires provinciaux et territoriaux, des laboratoires de santé publique, des hôpitaux et des établissements de soins de santé dans des communautés urbaines et rurales. Le LNM n'a pas reçu de métadonnées spécifiques ni de détails sur l'autorisation et l'accréditation des sites individuels pour le SRAS-CoV-2.

Le panel de VC a été conçu pour être utilisé comme validation interne des processus moléculaires SRAS-CoV-2, qui sont réalisés en conjonction avec une méthode d'extraction de l'acide nucléique. Ce panel n'a pas été conçu pour être utilisé sur des plateformes nécessitant du matériel d'écouvillonnage frais ou la détection d'antigènes viraux ou d'anticorps spécifiques de virus.

### Présentation et analyse des résultats des tests

Les laboratoires participants ont soumis leurs résultats au LNM en précisant la plateforme d'extraction d'acide nucléique et le



TAAN utilisés, ainsi que la cible du gène viral et les valeurs de Ct ou équivalentes obtenues. Les données ont été compilées pour chaque plateforme moléculaire et chaque cible génétique utilisée. Le coefficient de variation pour chaque cible génétique au sein d'une même plateforme a été déterminé à l'aide des statistiques descriptives de GraphPad<sup>MD</sup> Prism. Une analyse par les méthodes des probits utilisant un seuil de 95 % a été utilisée pour déterminer la limite de détection en fonction de la détection de l'échantillon (5).

## Résultats et discussion

Les dispositifs de VC ont été déployés en mai 2020, novembre 2020 et juin 2021, ce qui a permis d'obtenir 683 ensembles de données utilisant 37 TAAN différents (**tableau 1**). Chaque dispositif de VC a permis d'évaluer la sensibilité et la spécificité de l'essai. Les plateformes les plus couramment utilisées étaient des tests à faible débit entièrement automatisés, tels que le test moléculaire direct pour la COVID-19 de DiaSorin Simplexa<sup>MD</sup>, Cepheid Xpert<sup>MD</sup> Xpress SRAS-CoV-2, Cepheid Xpert<sup>MD</sup> Xpress SRAS-CoV-2/Flu/RSV et le panel de tests BioFire<sup>MD</sup> FilmArray RP2.1. Ces systèmes étaient principalement utilisés dans les laboratoires des hôpitaux et dans les communautés rurales. Les centres de diagnostic plus importants, tels que les laboratoires provinciaux et les centres de référence, ont généralement utilisé des tests à haut débit, notamment le test Roche Cobas<sup>MD</sup> SRAS-CoV-2 (pour Cobas 6800/8800), le test 2019 nCoV de Seegene Allplex<sup>MD</sup>, la trousse Thermo Fisher TaqPath<sup>MD</sup> COVID-19 Combo et le test développé en laboratoire ciblant le gène E (**tableau 1**).

Les résultats du panel obtenus à l'aide de TAAN disponibles dans le commerce et comportant au moins trois ensembles de données dans un schéma de test donné sont présentés dans la **figure 1**. Les plateformes peu utilisées n'ont pas fait l'objet d'une évaluation plus poussée. Abbott produit deux tests moléculaires de laboratoire à haut débit pour la détection du SRAS-CoV-2 : la trousse Alinity m SRAS-CoV-2 AMP utilisée avec le système Alinity m et le SRAS-CoV-2 RealTime PCR utilisant le système m2000 RealTime. Les deux systèmes ont obtenu les résultats escomptés pour tous les échantillons dans les trois dispositifs d'essai. Tous les sites ont obtenu des résultats cohérents entre novembre 2021 et juin 2021, avec un coefficient de variation inférieur à 10 % (**figure 1**).

Les réactifs BD SRAS-CoV-2 du système BD MAX<sup>MD</sup> ciblant le gène N ont été utilisés pour la détection du SRAS-CoV-2. Le système BD MAX est un système entièrement automatisé qui permet à l'utilisateur d'analyser jusqu'à 24 échantillons à la fois. Sur une période de 13 mois, les réactifs BD SRAS-CoV-2 pour le système BD MAX ont donné des résultats d'une précision variable. Lors du test de mai 2020, les échantillons ont été détectés avec précision dans tous les cas, mais le coefficient de variation était compris entre 4,8 % et 12,3 %, ce qui indique une variation accrue entre les utilisateurs. Des résultats discordants ont été observés lors du test de novembre 2021; 6/7 échecs de détection du SRAS-CoV-2 ont été attribués à une erreur de l'utilisateur (**figure 1, tableau 2**); par conséquent, les données obtenues pour l'échantillon G à L ont été faussées et la précision et la cohérence ont été affectées négativement. En supprimant ces points de données, on retrouve une précision globale de 100 % pour la cible N1 et de 99 % pour la cible N2; cette dernière cible n'a pas permis d'identifier la présence de l'échantillon I (**figure 1, tableau 2**). Lors du test de juin 2021, les réactifs BD SRAS-CoV-2 pour le système BD MAX ont fonctionné avec une précision de 100 %. Les valeurs de Ct étaient cohérentes entre tous les utilisateurs, ce qui se traduit par un coefficient de variation inférieur à 5 % (**figure 1**).

La trousse de test BioFire Film Array RP2.1 utilise un système entièrement automatisé pour tester la présence de 22 pathogènes différents, dont le SRAS-CoV-2. Ce test comporte une étape d'extraction de l'acide nucléique suivie d'une étape de transcription inverse/de PCR nouée couplée à la technologie de la courbe de fusion de l'acide désoxyribonucléique afin d'identifier qualitativement la présence des pathogènes cibles. Sur les 414 échantillons testés, il n'a pas identifié la présence du SRAS-CoV-2 dans un seul échantillon, ce qui démontre un taux de concordance de 99,8 (**tableau 3**). Un site n'a pas été en mesure de détecter le SRAS-CoV-2 dans l'échantillon P; cependant, il a été déterminé qu'un mélange insuffisant de l'échantillon de test était probablement responsable des résultats divergents. En outre, ce site a correctement identifié la présence d'autres agents pathogènes cibles, présents dans les échantillons, tels que le rhinovirus (échantillon M), le virus respiratoire syncytial (échantillon K), le virus de la grippe A (échantillons H et O) et le virus de la grippe B (échantillon R) (**tableau 3**).



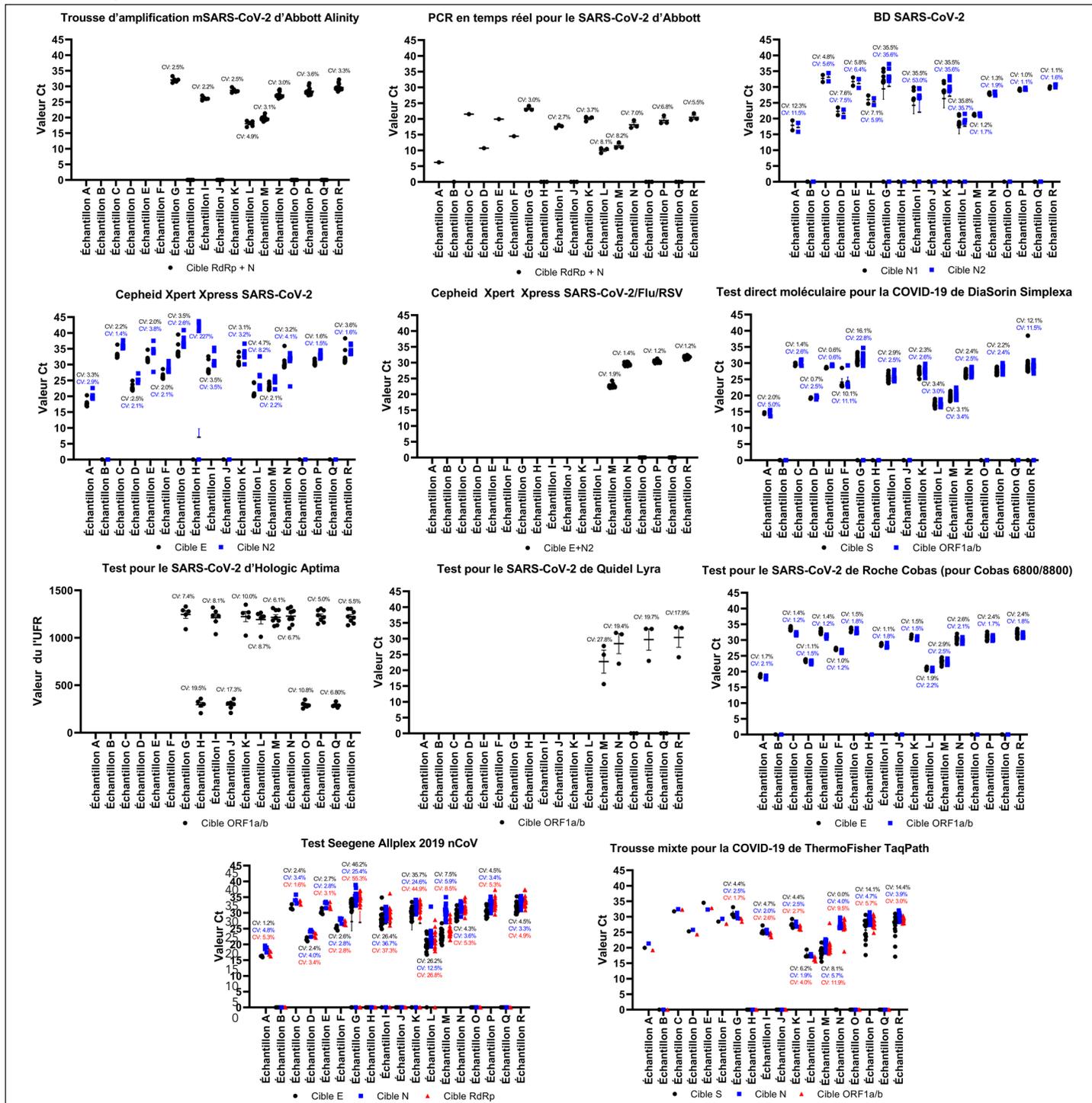
**Tableau 1 : Plateformes de tests d'amplification de l'acide nucléique utilisées pour la détection du SRAS-CoV-2 lors de la vérification des compétences sur le SRAS-CoV-2 du Réseau canadien de laboratoires d'intervention, mai 2020 à juin 2021**

Plateforme de test d'amplification des acides nucléiques		Système de vérification des compétences, Nombre de sites/plateforme		
Fabricant	Nom du produit	Mai 2020	Nov 2020	Juin 2021
Abbott <sup>MD</sup>	Trousse d'amplification du SRAS-CoV-2 de Alinity <sup>MD</sup>	0	5	16
	PCR SRAS-CoV-2 en temps réel	1	3	3
Agena Bioscience	Panel SRAS-CoV-2 de MassARRAY <sup>MD</sup>	0	0	1
Altona	Trousse 1.5 RT-PCR pour le SRAS-CoV-2 d'AltoStar <sup>MD</sup>	1	1	2
BD	Réactifs SRAS-CoV-2 pour le système BD MAX <sup>MD</sup>	2	9	4
BGI <sup>MD</sup>	Trousse RT-PCR fluorescente en temps réel pour la détection du SRAS-CoV-2	0	2	1
BioFire <sup>MD</sup>	Panel 2.1 respiratoire de Film Array <sup>MD</sup>	0	20	49
Biomeme	SRAS-CoV-2 Go Strips <sup>MD</sup>	0	1	1
Cepheid	Xpert <sup>MD</sup> Xpress SRAS-CoV-2	34	36	52
	Xpert <sup>MD</sup> Xpress SRAS-CoV-2/Flu/RSV	0	0	29
DiaSorin	Analyse moléculaire directe de la COVID-19 de Simplexa <sup>MD</sup>	5	42	81
Hologic	Test SRAS-CoV-2 de Panther Fusion <sup>MD</sup>	0	2	2
	Test SRAS-CoV-2 (system Panther) de Aptima <sup>MD</sup>	0	6	8
Hyris	bKit <sup>MD</sup> Virus Finder COVID-19	0	0	1
Test développé en laboratoire	Cible du rapport de fonctionnement 3'	0	0	1
	Cible du rapport de fonctionnement 5'	0	2	4
	Test PCR en temps réel de CDC CoVplex	0	0	1
	Cible du gène E	12	27	49
	Cible du gène N	1	1	10
	Cible du gène ORF1a/b (RdRp)	5	5	8
	Cible du gène S	0	1	0
	Cibles des ensembles de gènes E et N	0	1	6
	Cibles regroupées des gènes E et ORF1a/b	0	0	1
	Cibles regroupées des gènes N, ORF1a/b et S	0	1	1
Luminex	Test SRAS-CoV-2 d'Aries <sup>MD</sup>	0	1	1
	Panel d'agents pathogènes respiratoires + SRAS-CoV-2 de NxTAG <sup>MD</sup>	0	1	1
LuminUltra	Test RT-qPCR pour la COVID-19 de GeneCount <sup>MD</sup>	0	0	1
Quidel	Test SRAS-CoV-2 de Lyra <sup>MD</sup>	0	0	3
	Test SRAS-CoV-2 de Solana <sup>MD</sup>	0	0	1
RIDA <sup>MD</sup> Gene	Test SRAS-CoV-2	0	2	1
Roche	Test SRAS-CoV-2 (pour Cobas 6800/8800) de Cobas <sup>MD</sup>	13	6	19
	Test pour SRAS-CoV-2 et Influenza A/B (pour Cobas 6800/8800) de Cobas <sup>MD</sup>	0	0	1
	SRAS-CoV-2 de Cobas <sup>MD</sup> (pour Liat <sup>MD</sup> )	0	0	1
	Test pour SRAS-CoV-2 et Influenza A/B de Cobas <sup>MD</sup> (pour Liat)	0	0	9
Seegene	Test 2019 nCoV d'Allplex <sup>MD</sup>	4	19	19
	Test SRAS-CoV-2/FluA/FluB/RSV d'Allplex <sup>MD</sup>	0	0	1
Thermo Fisher Scientific	Trousse combinée COVID-19 de TaqPath <sup>MD</sup>	1	6	15
Nombre total de résultats soumis		79	200	404

Abréviations : CDC, Centers for Disease Control and Prevention; COVID-19, coronavirus 2019; PCR, amplification en chaîne par polymérase; RT-PCR, amplification en chaîne par polymérase en temps réel; SRAS-CoV-2, coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère



Figure 1 : Rendement des tests commerciaux d'amplification des acides nucléiques obtenue dans le cadre du programme de vérification des compétences sur le SRAS-CoV-2 du Réseau canadien de laboratoires d'intervention, mai 2020 à juin 2021<sup>a</sup>



Abbreviations : COVID-19, maladie à coronavirus 2019; PCR, amplification en chaîne par polymérase; SRAS-CoV-2, coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère; UFR, unités de fluorescence relative

<sup>a</sup> Les valeurs Ct sont présentées pour chaque plateforme d'amplification des acides nucléiques testée. Chaque point de données est présenté avec la moyenne et l'erreur normale. Le coefficient de variation est indiqué pour chaque objectif dans sa couleur respective. Les points de données à la valeur 0 sur l'axe indiquent qu'il n'y avait pas d'ARN du SRAS-CoV-2 détectable



**Tableau 2 : Résultats discordants des plateformes de tests d'amplification des acides nucléiques pour le SRAS-CoV-2 obtenus avec les panels de vérification des compétences sur le SRAS-CoV-2 du Réseau canadien de laboratoires d'intervention, mai 2020 à juin 2021**

Plateforme PCR	Cible de l'essai	Résultats discordants pour le SRAS-CoV-2 pour la plateforme PCR (%)	Sensibilité : 95 % de détection <sup>a,b</sup> (copies/ml)	Spécificité	
				Accord positif (%) <sup>b</sup>	Accord négatif (%) <sup>b</sup>
Réactifs BD SRAS-CoV-2 pour le système BD MAX <sup>MD</sup>	N1	6/96 (6,25 %)	1 100 ou moins	100	100
	N2	7/96 (7,29 %)	1 100 ou moins	100	100
BioFire <sup>MD</sup> Film Array <sup>MD</sup> RP2.1	M/S	1/414 (0,24 %)	1 100 ou moins	100	100
Cepheid Xpert <sup>MD</sup> Xpress SRAS-CoV-2	E	0/730 (0,00 %)	1 100 ou moins	100	100
	N	6/730 (0,82 %)	1 100 ou moins	100	97
Test direct moléculaire pour la COVID-19 de DiaSorin Simplexa <sup>MD</sup>	ORF1a/b	3/768 (0,39 %)	1 100 ou moins	99,7	100
	S	4/768 (0,52 %)	1 100 ou moins	99,6	100
Panel d'agents pathogènes respiratoires + SRAS-CoV-2 de NxTAG <sup>MD</sup>	ORF1a/b	0/12 (0,00 %)	1 100 ou moins	100	100
	M	1/12 (8,33 %)	1 100 ou moins	100	100
Test pour le gène du SRAS-CoV-2 de RIDA <sup>MD</sup>	E	2/18 (11,11 %)	1 100 ou moins	100	100
Test Seegene Allplex <sup>MD</sup> 2019 nCoV	E	11/252 (4,37 %)	1 100 ou moins	100	100
	RdRp	14/252 (5,56 %)	1 358	99,1	100
	N	9/252 (3,57 %)	1 100 ou moins	100	100

Abréviations : PCR, amplification en chaîne par polymérase; SRAS-CoV-2, coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère

<sup>a</sup> Évaluation à l'aide des échantillons C, G et P

<sup>b</sup> Les méthodes procédurales pas officiellement approuvées et les erreurs d'utilisation ont été retirées de l'évaluation

**Tableau 3 : Rendement qualitatif du Panel BioFire Film Array Respiratory 2.1 et du test pour le SRAS-CoV-2 et l'influenza A/B de Roche Cobas (pour Liat) dans le cadre des programmes de vérification des compétences sur le SRAS-CoV-2 du Réseau canadien des laboratoires d'intervention, mai 2020 à juin 2021**

Plateforme	ID de l'échantillon	Échantillon G	Échantillon H	Échantillon I	Échantillon J	Échantillon K	Échantillon L
Panel respiratoire 2,1 BioFire <sup>MD</sup> Film Array <sup>MD</sup>	Résultats attendus	SRAS-CoV-2 détecté	Grippe A détectée	SRAS-CoV-2 détecté	Aucun agent détecté	SRAS-CoV-2 détecté VRS	SRAS-CoV-2 détecté
	Exemple de concordance	100 % (20/20)	100 % (20/20)	100 % (20/20)	100 % (20/20)	100 % (20/20)	100 % (20/20)
	ID de l'échantillon	Échantillon M	Échantillon N	Échantillon O	Échantillon P	Échantillon Q	Échantillon R
	Résultats attendus	Rhinovirus SRAS-CoV-2 détecté	SRAS-CoV-2 détecté	Grippe A détectée	SRAS-CoV-2 détecté	Aucun agent détecté	SRAS-CoV-2 détecté Grippe B
	Exemple de concordance	100 % (n = 49/49)	100 % (n = 49/49)	100 % (n = 49/49)	98,6 % (n = 48/49)	100 % (n = 49/49)	100 % (n = 49/49)
	Concordance globale						
Test pour SRAS-CoV-2 et Influenza A/B de Roche Cobas <sup>MD</sup> (pour Liat)	ID de l'échantillon	Échantillon M	Échantillon N	Échantillon O	Échantillon P	Échantillon Q	Échantillon R
	Résultats attendus	SRAS-CoV-2 détecté	SRAS-CoV-2 détecté	Grippe A détectée	SRAS-CoV-2 détecté	Aucun agent détecté	SRAS-CoV-2 détecté Grippe B
	Exemple de concordance	100 % (n = 9/9)	100 % (n = 9/9)	100 % (n = 9/9)	100 % (n = 9/9)	100 % (n = 9/9)	100 % (n = 9/9)
	Concordance globale						

Abréviations : SRAS-CoV-2, coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère; VRS, virus respiratoire syncytial



La plateforme GeneXpert de Cepheid est déjà utilisée au Canada pour la détection du SRAS-CoV-2 à l'aide des tests Xpert Xpress SRAS-CoV-2 et Xpert Xpress SRAS-CoV-2/Flu/RSV. Le test Xpert Xpress SRAS-CoV-2 E a fonctionné avec précision (taux de détection de 100 %) et cohérence (coefficient de variation inférieur à 5 %) pour tous les échantillons. Toutefois, des résultats discordants ont été observés en utilisant la cible N, en particulier pour l'échantillon H. L'échantillon H ne contenait pas de SRAS-CoV-2, mais une quantité modérée de virions de grippe A (Ct 27); dans six cas, la cible SRAS-CoV-2 N2 a produit un Ct supérieur à 40, ce qui a été considéré comme positif pour le SRAS-CoV-2 par le logiciel GeneXpert (figure 1, tableau 2). À l'exception de l'échantillon H, les valeurs de Ct pour la cible N étaient cohérentes et avaient un coefficient de variation inférieur à 10 %, figure 1. Le test Cepheid Xpert Xpress SRAS-CoV-2/Flu/RSV récemment mis au point a été utilisé dans le cadre du programme de tests de juin 2021 et les résultats concernant le SRAS-CoV-2 ont été combinés pour les cibles E et N2. La plateforme avait une précision de 100 % et produisait des résultats très cohérents avec un coefficient de variation inférieur à 2 % parmi tous les utilisateurs (figure 1). Le test Xpert Xpress SRAS-CoV-2/Flu/RSV a également correctement identifié la présence de l'influenza A et B dans les échantillons O et R, respectivement (données non montrées).

Le test moléculaire direct Diasorin Simplexa COVID-19 est un système automatisé à faible débit qui peut analyser jusqu'à huit échantillons à la fois. Sa principale distinction par rapport à d'autres systèmes similaires, tels que les plateformes BioFire Film Array et Cepheid GeneXpert, est qu'il élimine l'étape d'extraction/purification de l'acide nucléique. Des résultats discordants ont été observés pour les échantillons G et R, la cible ORF1a/b n'ayant pas détecté le SRAS-CoV-2  $n = 2/768$  fois (0,26 %), tandis que la cible S n'a pas détecté le SRAS-CoV-2  $n = 3/768$  fois (0,39 %) (figure 1, tableau 2). Selon le fabricant, le test S a un taux de détection de 95,8 % à 500 copies/ml (2 000 copies/ml pour une détection à 100 %) et l'ORF1a/b est détecté dans 93,8 % des cas à 1 000 copies/ml (2 000 copies/ml pour une détection à 100 %) (6). Des observations similaires ont été faites ici : le test S a donné de meilleurs résultats que le test ORF1a/b (tableau 2). Les échantillons G et R sont respectivement à environ 1 100 et 3 500 copies/ml, ce qui correspond à la limite de détection (LD) du test pour les deux cibles, et est la cause probable des résultats divergents (tableau 4). En outre, un résultat discordant supplémentaire a été obtenu pour chaque cible en raison d'une erreur logicielle qui a indiqué « pas de résultat » lorsque des valeurs Ct ont été obtenues pour les deux cibles (tableau 2). Pour les échantillons où toutes les cibles ont été correctement identifiées (échantillons A–F et H–Q), les coefficients de variation étaient inférieurs ou égaux à 5 %, à l'exception de l'échantillon F qui présentait des coefficients de variation de 11,1 % et 10,1 % pour les cibles ORF1a/b et S, respectivement (figure 1).

Hologic produit deux tests pour le SRAS-CoV-2 qui ont été utilisés dans le cadre des programmes de VC du RCLI pour le SRAS-CoV-2 : Test Panther Fusion SRAS-CoV-2 et test Aptima SRAS-CoV-2. Le test Panther Fusion SRAS-CoV-2 n'a pas été présenté ici, car seuls deux sites emploient cette plateforme, tandis que le test Aptima SRAS-CoV-2 a été utilisé lors des programmes de tests de novembre 2020 et de juin 2021, avec respectivement six et huit utilisateurs (tableau 1). Cette plateforme a démontré une concordance de 100 % ( $n = 90/90$  échantillons). Cependant, les valeurs de Ct obtenues étaient très variables, avec des coefficients de variation allant de 5 % à 19,5 % d'un échantillon à l'autre (figure 1).

Au cours du programme de VC du RCLI de juin 2021, le test Lyra SRAS-CoV-2 de Quidel ciblant l'ORF1a/b a été utilisé pour la première fois par trois participants (tableau 1). Ce test a permis d'identifier correctement tous les échantillons testés ( $n = 18$ ). Cependant, la variabilité entre les valeurs de Ct était importante, avec un coefficient de variation allant de 17,9 à 27,8 (figure 1). Cette variation des valeurs de Ct est largement attribuée à une série de résultats du panel de test, qui a fourni des valeurs de Ct nettement inférieures à celles des autres participants, ce qui indique des différences dans le réglage des seuils entre les participants.

Le test Seegene Allplex 2019 nCoV est un test RT-PCR multiplex qui détecte les cibles E, N et RdRp et qui peut être automatisé pour les tests à haut volume. Ce test a donné de bons résultats lors des essais de mai 2020 et de juin 2021, avec une concordance de 100 % et des résultats cohérents traduits par un coefficient de variation inférieur à 10 % (figure 1). Toutefois, un certain nombre de résultats discordants ont été observés lors de l'essai de novembre 2020, ce qui a entraîné une baisse de la reproductibilité et une augmentation des coefficients de variation. L'échantillon G a été associé à  $n = 3/19$  échecs de cibles E,  $n = 4/19$  échecs de cibles RdRp et  $n = 1/19$  échecs de cibles N. Alors que  $n = 2/19$  échecs de cibles RdRp ont été associés à l'utilisation d'une plateforme d'extraction nucléique, les autres échecs ont été associés à une divergence par rapport aux recommandations du fabricant et n'ont pas utilisé d'étape d'extraction de l'acide nucléique. En outre, la limite de détection rapportée pour le test Seegene Allplex 2019 nCoV est d'environ 4 000 copies/ml, ce qui est plus élevé que le titre de l'échantillon G et est probablement à l'origine de la non-détection du SRAS-CoV-2 dans cet échantillon (7) (tableau 4). Inversement, l'échantillon I a été associé à  $n = 1/19$  échecs pour la cible E et  $n = 2/19$  échecs pour les cibles RdRp et N; tandis que l'échantillon K a eu  $n = 2/19$  échecs pour la cible E,  $n = 3/19$  échecs pour la cible RdRp et  $n = 1/19$  échecs pour la cible N. Les échantillons L, H et J ont également été associés à un résultat discordant pour chaque cible en raison de l'impossibilité d'obtenir un résultat valide. Ces échecs de détection du SRAS-CoV-2 ont tous été associés à une utilisation non conforme à l'étiquetage, c'est-à-dire sans procédure d'extraction des acides nucléiques, et sont probablement à l'origine des résultats



**Tableau 4 : Identité des échantillons et charges virales approximatives pour les échantillons d'essai fournis dans le cadre des programmes de vérification des compétences sur le SRAS-CoV-2 du Réseau canadien de laboratoires d'intervention, mai 2020 à juin 2021**

Échantillon	Identité	SRAS-CoV-2 E Nombre approximatif de copies/ml	Valeur Ct approximative (cible SRAS-CoV-2 E) <sup>a</sup>
<b>Programme de vérification des compétences sur le SRAS-CoV-2 du RCLI – mai 2020</b>			
A	SRAS-CoV-2 de type sauvage	120 000 000	20
B	Blanc	0	0
C	SRAS-CoV-2 de type sauvage	1 600	36
D	SRAS-CoV-2 de type sauvage	2 700 000	25
E	SRAS-CoV-2 de type sauvage	3 900	35
F	SRAS-CoV-2 de type sauvage	216 000	29
<b>Programme de vérification des compétences sur le RCLI SRAS-CoV-2 – novembre 2020</b>			
G	SRAS-CoV-2 de type sauvage	1 100	36
H	Virus de l'influenza A	0	0
I	SRAS-CoV-2 de type sauvage	54 000	31
J	Blanc	0	0
K	SRAS-CoV-2 de type sauvage	10 800	33
	Virus respiratoire syncytial	0	
L	SRAS-CoV-2 de type sauvage	13 000 000	22
<b>Programme de vérification des compétences sur le SRAS-CoV-2 du RCLI – juin 2021</b>			
M	SRAS-CoV-2 B.1.351	280 000	28
	Rhinovirus	0	
N	SRAS-CoV-2 B.1.1.7	2 100	35
O	Virus de l'influenza A	0	0
P	SRAS-CoV-2 P.1	1 600	36
Q	Blanc	0	0
R	SRAS-CoV-2 de type sauvage	3 500	35
	Virus de l'influenza B	0	

Abréviations : RCLI, Réseau canadien de laboratoires d'intervention; SRAS-CoV-2 coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère

<sup>a</sup> La référence de Corman et al. (4)

discordants puisque les titres des échantillons étaient tous supérieurs à 4 000 copies/ml. La pratique consistant à ne pas mettre en œuvre un protocole d'extraction n'a pas été observée dans le programme d'essai suivant. Dans l'ensemble, les cibles E, RdRp et N ont produit des discordances de 4,37 %, 5,56 % et 3,52 %, respectivement (figure 1, tableau 2).

Deux tests Roche différents ont été utilisés dans le cadre des programmes de VC du RCLI sur le SRAS-CoV-2, le test Roche Cobas SRAS-CoV-2, un test entièrement automatisé à haut débit destiné à être utilisé avec le Roche Cobas 5800/6800/8800, et le test sur le SRAS-CoV-2 et l'influenza A/B Roche Cobas pour Liat, un test qualitatif entièrement automatisé destiné à être utilisé sur le Cobas Liat. Le test Roche Cobas SRAS-CoV-2 pour Cobas 5800/6800/8800 a été utilisé dans les trois dispositifs de test, produisant des résultats précis et cohérents avec un coefficient de variation inférieur à 3 % (figure 1). Le test Roche Cobas SRAS-CoV-2 pour Liat a détecté avec précision tous les échantillons de neuf utilisateurs (tableau 1 et tableau 3). Dans l'ensemble, le test Roche Cobas SRAS-CoV-2 à utiliser sur le

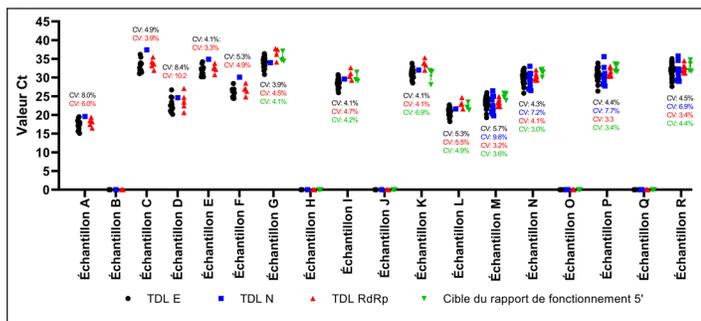
Cobas 5800/6800/8800 a obtenu les meilleurs résultats lors de la comparaison des plateformes commerciales dans les dispositifs de VC du RCLI sur le SRAS-CoV-2; il a fait preuve d'une précision de 100 % et a produit les résultats les plus reproductibles d'un utilisateur à l'autre.

Le TDL a également été utilisé dans le cadre du programme de VC du RCLI sur le SRAS-CoV-2 de mai 2020 à juin 2021. Les ensembles de données obtenus à l'aide de TDL qui présentent au moins trois séries de résultats dans un dispositif d'essai donné sont présentés (figure 2). Dans tous les cas, tous les tests ont permis de détecter efficacement et précisément le SRAS-CoV-2 à partir des échantillons fournis (figure 2). Les cibles E et RdRp ont été utilisées dans tous les dispositifs d'essai (tableau 1). La reproductibilité de la cible E et de la cible RdRp était assortie de coefficients de variation compris entre 3,9 % et 8,4 % et entre 3,2 % et 10,2 %, respectivement (figure 2). L'utilisation de la cible du rapport de fonctionnement 5' est apparue au cours du programme d'essai de novembre 2020 et les résultats ont été détectés de manière cohérente avec des coefficients



de variation inférieurs à 7 % (figure 2). Les laboratoires ont commencé à utiliser le test de la cible N au cours du programme d’essais de juin 2021, avec des coefficients de variation compris entre 6,9 % et 9,6 % (figure 2). Il convient de noter que, hormis le gène ciblé, nous ne disposons pas des détails spécifiques concernant les séquences d’amorces/sondes mises en œuvre par chaque utilisateur et qu’il est possible que les séquences utilisées soient différentes. En général, les valeurs Ct étaient similaires entre tous les tests cibles, ce qui indique des affinités de détection similaires. Toutefois, une analyse comparative directe plus détaillée n’a pas été réalisée, car les tests n’étaient pas identiques. En outre, on s’attend à des changements entre les cibles génétiques, étant donné que l’expression des gènes individuels peut varier au cours de la réplication virale; mais cette constatation pourrait également être attribuée à des variations techniques dans les paramètres de seuil/détection des différents laboratoires. Dans l’ensemble, la cible du rapport de fonctionnement 5’ a donné les résultats les plus cohérents avec un coefficient de variation moyen de 4,3 %, suivie par les cibles RdRp (4,7 %), E (5,2 %) et N (7,9 %). Tous les objectifs ont été atteints dans le respect des spécifications prévues, à savoir des coefficients de variation inférieurs à 10 %.

Figure 2 : Rendement des tests développés en laboratoire d’amplification des acides nucléiques obtenue dans le cadre du programme de vérification des compétences sur le SRAS-CoV-2 du Réseau canadien de laboratoires d’intervention, mai 2020 à juin 2021<sup>a</sup>



Abréviations : SRAS-CoV-2, coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère; TDL, tests développés en laboratoire  
<sup>a</sup> Les valeurs Ct sont présentées pour chaque plateforme d’amplification des acides nucléiques testée. Chaque point de données est présenté avec la moyenne et l’erreur normale. Le coefficient de variation est indiqué pour chaque objectif dans sa couleur respective. Les points de données à la valeur 0 sur l’axe indiquent qu’il n’y avait pas d’ARN du SRAS-CoV-2 détectable

Dans l’ensemble, ces résultats donnent une idée de la sensibilité des tests; chaque schéma de test consistait à tester un échantillon contenant de faibles concentrations de particules virales, comprises entre 1 100 et 1 600 copies/ml (échantillon C, 1 600 copies/ml, échantillon G, 1 100 copies/ml ou échantillon P, 1 600 copies/ml). Une sensibilité efficace a été observée pour tous les tests commerciaux et les tests développés en laboratoire utilisés dans le pays. Un taux de concordance de 100 % pour ces échantillons à faible concentration a été observé pour toutes les cibles du SRAS-CoV-2, à quelques exceptions près. La trousse de test BioFire Film Array RP2.1 n’a pas détecté

l’échantillon G 1/414 fois (tableau 3). Toutefois, cette erreur est due à une mauvaise manipulation de l’échantillon et, après avoir été répétée à des fins de remédiation, elle a été détectée. Cette erreur n’a donc pas été prise en compte dans l’évaluation générale de la sensibilité (tableau 3).

Le test moléculaire direct pour la COVID-19 de Diasorin Simplexa n’a pas détecté deux échantillons à faible concentration, les deux cibles n’ont pas pu détecter l’échantillon G à deux reprises et la cible S n’a pas détecté l’échantillon R (3 500 copies/ml) à un moment donné (tableau 2). Toutefois, ces résultats discordants n’ont pas affecté la limite de détection de 95 %. Le test Seegene Allplex 2019 nCoV a été associé à un certain nombre d’échecs de détection de l’échantillon G. La majorité de ces échecs ont été attribués à une utilisation non conforme à l’étiquetage, où un processus d’extraction de l’acide nucléique requis a été omis. Pour cette raison, ces résultats ont été retirés de l’analyse de sensibilité qui a suivi. Toutefois, dans deux cas associés à une utilisation correcte, la cible RdRp n’a pas identifié le SRAS-CoV-2 et a été incluse dans l’analyse. Ces résultats discordants ont eu un effet mineur sur la sensibilité du test; une limite de détection de 95 % a été fixée à 1 358 copies/ml (tableau 2). À l’exception du test Seegene Allplex 2019 nCoV, tous les autres tests présentaient des limites de détection de 95 % inférieures à 1 100 copies/ml. Ces résultats observés sont conformes aux limites de détection indiquées par les fabricants pour leurs tests respectifs (6–16). Bien que n’entrant pas dans le cadre de l’utilisation prévue de ce système de VC, cette étude n’a pas été en mesure de calculer la limite de détection pour tous les essais en raison de l’absence d’échantillons présentant des niveaux inférieurs aux niveaux détectables, et il n’a donc pas été possible de comparer davantage la sensibilité des tests.

Outre la sensibilité des tests, leur spécificité a également été évaluée dans le cadre des programmes de VC. Plus précisément, le test de VC de mai 2020 s’est concentré sur la concordance positive et négative, tandis que les tests de novembre 2020 ont ajouté une composante pour la détection d’autres agents pathogènes respiratoires importants, et enfin les tests de juin 2021 se sont appuyés sur le dernier en incluant les variants SRAS-CoV-2 préoccupants (tableau 4). La concordance négative pour l’échantillon B était de 100 % sur toutes les plateformes. Le programme de tests de novembre 2020 comprenait deux échantillons, dont aucun ne contenait le SRAS-CoV-2 : l’échantillon H contenait une dose modérée de virus de la grippe A (Ct 27) et l’échantillon J contenait uniquement la matrice négative de sécrétions nasales/UTM. L’échantillon J a présenté une concordance négative de 100 % sur toutes les plateformes. Cependant, l’échantillon H a présenté quelques incohérences lorsque la plateforme Cepheid Xpert Xpress SRAS-CoV-2 a été utilisée. Dans six cas, conformément aux instructions du fabricant, la cible N a incorrectement identifié la présence du SRAS-CoV-2 dans un échantillon qui ne contenait que le virus de la grippe A (tableau 2). Dans chaque cas, les valeurs Ct étaient supérieures à 40 et suggéraient un certain



degré de réactivité croisée avec le virus de la grippe A, car ce phénomène n'a jamais été observé avec aucun des échantillons négatifs. Étant donné que tous les résultats discordants étaient supérieurs à la valeur de 40 Ct, il a été recommandé d'étudier la possibilité de modifier le seuil de Ct en le fixant à 40 au lieu de 45, comme le recommande le fabricant, afin d'éviter de signaler des faux positifs (17). Au cours des trois programmes de VC, la plateforme Cepheid Xpert Xpress SRAS-CoV-2 a obtenu une concordance négative de 100 % pour la cible E et une concordance négative de 97 % pour la cible N. La concordance négative pour les échantillons O et Q était de 100 % sur toutes les plateformes.

Tous les tests commerciaux et développés en laboratoire ont permis de détecter les variantes concernées. Il convient de noter que la trousse Thermo Fisher TaqPath COVID-19 Combo Kit a enregistré une baisse pour l'un de ses trois gènes cibles; le gène S n'a pas pu détecter la variante B.1.1.7, alors que les deux autres gènes cibles ont été identifiés avec succès. Selon les recommandations du fabricant, un résultat positif exige que  $n = 2/3$  cibles aient des valeurs de Ct inférieures à 37. Par conséquent, la perte du gène S n'a pas entravé la capacité des tests à détecter la présence du SRAS-CoV-2 dans l'échantillon N (14). L'échec du BioFire Film Array RP2.1 à détecter le SRAS-CoV-2 P.1 a été attribué à une erreur technique et non à un échec du test; ce test n'a donc pas été inclus dans l'analyse. Le BioFire Film Array RP2.1 a détecté avec succès le variant P.1 dans toutes les autres tentatives ( $n = 48$ ).

Dans l'ensemble, la spécificité du test était comparable pour les trois programmes et plateformes de VC; une concordance négative de 99,5 % a été observée.

## Conclusion

Au cours de trois programmes de VC menés à travers le Canada entre mai 2020 et juin 2021, la note moyenne obtenue par les participants a été de 99,3 %, ce qui démontre la cohérence des tests entre les laboratoires et les plateformes d'essai. Des niveaux d'accord aussi élevés ont été observés au niveau international. L'American Proficiency Institute a mené une étude dans l'ensemble des États-Unis et a obtenu une note globale supérieure à 97 % (3). De même, le « Royal College of Pathologists of Australasia » a mené trois programmes de VC en Australie et en Nouvelle-Zélande entre mars 2020 et novembre 2020, avec un score initial de 75 % de concordance au début de la pandémie, mais qui a ensuite augmenté de façon spectaculaire pour atteindre 95 % de concordance dans les deux derniers programmes de test (2). Enfin, un troisième programme de Corée du Sud a démontré une concordance de 93 % (1). Bien que chaque programme ait varié dans la composition de l'échantillon et les utilisations prévues, il est encourageant de constater que le déploiement rapide des tests de dépistage du SRAS-CoV-2 a donné lieu à des degrés de concordance élevés et constants dans le monde entier.

La capacité à soutenir l'assurance qualité des mesures d'essai par le biais d'un programme externe de VC est essentielle en cas de menace nouvelle ou émergente pour la santé publique. Le RCLI fournit un cadre pour soutenir l'assurance qualité nécessaire à la décentralisation et à l'augmentation de la capacité de test au Canada. Tous les laboratoires de santé publique canadiens suivent un programme de gestion de la qualité exigé par leurs administrations respectives, et les systèmes de vérification et de validation sur place sont essentiels à la réalisation de ces processus. En outre, la comparaison des résultats du panel de VC permet d'évaluer diverses plateformes NAAT à différents endroits et pour plusieurs utilisateurs, ce qui permet d'obtenir une évaluation globale des performances de la plateforme. Les performances cumulées du TAAN utilisé au cours des trois programmes de VC du RCLI pour le SRAS-CoV-2 ont été concordantes à 99,3 %. On pourrait envisager à l'avenir de collecter des données supplémentaires auprès des participants afin d'avoir une vision plus large des données démographiques, des statistiques de population et du statut d'accréditation. Cette étude démontre la mise en œuvre rapide et réussie d'un programme canadien de VC et fournit une analyse comparative des différents tests autorisés en cas d'urgence et développés en laboratoire pour la détection du SRAS-CoV-2.

## Déclaration des auteurs

C. R. — Conceptualisation, analyse des données, rédaction de la version originale, rédaction de la révision  
 K. A. — Conceptualisation, rédaction-révision  
 C. C. — Conceptualisation, rédaction-révision

## Intérêts concurrentiels

Aucun.

## Remerciements

Nous tenons à remercier les personnes, les organisations et les réseaux suivants qui ont participé à l'exécution du Programme de vérification des compétences sur le SRAS-CoV-2 du Réseau canadien de laboratoires d'intervention (RCLI) :

**Le Laboratoire national de microbiologie** : N. Bastien (section influenza, virus respiratoires et coronavirus), le programme des agents pathogènes spéciaux, l'équipe d'expédition/réception des échantillons, le bureau de la gestion de la propriété intellectuelle et du développement commercial, les services de sécurité et d'environnement et le centre d'opérations d'urgence.

**Groupe de travail sur les infections par les virus respiratoires du Réseau des laboratoires de santé publique du Canada** : N. Bastien (Laboratoire national de microbiologie, Winnipeg, Manitoba), P. Levett (BC Centre for Disease Control Public Health Laboratory, Vancouver, Colombie-Britannique), N. Zeylas (Alberta Provincial Laboratory for Public Health, Alberta Precision Laboratories, Edmonton, Alberta), A. Lang (Roy Romanow



Provincial Laboratory, Regina, Saskatchewan), K. Dust (Cadham Provincial Laboratory, Winnipeg, Manitoba), J. Gubbay (Public Health Ontario Laboratories, Toronto, Ontario), J. Fafard et V. Dikimpe (Laboratoire de santé publique du Québec, Ste-Anne-de-Bellevue, Québec), G. German et V. Arseneau (Queen Elizabeth Hospital-Health Prince Edward Island, Charlottetown, Île-du-Prince-Édouard), J. LeBlanc (Queen Elizabeth II Health Science Centre, Halifax, Nouvelle-Écosse), Y. Yu (Newfoundland and Labrador Public Health Laboratory, St. John's, Terre-Neuve-et-Labrador), G. Desnoyers (Centre hospitalier universitaire Dr. Georges L. Dumont, Moncton, Nouveau-Brunswick), K. Dionne (Qikiqtani General Hospital, Iqaluit, Nunavut), L. Steven (Stanton Territorial Hospital, Yellowknife, Territoires du Nord-Ouest), et P. Rodgers (Whitehorse General Hospital, Whitehorse, Yukon).

## Financement

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

## Références

1. Sung H, Han MG, Yoo CK, Lee SW, Chung YS, Park JS, Kim MN, Lee H, Hong KH, Seong MW, Lee K, Chun S, Lee WG, Kwon GC, Min WK. Nationwide External Quality Assessment of SARS-CoV-2 Molecular Testing, South Korea. *Emerg Infect Dis* 2020;26(10):2353–60. DOI PubMed
2. Lau KA, Kaufer A, Gray J, Theis T, Rawlinson WD. Proficiency testing for SARS-CoV-2 in assuring the quality and overall performance in viral RNA detection in clinical and public health laboratories. *Pathology* 2022;54(4):472–8. DOI PubMed
3. Edson DC, Casey DL, Harmer SE, Downes FP. Identification of SARS-CoV-2 in a Proficiency Testing Program. *Am J Clin Pathol* 2020;154(4):475–8. DOI PubMed
4. Corman VM, Landt O, Kaiser M, Molenkamp R, Meijer A, Chu DK, Bleicker T, Brünink S, Schneider J, Schmidt ML, Mulders DG, Haagmans BL, van der Veer B, van den Brink S, Wijsman L, Goderski G, Romette JL, Ellis J, Zambon M, Peiris M, Goossens H, Reusken C, Koopmans MP, Drosten C. Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. *Euro Surveill* 2020;25(3):2000045. DOI PubMed
5. Public Health Ontario. Probit Analysis Tool for LOD data. [Consulté le 23 janv. 2023]. [https://biostats.shinyapps.io/LOD\\_probit/](https://biostats.shinyapps.io/LOD_probit/)
6. DiaSorin Molecular LLC. Simplexa® COVID-19 Direct Kit. Cypress, CA; Diasorin; 2021. [Consulté le 25 fév. 2022]. <https://molecular.diasorin.com/us/kit/simplexa-covid-19-direct-kit/>
7. Seegene Inc. Allplex™ 2019-nCoV Assay (version 2.3; Dec 13, 2022) Instructions for Use. Seoul (KR): Seegene; 2020. [Consulté le 25 fév. 2022]. <https://www.fda.gov/media/137178/download>
8. Ag RD. cobas® SARS-CoV-2. Qualitative assay for use on the cobas® 6800/8800 Systems. Roche; 2022; [Consulté le 27 janv. 2023]. <https://www.fda.gov/media/136049/download>
9. Hologic. Aptima SARS-CoV-2 Assay (Panther® system). Hologic; 2022. [Consulté le 27 janv. 2023]. <https://www.fda.gov/media/138096/download>
10. GeneXpert. Xpert® Xpress SARS-CoV-2 Instructions for Use. Cepheid Innovation; April 2022. [Consulté le 27 janv. 2023]. <https://www.fda.gov/media/136314/download#:~:text=Insert%20the%20swab%20into%20either,or%203%20mL%20of%20saline>
11. Molecular Diagnostics BD. BD SARS-CoV-2 Reagents for BD MAX™ System. BD Max; 2022. [Consulté le 27 janv. 2023]. <https://www.fda.gov/media/136816/download>
12. Abbott Molecular Inc. Abbott RealTime SARS-CoV-2 Instructions for Use. Abbott; 2022. [Consulté le 27 janv. 2023]. <https://www.fda.gov/media/136258/download>
13. Abbott Molecular Inc. Alinity m SARS-CoV-2 AMP Kit. Abbott; 2022. [Consulté le 27 janv. 2023]. <https://www.fda.gov/media/137979/download>
14. Thermo Fisher Scientific. Applied Biosystems. TaqPath™ COVID-19 Combo Kit, Instructions for use. Multiplex real-time RT-PCR test intended for the qualitative detection of nucleic acid from SARS-CoV-2. Thermo Fisher; 2020. [Consulté le 25 fév. 2022]. [https://assets.thermofisher.com/TFS-Assets/LSG/manuals/MAN0019211\\_TaqPath\\_COVID-19\\_IFU\\_Canada.pdf](https://assets.thermofisher.com/TFS-Assets/LSG/manuals/MAN0019211_TaqPath_COVID-19_IFU_Canada.pdf)
15. BioFire Diagnostics L. BioFire Respiratory Panel 2.1 (RP2.1). Instructions for Use. Biofire; 2022. <https://www.biofiredx.qrad.eifu.online/ITI/CA/en/all?keycode=ITI0105>
16. Quidel Corp. Lyra® SARS-CoV-2 Assay. Instructions For Use. Quidel; 2022. [Consulté le 27 janv. 2023]. <https://www.fda.gov/media/136820/download>
17. Public Health Ontario. An Overview of Cycle Threshold Values and their Role in SARS-CoV-2 Real-Time PCR Test Interpretation. Toronto, ON: PHO; 2020. [Consulté le 27 janv. 2023]. <https://www.publichealthontario.ca/-/media/documents/ncov/main/2020/09/cycle-threshold-values-sars-cov2-pcr.pdf?la=en>



# Technologie innovante et partenariats établis – une recette pour une adaptabilité rapide dans des conditions de pandémie émergente

Shamir Mukhi<sup>1\*</sup>, Mélanie Laffin-Thibodeau<sup>2</sup>, Tim Beattie<sup>1</sup>

## Résumé

**Contexte** : Grâce à un partenariat de collaboration qui remonte à 2011, le Réseau canadien de renseignements sur la santé publique (RCRSP) et le Programme canadien de surveillance pédiatrique (PCSP) ont rapidement apporté des améliorations substantielles aux instruments de collecte de données du PCSP sur la plateforme du RCRSP afin de caractériser les impacts de la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) sur les enfants et les adolescents au Canada. Face à une menace émergente pour la santé publique dont les effets sont encore inconnus, l'objectif de l'intervention était d'améliorer rapidement les outils de collecte de données et d'analyse existants afin de permettre au PCSP de caractériser les effets de la COVID-19 chez les enfants et les adolescents canadiens.

**Intervention** : La fréquence des rapports du réseau de praticiens pédiatriques du PCSP est passée de mensuelle à hebdomadaire, et la flexibilité de la collecte de données détaillées sur les cas a été considérablement améliorée grâce à des instruments d'enquête complexes, conçus de manière interactive à l'aide de la technologie de données Web du RCRSP. Pour s'assurer que la collecte de données se déroule selon toutes les lignes de surveillance requises, les outils de collecte de données du PCSP ont été améliorés afin de recueillir des données démographiques, épidémiologiques, microbiologiques et cliniques, y compris les comorbidités des cas identifiés.

**Résultats** : Moins d'un mois après que l'Organisation mondiale de la Santé ait déclaré la pandémie de COVID-19, le PCSP a pu commencer à recueillir des données hebdomadaires détaillées sur les cas émergents de COVID-19 chez les enfants et les adolescents canadiens. En mai 2020, le PCSP a pu lancer une étude détaillée, soutenant la recherche sur les facteurs de risque potentiels de maladies graves liées à la COVID-19 chez les enfants et les adolescents.

**Conclusion** : En réponse à une nouvelle menace pour la santé publique, le RCRSP et le PCSP ont été en mesure de mettre en œuvre des adaptations et des améliorations rapides des instruments de collecte de données existants, tout en renforçant leur préparation à faire de même à l'avenir, en cas de besoin. Avec des technologies innovantes et agiles à disposition, cette expérience permet de souligner l'importance des partenariats de collaboration établis entre les disciplines de santé publique en tant que facteur contribuant à la préparation et à l'agilité pour répondre à l'imprévu. La technologie de données Web du RCRSP a fait preuve d'une grande souplesse d'adaptation et d'une capacité à collecter des données complexes et détaillées, ce qui permet d'assurer une surveillance et une réaction en temps utile.

**Citation proposée** : Mukhi SN, Laffin-Thibodeau M, Beattie TC. Technologie innovante et partenariats établis – une recette pour une adaptabilité rapide dans des conditions de pandémie émergente. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2023;49(5):214–20. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v49i05a04f>

**Mots-clés** : collecte de données, santé publique, maladies infectieuses, informatique, surveillance, intervention

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



## Affiliations

<sup>1</sup> Réseau canadien de renseignements sur la santé publique, Laboratoire national de microbiologie, Agence de la santé publique du Canada

<sup>2</sup> Programme canadien de surveillance pédiatrique

## \*Correspondance :

[shamir.mukhi@phac-aspc.gc.ca](mailto:shamir.mukhi@phac-aspc.gc.ca)



## Introduction

Les menaces de maladies infectieuses émergentes et réémergentes continuent de mettre à l'épreuve notre capacité à réagir rapidement et efficacement pour protéger la santé publique. Les chercheurs et les professionnels de la santé publique ont besoin d'outils adaptables qui produisent des renseignements leur permettant de mieux comprendre les menaces connues, tout en leur offrant la souplesse nécessaire pour réagir à l'imprévu. Les expériences des deux dernières décennies, telles que l'émergence du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS) en 2003 ou la pandémie de grippe H1N1 en 2009, ont incité à mettre davantage l'accent sur la définition des éléments qui contribuent à une meilleure préparation. L'un des éléments clés de la préparation est l'établissement et la promotion de partenariats de collaboration permanents entre les différentes disciplines de la santé publique (1).

L'un de ces partenariats existe entre le Réseau canadien de renseignements sur la santé publique (RCRSP) et le Programme canadien de surveillance pédiatrique (PCSP). Depuis 2011, le RCRSP et le PCSP ont travaillé ensemble pour établir et améliorer la collecte et l'analyse des données grâce à un environnement sécurisé et facile à utiliser, qui a commencé avec la conception, le développement et le lancement du système cyber-PCSP sur le RCRSP. Les améliorations apportées à la collecte de données à cette époque ont permis de moderniser et d'améliorer la rapidité des activités de collecte de données du PCSP en permettant le passage d'un système papier à un système électronique pour la collecte de données sur les maladies et affections rares auprès des praticiens en pédiatrie du Canada (2). Bien qu'une petite proportion de praticiens ait préféré continuer à utiliser les moyens de déclaration sur papier, ces améliorations ont permis d'accroître la souplesse et l'adaptabilité pour soutenir la collecte rapide d'informations de surveillance sur des questions émergentes telles que le virus Zika, par exemple (3).

Cet article traite des adaptations agiles apportées aux outils de collecte de données du PCSP sur la plateforme du RCRSP au début de 2020 en réponse à l'arrivée de la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19), ce qui a permis d'améliorer la surveillance des impacts de la COVID-19 sur les enfants et les adolescents dans l'ensemble du Canada. En tant que nouvelle menace pour la santé publique, l'épidémiologie de la COVID-19 était très peu connue, en particulier son impact sur les enfants et les adolescents. Dans le mois qui a suivi la déclaration de la pandémie de COVID-19 par l'Organisation mondiale de la Santé (4), le niveau de détail de la collecte de données du PCSP a été considérablement augmenté et la fréquence de collecte des données est passée de mensuelle à hebdomadaire. Par la suite, lorsque les prestataires de soins de santé ont commencé à voir des patients atteints d'une nouvelle affection appelée syndrome inflammatoire multisystémique de l'enfant (SIME), la souplesse des outils de collecte de données du PCSP a permis

l'adaptation rapide nécessaire pour recueillir des informations détaillées sur ce nouveau syndrome. La flexibilité et le volume de la collecte de données ont été considérablement accrus grâce aux technologies innovantes de données Web du RCRSP, qui ont permis de créer des instruments d'enquête longs et complexes, en anglais et en français, distribués via le système cyber-PCSP du RCRSP. Données Web a permis la collecte et l'extraction des données ainsi que l'analyse des informations collectées selon un cycle hebdomadaire. La flexibilité a également permis aux participants de signaler des cas observés au cours des semaines précédentes qui n'avaient pas encore fait l'objet d'un rapport. Ces adaptations rapides ont permis au PCSP de lancer trois études en une pour caractériser les facteurs de risque de maladie grave dans les cas hospitalisés de COVID-19 aiguë chez les enfants et les adolescents, les cas non hospitalisés de COVID-19 aiguë et de maladies chroniques comorbides, ainsi que le SIME, temporellement associé à la COVID-19. Ces adaptations ont renforcé la préparation et la capacité du PCSP à réagir rapidement aux problèmes de santé émergents, actuels et futurs, y compris les vagues ultérieures de COVID-19 (5).

## Le programme canadien de surveillance pédiatrique

Créé en 1996 en tant que programme conjoint entre l'Agence de la santé publique du Canada et la Société canadienne de pédiatrie, le PCSP recueille activement des données auprès d'environ 2 800 pédiatres et pédiatres avec surspécialité au Canada, représentant une population pédiatrique de plus de sept millions d'enfants et d'adolescents canadiens. Cela permet au PCSP de jouer un rôle important dans le soutien et la coordination de la surveillance nationale de la santé publique, de la recherche et de la sensibilisation aux troubles de l'enfance qui, malgré leur faible fréquence, ont un impact important sur le handicap, la morbidité et les coûts économiques pour la société.

Il est important de noter que cela permet également au PCSP de participer en tant qu'unité de surveillance pédiatrique internationale, en s'engageant dans l'échange international de connaissances sur quatre continents par le biais du réseau international d'unités de surveillance pédiatrique. La collaboration internationale est essentielle pour l'étude des maladies rares et ultra-rares, ainsi que pour la compréhension et le suivi des nouvelles menaces pour la santé publique, comme cela a été démontré lors de l'apparition du syndrome du Zika congénital et, plus récemment, lors de la pandémie de COVID-19.



Historiquement, voici quelques exemples importants des contributions du PCSP :

- Saisir les événements indésirables graves liés à la consommation récréative de cannabis chez les enfants et les adolescents, suite à la légalisation du cannabis au Canada fin 2018. L'étude a révélé que des dommages importants sont causés par des expositions involontaires chez les jeunes enfants par l'ingestion de produits comestibles. Ces résultats soulignent la nécessité urgente de garder ces produits hors des mains de nos plus jeunes citoyens et ont inspiré la réponse de la Société canadienne de pédiatrie à l'examen législatif de la loi sur le cannabis (6).
- Recueillir des données pour démontrer que, bien qu'il soit prouvé que les ceintures de sécurité sauvent des vies, si elles sont mal portées, elles peuvent entraîner le syndrome de la ceinture de sécurité et causer des blessures graves, y compris une paralysie permanente (7).
- La collecte de données sur le rachitisme — une affection qui, bien que tout à fait évitable, reste un problème de santé mondial chez les enfants, même dans les pays développés comme le Canada (8).
- La collecte de données a conduit à la création de lignes directrices cliniques nationales pour les pédiatres et les autres professionnels de la santé de l'enfant sur la prise en charge de l'hyperbilirubinémie sévère, stimulant un changement de pratique qui a finalement amélioré les résultats pour les enfants et les adolescents à travers le Canada (9).

## Le réseau canadien d'information sur la santé publique

Créé en 2004 à la suite des enseignements tirés de la pandémie de SRAS, le RCRSP est une plateforme sécurisée d'informatique scientifique de santé publique et de biosurveillance basée sur le Web, qui dessert actuellement un grand nombre d'utilisateurs issus d'un large éventail de disciplines de santé publique au sein d'agences fédérales, provinciales et territoriales dans l'ensemble du Canada. Un large éventail d'applications et d'outils spécialisés permet de répondre aux besoins de surveillance et d'analyse, d'échange de données et de recherche, d'alerte et de production de renseignements. En outre, les technologies du Centre de collaboration du RCRSP soutiennent la coordination, la collaboration et l'échange de connaissances entre les différents groupes nationaux afin de faciliter la prise de décision, la recherche et la mise en œuvre des programmes. La technologie de données Web du Réseau canadien d'information en santé publique est disponible dans la suite d'outils du Centre de collaboration sur la plateforme du RCRSP et s'est avérée être une technologie agile et flexible qui répond aux besoins de collecte rapide de données. Il offre une interface intuitive qui permet aux utilisateurs du secteur de la santé publique de créer des champs de données de différents types afin de faciliter la collecte de données par le biais d'enquêtes, de questionnaires

ou la création de bases de données *ad hoc* pour répondre aux besoins spécifiques des programmes de santé publique. Les données Web peuvent également être utilisées pour répondre à des besoins de collecte de données plus complexes, avec le soutien de l'équipe du RCRSP.

Le RCRSP, qui fait partie de la Direction générale du laboratoire national de microbiologie de l'Agence de la santé publique du Canada, reconnaît l'importance fondamentale des partenariats de collaboration établis avec les professionnels de la santé publique dans le cadre d'un large éventail de programmes et de disciplines. Toutes les applications et les améliorations connexes sont développées en étroite collaboration avec les experts des programmes de santé publique, afin de garantir que les solutions informatiques développées répondent à leurs besoins en constante évolution. Les partenariats sont soutenus et entretenus au fil du temps, ce qui permet une compréhension continue de la vision d'un programme. À son tour, cette connaissance détaillée favorise directement la préparation et la capacité d'adaptation à l'évolution des besoins liés aux menaces émergentes ou réémergentes pour la santé publique.

## Adaptabilité des technologies de données Web dans différents contextes

Les données Web du RCRSP ont continué à évoluer, bénéficiant des progrès technologiques et de l'expérience acquise en soutenant les acteurs de la santé publique dans diverses disciplines pendant un certain nombre d'années et dans diverses conditions. Les données Web sont une technologie disponible sur la plateforme du RCRSP, conçue pour atténuer les défis liés à la collecte agile de données pendant les épidémies. Il fournit un mécanisme permettant aux utilisateurs non techniques de déployer rapidement un système sécurisé basé sur le Web pour gérer les données et entreprendre des analyses et des rapports ultérieurs. Développées en 2008 par le RCRSP, les données Web ont été mises à l'épreuve pour la première fois, et leur efficacité a été évaluée, en partenariat avec les autorités de santé publique en 2009 en réponse à la pandémie de grippe H1N1, au cours de laquelle des avantages et des capacités significatifs ont été réalisés (10).

Par ailleurs, dans le contexte de la pandémie de grippe H1N1 de 2009, les données Web ont fait preuve d'une capacité d'adaptation rapide pour la collecte et l'analyse des données en réponse à la détection du virus de la grippe H1N1 chez les porcs. Dans ce cas, le RCRSP a travaillé en partenariat avec le Réseau canadien de surveillance zoonositaire (RCSZ) de l'Agence canadienne d'inspection des aliments. Le RCRSP et le RCSZ ont entrepris des adaptations rapides et ont rapidement commencé à collecter des données auprès des laboratoires fédéraux, provinciaux et universitaires de santé animale dans tout le Canada, à un moment où l'on ne connaissait pas encore l'impact de la grippe H1N1 (grippe porcine) en tant que menace pour la santé animale, ni sa transmissibilité entre les espèces (11).



En collaboration avec des chercheurs et des institutions de protection de l'enfance, le RCRSP a également utilisé les données Web pour étudier la faisabilité et les avantages de l'extraction d'une valeur ajoutée en matière de surveillance à partir des données administratives de la protection de l'enfance, en codant les catégories de maltraitance des enfants. Des questionnaires des données Web ont été utilisés pour analyser et évaluer la fiabilité et le degré d'accord avec lequel les individus ont codé des catégories spécifiques de maltraitance des enfants. Les résultats ont montré que le codage des informations contenues dans les dossiers de protection de l'enfance présentait un bon potentiel de valeur ajoutée pour une surveillance plus large de la maltraitance des enfants, afin de soutenir la recherche, l'élaboration de politiques et la prise de décision (12).

Afin de tirer parti des capacités améliorées de surveillance et d'intervention en matière de santé publique offertes par les appareils mobiles et les capteurs de terrain, le RCRSP a travaillé en partenariat avec Santé Canada, la Direction générale de la santé des Premières nations et des Inuits (région de l'Alberta) et le Sunnybrook Research Institute dans le cadre d'un projet intitulé « CNPHI on the Go » (le RCRSP sur le pouce). Cette initiative a appliqué avec succès les technologies de données Web pour permettre la collecte et l'analyse des données ainsi que la communication bidirectionnelle entre l'environnement mobile et la plateforme du RCRSP (13), une capacité qui présente de nombreux avantages.

Avec l'arrivée de la pandémie de COVID-19 au Canada, il était urgent d'adapter rapidement les outils de collecte de données existants utilisés par le PCSP afin de mettre en œuvre la surveillance des cas émergents de COVID-19 chez les enfants et les adolescents vus par les praticiens en pédiatrie.

### Intervention

Le système cyber-PCSP du RCRSP, en place avant l'apparition de la pandémie de COVID-19, proposait deux types d'instruments de collecte de données. Il s'agit d'enquêtes de type 1, conçues pour des réponses mensuelles uniques en vue de la collecte de données liées à des études établies entreprises par des chercheurs du PCSP, et d'enquêtes de type 2, conçues pour des réponses uniques à des demandes d'informations *ad hoc* non liées à des études spécifiques. Avec l'émergence de la pandémie de COVID-19 au début de l'année 2020, le PCSP a dû modifier de toute urgence ses outils de collecte de données afin d'augmenter la fréquence et la flexibilité de la collecte de données. S'appuyant sur leur relation de travail établie, le RCRSP et le PCSP ont travaillé ensemble pour améliorer le système de collecte de données du PCSP sur le RCRSP, en tirant parti de la technologie agile des données Web du RCRSP.

Au début de l'intervention, on en savait très peu sur l'impact potentiel des maladies liées à la COVID-19 chez les enfants et les adolescents. Compte tenu de la nature inconnue de la menace

émergente pour la santé publique, le PCSP devait se concentrer sur la collecte d'informations générales utiles à la surveillance, et ce à une fréquence beaucoup plus élevée. Reconnaisant la nécessité de commencer la collecte de données sans délai, le RCRSP et le PCSP ont travaillé ensemble pour mettre en place un processus innovant de collecte rapide de données, en anticipant pleinement le besoin de flexibilité pour faire face aux défis et aux adaptations inconnus.

En utilisant le concepteur d'enquêtes interactives intégré à la technologie de données Web, une enquête de type 3 a été élaborée en quelques jours, permettant aux participants de répondre à plusieurs reprises afin d'obtenir des rapports hebdomadaires sur les cas émergents de COVID-19. Les enquêtes de type 3 étaient nettement plus longues et plus complexes, conçues pour permettre la collecte simultanée d'informations plus détaillées, telles que des données démographiques, épidémiologiques, microbiologiques et cliniques, y compris les comorbidités des cas identifiés. Malgré leur longueur et leur complexité, les enquêtes de type 3 devaient rester suffisamment souples pour permettre d'améliorer leur contenu et de s'adapter à des détails encore imprévus au début de la pandémie, tel que le SIME.

Une fois la collecte des données en cours, le RCRSP a entrepris d'améliorer rapidement l'application des données Web pour tenir compte de la longueur des enquêtes de type 3 (des centaines de questions), des non-réponses et des réponses multiples des participants individuels. Le générateur de formulaires dynamiques et interactifs a permis une collecte de données polyvalente en offrant une grande variété de champs de réponse tels que des listes de sélection, des champs de date, du texte libre et des menus déroulants, par exemple. Cette polyvalence était d'une importance fondamentale pour la collecte des informations nécessaires à la surveillance, en produisant des champs de données pour soutenir les requêtes et l'analyse des réponses à l'enquête.

Les données Web ont également permis une adaptabilité permanente pour tenir compte des ajustements découlant de l'évolution des définitions de cas ou du retour d'information reçu. Avec la possibilité de produire les enquêtes en anglais et en français, l'adaptabilité a également permis d'ajuster les termes traduits afin de maintenir la précision, la cohérence et la clarté tout au long du processus.

Il est important de noter que le service de données Web est intuitif et convivial. Grâce à l'expérience partagée et aux enseignements tirés de la mise en œuvre rapide des enquêtes de type 3, le RCRSP et le PCSP ont travaillé à la création d'enquêtes de type 4. S'appuyant sur l'expertise et la confiance acquises par les chercheurs et le personnel du PCSP, les enquêtes de type 4 ont donné naissance à une capacité interne de conception, de déploiement et de gestion de la collecte de données spécifiques à une étude ciblée ou à des cas signalés. Cela a encore renforcé



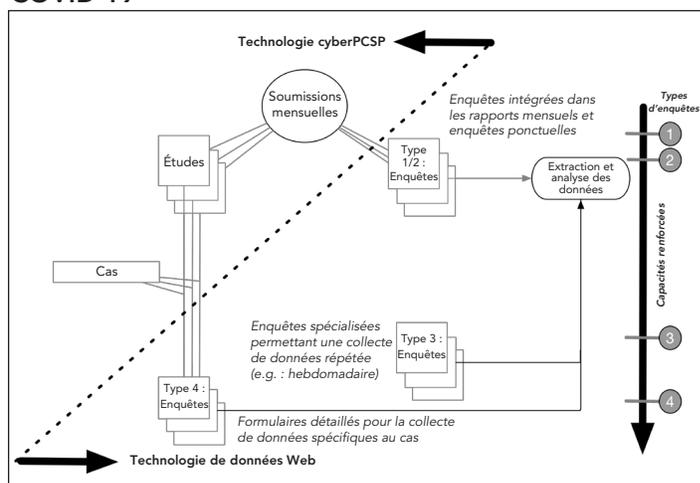
la préparation et la souplesse du PCSP pour s'adapter aux questions émergentes et mettre en œuvre des études rapides, tout en fournissant un instrument de collecte de données détaillé pour faire progresser la recherche et la production de renseignements. L'enquête de type 4 est actuellement utilisée par le PCSP pour recueillir des données sur une conséquence involontaire et rapide des premières hospitalisations de patients souffrant d'anorexie mentale depuis l'arrivée de la COVID-19 (14). Le **tableau 1** ci-dessous résume les caractéristiques et les objectifs des quatre types d'enquêtes et le **figure 1** illustre les améliorations apportées au système cyber-PCSP du RCRSP en réponse à la COVID-19. Les enquêtes de type 4 soutiennent désormais toutes les nouvelles études entreprises par le PCSP, toutes les données étant collectées en ligne.

**Tableau 1 : Résumé des améliorations apportées aux instruments de collecte de données du Programme canadien de surveillance pédiatrique en réponse au COVID-19**

Type d'enquête	Réponses des participants	Fréquence	Objectifs
<b>Instruments de collecte de données du PCSP avant COVID-19</b>			
Type 1	Singulier	Mensuel	Collecte de données pour des études de recherche établies
Type 2	Singulier	<i>Ad hoc</i>	La collecte de données n'est pas liée à des études de recherche établies
<b>Amélioration des instruments de collecte de données du PCSP en réponse au COVID-19</b>			
Type 3	Multiple	Une fois par semaine	Collecte de données longues et détaillées sur les cas COVID-19, adaptable aux changements de définition des cas, aux retours d'information reçus et à l'évolution de la terminologie en anglais et en français
Type 4	Par cas	Par cas	Mettre en place une capacité et une préparation internes pour concevoir, déployer et gérer une collecte de données détaillée pour chaque cas rapporté dans une étude donnée

Abréviations : COVID-19, maladie à coronavirus 2019; PCSP, Programme canadien de surveillance pédiatrique

**Figure 1 : Représentation des améliorations apportées au système en ligne du Programme canadien de surveillance pédiatrique sur le RCRSP en réponse à COVID-19**



Abréviations : PCSP, Programme canadien de surveillance pédiatrique

## Résultats

La création et le déploiement des enquêtes de type 3 se sont déroulés rapidement, permettant au PCSP de lancer une surveillance détaillée des cas de COVID-19 dès le 8 avril 2020, moins d'un mois après que l'Organisation mondiale de la Santé a déclaré la pandémie de COVID-19. Au fur et à mesure de l'évolution de la pandémie, de nombreuses adaptations et modifications des enquêtes de type 3 ont été réalisées avec succès pour répondre à l'évolution des besoins. En mai 2020, avec l'arrivée du SIME, qui était une nouvelle pathologie associée temporellement à la COVID-19, les chercheurs du PCSP ont pu rapidement pivoter et adapter l'outil d'enquête pour saisir des informations essentielles sur cette nouvelle pathologie.

Il est important de noter que les adaptations apportées au système du PCSP sur le RCRSP ont également permis au PCSP d'être en mesure de répondre rapidement à l'évolution des besoins en matière de surveillance. Les chercheurs de l'étude ont désormais accès aux données en ligne, qui sont beaucoup plus complètes que les données collectées au moyen des formulaires papier. En outre, en réponse aux cas signalés, le PCSP peut désormais répondre par un questionnaire en ligne au médecin déclarant le jour même ou le lendemain, ce qui constitue une amélioration considérable des délais par rapport au questionnaire envoyé par la poste qui pouvait prendre une semaine pour parvenir au médecin déclarant. Cet effort global est devenu un point de départ pour les enquêtes de type 4, ce qui a permis à la PCSP d'être préparée et confiante pour progresser vers une gestion autonome des outils de collecte et d'analyse des données offerts par les technologies de données Web sur la plateforme du RCRSP et d'être prête à les appliquer à l'avenir, lorsque le besoin s'en fera sentir.



Le service de données Web a fourni un environnement agile pour soutenir le développement rapide d'enquêtes comme moyen de collecte de données détaillées. Le générateur de formulaires interactifs offrait une flexibilité suffisante en matière de champs de données pour répondre à la complexité et à la longueur des enquêtes, tout en conservant la possibilité d'apporter des modifications et des améliorations au fil du temps, en anglais et en français. Les capacités d'extraction et d'analyse des données Web ont permis d'optimiser la valeur de la surveillance à partir des données collectées.

## Discussion

Le partenariat de longue date entre le RCRSP et le PCSP a permis de créer un environnement familier, fruit d'une longue collaboration. Une connaissance commune des outils et stratégies de surveillance existants du PCSP a permis aux partenaires de se concentrer immédiatement sur les adaptations nécessaires à la mise en œuvre d'une réponse de surveillance opportune face à une nouvelle menace pour la santé publique. Ceci, ainsi que la disponibilité immédiate de la technologie agile de données Web, a permis d'atteindre l'objectif de permettre au PCSP de s'adapter et de réagir en temps voulu pour caractériser les impacts de la COVID-19 sur les enfants et les jeunes du Canada.

D'importants aspects non techniques ont contribué à l'agilité de cette réponse. La logique voudrait que, face à une menace émergente pour la santé publique, ce ne soit pas le bon moment pour commencer à connaître le rôle et la fonction de ses principaux partenaires. Ce sentiment se reflète clairement dans les discussions qui cherchent à définir les éléments de la préparation et de la résilience. En tant que programme dédié à l'excellence dans la fourniture de solutions informatiques scientifiques en santé publique à travers un large éventail de disciplines de santé publique, le RCRSP accorde une importance fondamentale aux partenariats de collaboration en les plaçant au cœur de sa philosophie. Alors que les enquêtes de type 3 ont été déployées et que la collecte de données est en cours, la pandémie n'en est encore qu'à son premier mois. Pour se préparer à l'inconnu qui les attend, les partenaires se sont appuyés sur leur expérience pour mettre en place une capacité interne de conception, de déploiement et de gestion d'enquêtes de type 4 à l'aide du service de données Web, améliorant ainsi leur préparation et leur agilité à répondre à l'imprévu.

## Limites

Une proportion décroissante de la communauté des participants du PCSP n'est pas encore passée à la déclaration électronique via le système du PCSP sur le RCRSP. Par conséquent, un système sur papier est encore maintenu pour certains participants, ce qui demande du temps et des efforts supplémentaires au PCSP en termes de collecte, d'extraction et d'analyse des données.

Toutefois, comme avantage indirect, les méthodes d'envoi ayant également été affectées par les restrictions liées à la pandémie et les fermetures de bureaux, de nombreux participants restés sur papier ont choisi de passer à la déclaration électronique. Aujourd'hui, moins de 100 participants, sur environ 2 800, utilisent encore le système de déclaration sur papier, ce qui représente une baisse considérable par rapport à la période précédant la pandémie.

Avec la collecte électronique des données via le service de données Web, des mesures d'assurance qualité ont été nécessaires pour identifier et traiter les réponses en double dans certains cas. En outre, bien que le PCSP ait atteint un niveau de confort pour la gestion et le déploiement d'enquêtes de type 4 utilisant des données Web, les chercheurs et les membres de la communauté médicale devront encore parvenir à un consensus sur la conception des enquêtes et des études en ce qui concerne les nouveaux sujets de préoccupation. Enfin, la création d'enquêtes détaillées dans plus d'une langue nécessite de veiller à l'exactitude et à la cohérence des termes traduits, en particulier dans le contexte d'une maladie infectieuse émergente dont les effets sont encore inconnus, car la terminologie et les définitions de cas peuvent varier.

## Conclusion

Avec l'arrivée d'une nouvelle menace pour la santé publique dont les répercussions sont encore inconnues, le RCRSP et le PCSP ont tiré parti de leur partenariat de longue date pour apporter des améliorations rapides et complexes aux instruments de collecte de données existants, ce qui a permis au PCSP de s'adapter avec succès et de commencer à caractériser les répercussions de la COVID-19 sur les enfants et les jeunes du Canada, moins d'un mois après la déclaration de la pandémie par l'Organisation mondiale de la Santé. On ne saurait trop insister sur l'importance stratégique de ce partenariat établi de longue date, qui constitue un élément clé contribuant à la rapidité et à la souplesse de cette réponse.

La technologie innovante de données Web du RCRSP s'est révélée agile, adaptable et robuste, permettant la création rapide d'enquêtes longues et complexes pour la collecte de données et l'extraction et l'analyse ultérieures des données collectées.

Les technologies innovantes et les partenariats établis se sont révélés être des éléments importants de la préparation face à une nouvelle menace pour la santé publique.

## À propos des auteurs

S. M., M. L. et le C. T. ont collaboré à la conceptualisation, à la rédaction et à la révision de ce document.

## Intérêts concurrents

Aucun.



## Remerciements

Les auteurs souhaitent remercier l'Agence de la santé publique du Canada et les participants au Programme canadien de surveillance pédiatrique pour leur contribution. Nous tenons également à remercier L. Pineda, B. Micholson, T. Huynh et le reste de l'équipe du Réseau canadien d'information en santé publique.

## Financement

Aucun.

## Références

1. Khan Y, O'Sullivan T, Brown A, Tracey S, Gibson J, Génereux M, Henry B, Schwartz B. Public health emergency preparedness: a framework to promote resilience. *BMC Public Health* 2018;18(1):1344. [DOI PubMed](#)
2. Mukhi SN, Thibodeau ML, Szijarto B. An innovative web based system for reporting rare diseases in paediatrics. *Online J Public Health Inform* 2015;7(2):e215. [DOI PubMed](#)
3. Morris SK, Farrar DS, Miller SP, Ofner M, Bitnun A, Nelson CR, Shevell M, Moore AM, Tataryn J, Evans JA, Zipursky AR, Moore Hepburn C. Population-based surveillance of severe microcephaly and congenital Zika syndrome in Canada. *Arch Dis Child* 2021;106(9):855–61. [DOI PubMed](#)
4. World Health Organization. WHO Director-General's opening remarks at the media briefing on COVID-19, 11 March, 2020. Geneva (CH): WHO; 2020. <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19---11-march-2020>
5. Drouin O, Hepburn CM, Farrar DS, Baerg K, Chan K, Cyr C, Donner EJ, Embree JE, Farrell C, Forgie S, Giroux R, Kang KT, King M, Laffin M, Luu TM, Orkin J, Papenburg J, Pound CM, Price VE, Purewal R, Sadarangani M, Salvadori MI, Top KA, Viel-Thériault I, Kakkar F, Morris SK; Canadian Paediatric Surveillance Program COVID-19 Study Team. Characteristics of children admitted to hospital with acute SARS-CoV-2 infection in Canada in 2020. *CMAJ* 2021;193(38):E1483–93. [DOI PubMed](#)
6. Canadian Paediatric Society. A Review of the Cannabis Act: Written Submission from the Canadian Paediatric Society. Ottawa, ON: CPS; 2022. [https://cps.ca/uploads/advocacy/CPS\\_Submission.Cannabis\\_Act\\_Review\\_Final\\_.pdf](https://cps.ca/uploads/advocacy/CPS_Submission.Cannabis_Act_Review_Final_.pdf)
7. Santschi M, Lemoine C, Cyr C. The spectrum of seat belt syndrome among Canadian children: results of a two-year population surveillance study. *Paediatr Child Health* 2008;13(4):279–83. [DOI PubMed](#)
8. Ward LM, Gaboury I, Ladhani M, Zlotkin S. Vitamin D-deficiency rickets among children in Canada. *CMAJ* 2007;177(2):161–6. [DOI PubMed](#)
9. Sgro M, Kandasamy S, Shah V, Ofner M, Campbell D. Severe Neonatal Hyperbilirubinemia Decreased after the 2007 Canadian Guidelines. *J Pediatr* 2016;171:43–7. [DOI PubMed](#)
10. Mukhi SN, Chester TL, Klaver-Kibria JD, Nowicki DL, Whitlock ML, Mahmud SM, Louie M, Lee BE. Innovative technology for web-based data management during an outbreak. *Online J Public Health Inform* 2011;3(1):ojphi.v3i1.3514. [DOI PubMed](#)
11. Kloeze H, Mukhi SN, Alexandersen S. Swine influenza test results from animal health laboratories in Canada. *Can Vet J* 2013;54(5):501–3. [PubMed](#)
12. Tonmyr L, Shields M, Asokumar A, Hovdestad W, Laurin J, Mukhi S, Burnside L. Can coders abstract child maltreatment variables from child welfare administrative data and case narratives for public health surveillance in Canada? *Child Abuse Negl* 2019;92:77–84. [DOI PubMed](#)
13. Mukhi S, Dhiravani K, Micholson B, Yan L, Hatchard J, Mubareka S, Bergeron C, Beattie T. An innovative mobile data collection technology for public health in a field setting. *Online J Public Health Inform* 2018;10(2):e202. [DOI PubMed](#)
14. Katzman DK, Vyver E. First-time hospitalizations for anorexia nervosa during the COVID-19 pandemic. Ottawa, ON: CPSP; 2023. <https://cpsp.cps.ca/surveillance/study-etude/first-time-hospitalizations-for-anorexia-nervosa-during-the-covid-19-pandemic>



# Gravité relative de la pandémie au Canada et dans quatre pays homologues pendant la pandémie de SRAS-CoV-2

Amy Peng<sup>1</sup>, Alison Simmons<sup>1</sup>, Afia Amoako<sup>1</sup>, Ashleigh Tuite<sup>1,2</sup>, David Fisman<sup>1\*</sup>

## Résumé

**Contexte :** Les réponses nationales à la pandémie de coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2) ont été très variables. Nous avons cherché à étudier l'efficacité de la réponse du Canada à la pandémie jusqu'en mai 2022 par rapport aux réponses de quatre pays pairs ayant des systèmes politiques, économiques et de santé similaires, et ayant des liens historiques et culturels étroits avec le Canada.

**Méthodes :** Nous avons utilisé les données sur la mortalité selon l'âge rapportées pour générer des estimations de la mortalité liée à la pandémie standardisées pour la population canadienne. Les probabilités de létalité, d'hospitalisation et d'admission en soins intensifs spécifiques à l'âge pour la province canadienne de l'Ontario ont été appliquées aux décès estimés, afin de calculer les hospitalisations et les admissions en soins intensifs évitées grâce à la réponse canadienne. Les effets sur la santé ont été évalués à la fois en termes monétaires et en termes de perte d'années de vie corrigées de la qualité.

**Résultats :** Nous avons estimé que la réponse du Canada à la pandémie a permis d'éviter 94 492, 64 306 et 13 641 décès par rapport aux réponses des États-Unis, du Royaume-Uni et de la France, respectivement, et plus de 480 000 hospitalisations par rapport aux États-Unis. La réponse des États-Unis à la pandémie, si elle avait été appliquée au Canada, aurait entraîné plus de 40 milliards de dollars de pertes économiques dues aux dépenses de santé et aux années de vie ajustées en fonction de la qualité perdues. En revanche, une réponse australienne à la pandémie appliquée au Canada aurait permis d'éviter plus de 28 000 décès supplémentaires et de réduire les coûts de près de 9 milliards de dollars.

**Conclusion :** Le Canada a surpassé plusieurs pays homologues qui visaient à atténuer le SRAS-CoV-2 au cours des deux premières années de la pandémie, avec un nombre considérable de vies sauvées et des coûts économiques évités. Toutefois, une comparaison avec l'Australie a montré qu'une stratégie d'élimination aurait permis au Canada d'épargner des dizaines de milliers de vies et des coûts économiques substantiels.

**Citation proposée :** Peng A, Simmons AE, Amoako A, Tuite AR, Fisman DN. Gravité relative de la pandémie au Canada et dans quatre pays homologues pendant la pandémie de SRAS-CoV-2. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2023;49(5):221–30. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v49i05a05f>

**Mots-clés :** Canada, gravité de la pandémie, SRAS-CoV-2, normalisation, économie de la santé, santé publique

## Introduction

La pandémie mondiale de coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2) a eu des conséquences redoutables sur la mortalité, l'espérance de vie et la santé de la population au niveau mondial, mais tous les pays n'ont pas été touchés de la même manière. Les raisons de cette hétérogénéité ne sont que partiellement comprises. La structure

de l'âge de la population est un facteur clé de la gravité du SRAS-CoV-2 (1,2); toutefois, les pays où la répartition des âges est plus élevée (comme le Japon) ont été moins gravement touchés que leurs homologues à revenu élevé (3). L'accent mis au début par le Japon sur la nature aérienne du SRAS-CoV-2 et l'acceptation généralisée du port du masque ont peut-être

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



## Affiliations

<sup>1</sup> Dalla Lana School of Public Health, Université de Toronto, Toronto, ON

<sup>2</sup> Agence de santé publique du Canada, Ottawa, ON

## \*Correspondance :

[david.fisman@utoronto.ca](mailto:david.fisman@utoronto.ca)



également été d'importants facteurs d'atténuation (3,4). Une forte hétérogénéité de la gravité a été observée dans les pays qui ont des structures d'âge similaires, mais qui ont été lents à reconnaître la transmission aérienne du SRAS-CoV-2.

La différence de gravité de la pandémie entre le Canada et les États-Unis en est un bon exemple : il s'agit de deux démocraties fédérales riches, dotées de systèmes de soins médicaux avancés. Dans les deux pays, la pandémie de maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) a eu un impact majeur sur la santé de la population et l'économie. Les similitudes et les différences entre les systèmes de santé des deux pays ont fait des comparaisons transnationales une source importante d'informations sur les forces et les faiblesses de leurs systèmes de santé respectifs (5). Au cours de la pandémie de COVID-19, le nombre de cas et de décès par habitant a été nettement plus élevé aux États-Unis qu'au Canada (6). L'Australie représente un autre pair raisonnable pour le Canada à des fins de comparaison. L'Australie est similaire au Canada en termes de revenus, de culture et de gouvernance, mais elle a mis en œuvre des mesures plus strictes de lutte contre la pandémie et, par conséquent, la mortalité pandémique due au SRAS-CoV-2 par habitant était beaucoup plus faible en mai 2022 (7). Le Royaume-Uni et la France partagent des liens économiques, culturels et historiques avec le Canada (en tant que centres du Commonwealth britannique et de la Francophonie, qui englobent tous deux le Canada) et peuvent également constituer des pays de comparaison appropriés.

Dans la sphère publique canadienne, le débat sur la politique de lutte contre la pandémie a souvent porté sur la question de savoir si l'approche du Canada en matière de contrôle des maladies aurait dû être plus ou moins stricte. Partant du principe que les différences de résultats sont au moins en partie dues à la politique plutôt qu'aux actions et aux choix indépendants des individus, nous avons cherché à explorer les différences de résultats que le Canada aurait connues au cours des deux premières années de la pandémie de SRAS-CoV-2 s'il avait suivi la voie tracée par les États-Unis, le Royaume-Uni, la France ou l'Australie. Nous avons déjà effectué une telle analyse en mars 2021, avec une comparaison limitée au Canada et aux États-Unis (6). Bien que notre objectif ne soit pas d'effectuer une analyse coût-utilité officielle de la réponse du Canada à la pandémie par rapport aux réponses de ces pays pairs, la question des coûts évités ou des coûts excédentaires accumulés, à la fois en raison des hospitalisations et des pertes de vie prématurées, est importante, et nous avons incorporé des évaluations simples de ces quantités dans notre analyse. Celles-ci pourraient contribuer à éclairer les futures analyses coût-utilité sur cette question.

## Méthodes

Nous avons obtenu les estimations nationales des décès attribués à la COVID-19 auprès de l'Agence de santé publique du Canada et des autorités sanitaires nationales des États-Unis, du Royaume-Uni, de la France et de l'Australie jusqu'à la fin du mois d'avril ou au début du mois de mai 2022, selon les données disponibles (7–11). Nous avons choisi ces pays comme pays de comparaison parce qu'ils sont tous des pays à revenu élevé dotés de systèmes de santé avancés et qu'ils ont tous des liens culturels, politiques et historiques étroits avec le Canada et des similitudes avec lui. Sur ces cinq pays, tous sauf l'Australie (12,13) ont cherché à atténuer plutôt qu'à éliminer le SRAS-CoV-2 au cours des deux premières années de la pandémie. Certaines provinces et certains territoires canadiens, notamment les provinces de l'Atlantique et les territoires du Nord (14) ont parfois poursuivi l'élimination. Les estimations de population ont été obtenues auprès des agences nationales de recensement pour tous les pays (15–19). Nous avons calculé le nombre de décès par excès ou par déficit qui aurait été attendu au Canada selon les approches employées dans les pays pairs en utilisant la normalisation directe (20). Comme les données sur les décès dans les pays ont été rapportées en utilisant des groupes d'âge légèrement différents, nous avons réattribué les décès canadiens pour refléter la distribution des décès dus au SRAS-CoV-2, par tranches d'âge de deux ans, en raison de la disponibilité des données dans la province de l'Ontario (disponibles jusqu'au 18 janvier 2022). On a supposé que les décès étaient également répartis entre les années dans chaque catégorie de deux ans. Les ratios standardisés de mortalité (RSM) pour le Canada, par rapport aux autres pays, ont été estimés en divisant les décès observés par les décès attendus (i.e. les décès qui seraient survenus avec une réponse équivalente à celle des États-Unis, du Royaume-Uni, de la France ou de l'Australie). Les limites de confiance à 95 % pour les RSM ont été calculées en estimant les erreurs types comme  $(1/A+1/B)^{1/2}$ , où A et B sont les nombres de décès dans chacun des deux pays pairs, comme décrit précédemment (20).

Les décès observés ont été soustraits des décès attendus pour calculer les décès évités. Nous avons divisé les décès évités par les estimations de létalité par âge de l'Ontario pour estimer les cas évités. Nous avons appliqué les risques d'admission à l'hôpital et en soins intensifs spécifiques à l'âge, dérivés des données de cas de l'Ontario, pour calculer les admissions à l'hôpital et en soins intensifs évitées. Nous avons attribué une valeur monétaire aux hospitalisations et aux admissions en unité de soins intensifs (USI) évitées en nous basant sur les estimations de coûts canadiennes générées par l'Institut canadien d'information sur la santé (21). L'approche de Briggs *et al.*, modifiée pour le contexte canadien par Kirwin *et al.*, a été utilisée pour estimer les années de vie ajustées en fonction de la qualité (AVAQ) perdues pour les décès survenant dans chaque groupe d'âge (22,23). Nous avons monétisé les AVAQ perdues évitées en appliquant l'approche du bénéfice net



attendu, les AVAQ étant évaluée à 30 000 \$ selon Kirwin *et al.* (23). Nous avons comparé la rigueur des réponses à la pandémie en utilisant l'indice de rigueur pandémique de « l'Oxford Government Coronavirus Response Tracker » (24). La rigueur a été représentée graphiquement en fonction du temps et les différences de rigueur entre le Canada et les autres pays ont été évaluées à l'aide du test de Wilcoxon sur la somme des rangs. Toutes les [données d'entrée](#) sont accessibles au public.

## Résultats

En mai 2022, le nombre de décès liés au SRAS-CoV-2 par habitant était moins élevé au Canada qu'aux États-Unis dans tous les groupes d'âge, avec un RSM significativement inférieur à un pour tous les groupes d'âge au Canada. Une tendance similaire a été observée lorsque le Canada a été comparé au Royaume-Uni, sauf chez les enfants âgés de 0 à 14 ans, pour lesquels il n'y avait pas de différence significative entre les deux pays (RSM de 1,02, IC à 95 % : 0,67–1,55). Par rapport à la France, le Canada

a enregistré beaucoup moins de décès par habitant chez les adultes âgés de 40 à 89 ans, plus de décès que la France chez les personnes âgées de 20 à 29 ans et de 90 ans et plus, et aucune différence chez les personnes âgées de moins de 20 ans. Par rapport à l'Australie, le Canada a enregistré un nombre significativement plus élevé de décès liés au SRAS-CoV-2 par habitant dans tous les groupes d'âge, à l'exception des enfants de 10 à 19 ans, où les différences n'étaient pas significatives (RSM de 2,24, IC à 95 % : 0,81–6,16) ([tableau 1](#)).

En comparaison avec les réponses des États-Unis, du Royaume-Uni et de la France au SRAS-CoV-2, nous avons estimé que la réponse du Canada a permis d'éviter 94 492 décès (IC à 95 % : 93 593–95 360), 64 306 (IC à 95 % : 63 394–65 189) et 13 641 (IC à 95 % : 12 489–14 735) respectivement. En revanche, une réponse australienne appliquée au Canada aurait permis de sauver 28 400 (IC à 95 % : 26 097–30 939) vies du nombre total de Canadiens (n = 40 278) qui avaient été perdues à cause du SRAS-CoV-2 en mai 2022 ([tableau 2](#)).

**Tableau 1 : Ratios standardisés de mortalité pour les deux premières années de la pandémie de SRAS-CoV-2 dans les pays pairs par rapport au Canada**

Groupe d'âge (années)	Décès	Population	Mortalité cumulée pour 1 000	Décès attendus, population canadienne	Décès observés au Canada <sup>a</sup>	Ratio standardisé de mortalité	IC à 95 %
<b>États-Unis</b>							
0 à 17 ans	1 045	73 284 400	0,01	103,42	37	0,35	0,25–0,49
18 à 29 ans	6 257	52 870 600	0,12	700,11	136	0,19	0,16–0,23
30 à 39 ans	18 148	43 375 000	0,42	2 244,47	315	0,14	0,13–0,16
40 à 49 ans	42 961	39 929 000	1,08	5 265,77	660	0,13	0,12–0,14
50 à 64 ans	187 272	62 110 000	3,02	23 329,55	3 772	0,16	0,16–0,17
65 à 74 ans	229 682	31 487 000	7,29	29 816,49	6 422	0,22	0,21–0,22
75 à 84 ans	257 553	15 407 000	16,72	35 486,56	10 899	0,31	0,30–0,31
85 ans et plus	255 780	5 893 000	43,40	37 823,67	18 038	0,48	0,47–0,48
Total	991 396	324 356 000	-	134 770	40 278	-	-
<b>Royaume-Uni</b>							
0 à 14 ans	64	11 974 857	0,005	32	33	1,02	0,67–1,55
15 à 44 ans	2 748	25 311 086	0,109	1 631	685	0,42	0,39–0,46
45 à 64 ans	21 139	17 286 653	1,223	12 378	4 466	0,36	0,35–0,37
65 à 74 ans	30 745	6 719 287	4,576	18 703	6 491	0,35	0,34–0,36
75 à 84 ans	59 945	4 129 982	14,515	30 812	21 317	0,69	0,68–0,70
85 ans et plus	78 125	1 659 369	47,081	41 028	7 286	0,18	0,17–0,18
Total	192 766	67 081 234	-	104 584	40 278	-	-
<b>France</b>							
0 à 9 ans	37	7 706 041	0,005	19	29	1,54	0,95–2,50
10 à 19 ans	31	8 421 914	0,004	15	15	0,98	0,53–1,82
20 à 29 ans	147	7 525 983	0,020	99	128	1,29	1,02–1,63
30 à 39 ans	465	8 279 577	0,056	301	315	1,05	0,91–1,21
40 à 49 ans	1 337	8 572 713	0,156	763	660	0,87	0,79–0,95
50 à 59 ans	4 576	8 813 899	0,519	2 664	1 862	0,70	0,66–0,74


**Tableau 1 : Ratios standardisés de mortalité pour les deux premières années de la pandémie de SRAS-CoV-2 dans les pays pairs par rapport au Canada (suite)**

Groupe d'âge (années)	Décès	Population	Mortalité cumulée pour 1 000	Décès attendus, population canadienne	Décès observés au Canada <sup>a</sup>	Ratio standardisé de mortalité	IC à 95 %
<b>France (suite)</b>							
60 à 69 ans	13 344	8 000 803	1 668	8 074	4 349	0,54	0,52–0,56
70 à 79 ans	26 358	5 959 261	4 423	13 862	8 633	0,62	0,61–0,64
80 à 89 ans	43 387	3 214 055	13 499	18 460	13 844	0,75	0,74–0,76
90 ans et plus	25 895	927 995	27 904	9 662	10 443	1,08	1,06–1,11
Total	115 577	67 422 241	-	53 919	40 278	-	-
<b>Australie</b>							
0 à 9 ans	8	3 156 780	0,003	10	29	2,91	1,33–6,37
10 à 19 ans	5	3 097 360	0,002	7	15	2,24	0,81–6,16
20 à 29 ans	22	3 476 779	0,006	32	128	3,97	2,53–6,24
30 à 39 ans	65	3 780 122	0,017	92	315	3,41	2,61–4,46
40 à 49 ans	124	3 294 734	0,038	184	660	3,58	2,96–4,34
50 à 59 ans	322	3 143 647	0,102	526	1 862	3,54	3,15–3,99
60 à 69 ans	726	2 737 883	0,265	1 284	4 349	3,39	3,13–3,66
70 à 79 ans	1 579	1 952 572	0,809	2 534	8 633	3,41	3,23–3,59
80 à 89 ans	2 695	876 320	3 075	4 205	13 844	3,29	3,16–3,43
90 ans et plus	1 925	221 945	8 673	3 003	10 443	3,48	3,31–3,65
Total	7 471	25 738 142	-	11 878	40 278	-	-

Abréviations : IC, intervalles de confiance; SRAS-CoV-2, syndrome respiratoire aigu sévère coronavirus 2; -, sans objet

<sup>a</sup> En raison de la redistribution des décès dans les catégories d'âge des pays pairs de comparaison, des fractions de décès ont été calculées; tous les décès ont été arrondis au nombre entier le plus proche

**Tableau 2 : Résultats et coûts de santé<sup>a</sup> évités dans les pays homologues par rapport au Canada**

Résultats	Pays pair de comparaison							
	États-Unis	IC à 95 %	Royaume-Uni	IC à 95 %	France	IC à 95 %	Australie <sup>b</sup>	IC à 95 %
Décès évités	94 492	93 593–95 360	64 306	63 394–65 189	13 641	12 489–14 735	-28 400	-30 939–-26 097
Hospitalisations évitées	483 009	465 046–516 497	196 611	184 256–209 756	39 367	26 213–50 528	-83 281	-110 498–-67 197
Admissions en USI évitées	108 157	99 635–117 714	40 131	37 002–43 514	8 984	6 873–10 683	-15 335	-20 059–-12 380
AVAQ gagnées	1 060 180	943 164–1 172 874	569 981	514 483–635 306	133 517	107 018–158 498	-231 100	-277 758–-191 373
Coûts d'hospitalisation évités	10,73	10,32–11,47	4,37	4,09–4,66	0,87	0,59–1,13	-1,85	-2,42–-1,49
Coûts évités en USI	5,18	4,78–5,65	1,92	1,77–2,08	0,43	0,33–0,51	-0,73	-0,95–-0,59
Coûts d'hospitalisation évités (hors de l'USI)	5,55	5,55–5,81	2,45	2,31–2,58	0,44	0,25–0,62	-1,12	-1,46–-0,90
Bénéfice net des AVAQ gagnées	31,81	28,29–35,19	17,10	15,43–19,06	4,01	3,26–4,74	-6,93	-8,00–-5,50
Total des coûts évités	42,54	38,62–46,65	21,47	19,52–23,71	4,88	3,83–5,88	-8,78	-10,77–-7,21

Abréviations : AVAQ, années de vie ajustées en fonction de la qualité; IC, intervalles crédibles obtenus par simulation; USI, unité de soins intensifs

<sup>a</sup> Tous les coûts sont exprimés en dollars canadiens

<sup>b</sup> Les valeurs négatives indiquent un excès de conséquences et de coûts pour la santé au Canada par rapport à l'Australie



La répartition des décès par âge diffère sensiblement entre les États-Unis et les autres pays analysés. Par exemple, la moitié des décès aux États-Unis sont survenus chez des personnes de moins de 55 ans; dans d'autres pays, la moitié des décès sont survenus chez des personnes de moins de 75 ans environ, le reste étant survenu chez des personnes de 75 ans et plus (**figure 1**). Une divergence similaire entre la réponse des États-Unis et celles des autres pays a été observée lorsque nous avons appliqué les AVAQ perdues par âge aux données relatives aux décès (**figure 2**).

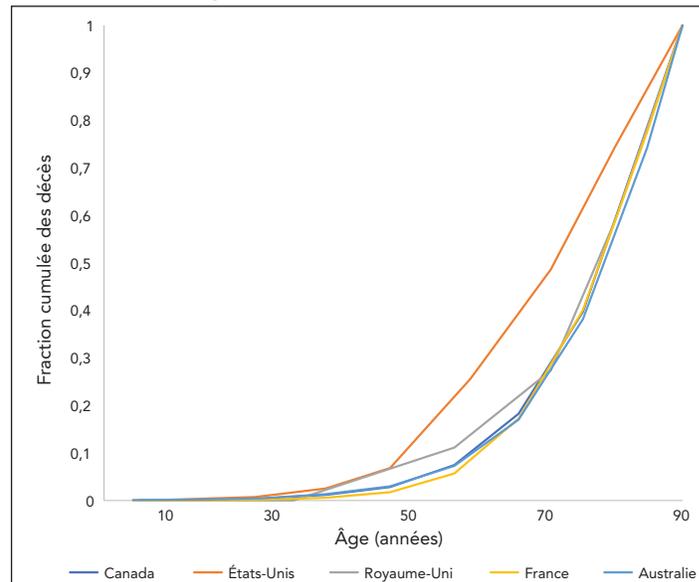
Nous avons estimé que la réponse du Canada a permis de sauver plus d'un million d'AVAQ, près de 500 000 hospitalisations et plus de 100 000 admissions en soins intensifs par rapport à ce qui se serait produit avec une réponse équivalente à celle observée aux États-Unis (tableau 2). La valeur des AVAQ perdues et des hospitalisations évitées est estimée à environ 43 milliards de dollars, dont 32 milliards de dollars sont dus à l'évitement des AVAQ perdues et le reste aux hospitalisations évitées. La réponse du Canada a également permis de sauver des AVAQ et d'éviter des hospitalisations et des admissions en soins intensifs par rapport aux réponses du Royaume-Uni et de la France. Comparée à la réponse de l'Australie, la réponse du Canada a été estimée à environ 230 000 AVAQ supplémentaires perdues, plus de 80 000 admissions supplémentaires à l'hôpital et plus de 15 000 admissions supplémentaires aux soins intensifs en mai 2022, ce qui représente une perte de 8,78 (7,21 à 10,77) milliards de dollars (tableau 2). Les estimations par âge des décès, de l'utilisation des soins de santé et des coûts évités pour chacun des quatre **pays pairs de comparaison** sont présentées dans le tableau 2.

La rigueur de la réponse du Canada à la pandémie entre le 1<sup>er</sup> mars 2020 et le 1<sup>er</sup> mai 2022 était significativement plus élevée que celle des États-Unis, du Royaume-Uni et de la France, et également plus élevée que celle de l'Australie ( $p < 0,001$  pour toutes les comparaisons) (**appendice, tableau A1 et figure A1**).

## Discussion

Les similitudes culturelles et les économies intégrées du Canada et des États-Unis, qui ont également des systèmes de santé très différents, ont depuis longtemps encouragé la recherche comparative entre ces deux pays (5,25–27). Au cours de la pandémie actuelle de SRAS-CoV-2, ce type de recherche s'est poursuivi, stimulé en partie par la différence remarquable de l'impact de la pandémie sur les deux pays (28). Nous démontrons ici que l'application au Canada des données américaines spécifiques à l'âge a donné lieu à une pandémie beaucoup plus meurtrière aux États-Unis, avec un nombre total de décès plus de trois fois supérieur à ceux survenus au Canada en mai 2022. Ce type de comparaison pose un problème : la réponse des États-Unis à la pandémie est apparue comme une exception mondiale, avec le SRAS-CoV-2 qui fait beaucoup plus de victimes en termes

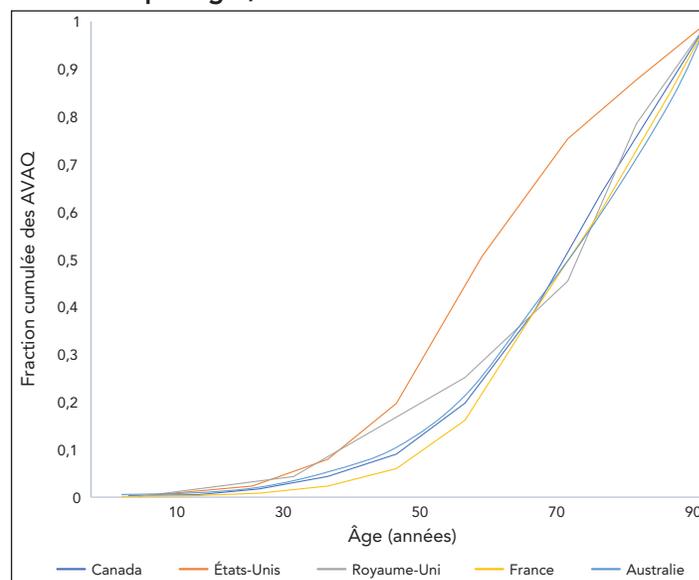
**Figure 1 : Proportion cumulée de décès attribuables à la COVID-19 par âge<sup>a</sup>, mars 2020 à mai 2022**



Abréviation : COVID-19, maladie à coronavirus 2019

<sup>a</sup> Les âges représentent les points médians des catégories d'âge. Pour les catégories d'âge les plus élevées au Canada (80 ans et plus) et aux États-Unis (85 ans et plus), nous avons attribué l'âge de 90 ans

**Figure 2 : Proportion cumulée d'années de vie ajustées en fonction de la qualité perdues attribuables à la COVID-19 par âge<sup>a</sup>, mars 2020 à mai 2022**



Abréviations : AVAQ, années de vie ajustées en fonction de la qualité; COVID-19, maladie à coronavirus 2019

<sup>a</sup> Les âges représentent les points médians des catégories d'âge. Pour les catégories d'âge les plus élevées au Canada (80 ans et plus), aux États-Unis et au Royaume-Uni (85 ans et plus), nous avons attribué un âge de 90 ans; pour l'Australie et la France, la catégorie d'âge la plus élevée (90 ans et plus) s'est vue attribuer une valeur de 90 ans

de pertes de vie que dans tout autre pays à revenu élevé. Le statut aberrant des États-Unis (28) a pour effet de rendre les comparaisons entre le Canada et les États-Unis prévisibles en termes de résultats, et peut-être de rehausser injustement



l'efficacité de la réponse du Canada à la pandémie. À ce titre, nous avons également évalué la réponse du Canada par rapport au Royaume-Uni, à la France et à l'Australie qui, compte tenu de leurs similitudes culturelles, politiques, économiques et historiques avec le Canada, constituent également des éléments de comparaison valables.

Nous constatons que, comme pour les États-Unis, l'application de la réponse du Royaume-Uni à la pandémie au Canada aurait entraîné des dizaines de milliers de décès supplémentaires, ainsi que des milliards de dollars de pertes économiques excessives. Si le Canada semble également avoir obtenu de meilleurs résultats que la France, les différences de répercussions de la pandémie entre ces deux pays sont plus modestes. En revanche, l'Australie apparaît comme un modèle de ce que le Canada aurait pu réaliser en adoptant une position plus agressive en matière de contrôle de la maladie au cours des deux premières années de la pandémie de SRAS-CoV-2. En effet, nous estimons que plus de 75 % des décès attribuables à la pandémie au Canada à ce jour auraient pu être évités avec une réponse australienne, ce qui aurait permis de réaliser des économies de l'ordre de 10 milliards de dollars.

Nos travaux complètent ceux de Razak *et al.*, qui ont également constaté que le Canada avait obtenu de meilleurs résultats que la plupart de ses homologues du G10 (à l'exception du Japon) en ce qui concerne la mortalité imputable à la pandémie (29). Cependant, l'utilisation de la normalisation, telle qu'elle est appliquée ici, nous permet de constater que l'approche canadienne a été beaucoup plus efficace que les approches américaine et britannique dans la prévention des décès chez les jeunes en fonction de la qualité. Comme les responsables de la santé publique et du gouvernement de ces cinq pays avaient probablement accès à des renseignements similaires pour la prise de décisions, les différences de résultats ont probablement reflété des choix stratégiques actifs. La complexité de la pandémie et les réponses de la société face à celle-ci rendent difficile l'identification des facteurs de causalité. Galvani *et al.* ont noté que l'une des principales différences entre le Canada et les États-Unis pouvait être liée à l'universalité des soins de santé publics dans le premier pays (28); toutefois, des soins de santé publique universels sont également disponibles au Royaume-Uni, en France et en Australie. Razak *et al.* ont noté que le Canada a obtenu de meilleurs résultats que de nombreux pays pairs à revenu élevé en matière de vaccination (29). Nous avons également suggéré que les différences culturelles entre les pays, y compris les différences de capital social et de confiance dans le gouvernement, peuvent être importantes (30).

Si la réponse du Canada à la pandémie, telle que reflétée dans l'indice de rigueur d'Oxford, a été plus rigoureuse en moyenne que les réponses des États-Unis, du Royaume-Uni et de la France, elle a également été plus rigoureuse que celle de l'Australie, ce qui suggère que la rigueur ne peut pas à elle seule expliquer les différences de résultats. Les données d'Aknin *et al.*

laissent entendre que ce n'est peut-être pas la rigueur, mais la décision de viser l'élimination plutôt que l'atténuation, qui a entraîné la faible rigueur et le faible nombre de décès observés dans des pays comme l'Australie (31). Bien que les stratégies plus agressives de lutte contre la pandémie aient été critiquées en raison des effets négatifs perçus sur la santé mentale, Aknin *et al.* ont également démontré que l'impact de la surmortalité pandémique l'emportait largement sur l'impact des interventions de santé publique en tant que facteur d'effets négatifs sur la santé mentale au cours de la pandémie (31). Cela suggère que l'approche du Canada, en plus de sauver plus de vies et de réduire plus de coûts que les réponses des États-Unis et du Royaume-Uni, pourrait avoir été plus protectrice de la santé mentale de la population. Des stratégies de contrôle plus strictes ont également été critiquées parce qu'elles auraient des répercussions économiques plus importantes. En effet, le PIB du Canada a diminué de 1,6 % au cours des deux premières années de la pandémie (29). Toutefois, les 43 milliards de dollars que le Canada a effectivement gagnés en évitant une réponse à la pandémie à l'américaine représentent plus de 2 % du PIB canadien (évalué à environ 2,1 trillions de dollars canadiens).

## Limites

Notre analyse présente trois limites principales. Nous n'avons pas tenté d'évaluer les conséquences ou les coûts de la pandémie sur la santé mentale. Il convient de noter qu'Aknin *et al.* (31) ont constaté que l'élimination d'une pandémie plutôt que l'atténuation avait pour effet de réduire les répercussions globales sur la rigueur et la santé mentale. Parmi les autres coûts et impacts importants que nous n'avons pas pris en compte et qui creuseraient probablement davantage l'écart entre ces pays pairs en termes de santé et de conséquences économiques, citons la désutilité et le manque à gagner associés à l'hospitalisation, les coûts à long terme des maladies chroniques, notamment cardiaques, respiratoires et neurologiques, chez les personnes qui survivent à l'infection par le SRAS-CoV-2, ainsi que les impacts sanitaires, économiques et sociétaux de la perte des parents due à la pandémie (32–35). Comme nous n'avons pris en compte que les gains et les pertes d'AVAQ associés au décès, et que nous n'avons pas incorporé ceux associés à la maladie et à l'hospitalisation à court terme, ou au syndrome post-COVID (communément appelé « COVID longue »), nos estimations des AVAQ perdues représentent des limites inférieures pour tous les pays (36). Une deuxième limite de notre analyse est l'utilisation des taux de létalité et des risques d'hospitalisation et d'admission en soins intensifs spécifiques à l'Ontario pour estimer les résultats évités au niveau national. Nous utilisons ces données pour des raisons pragmatiques : il s'agit des données les plus complètes et les plus granulaires sur les décès au Canada auxquelles nous avons accès. En outre, l'épidémiologie de l'Ontario est probablement similaire à celle du Canada dans son ensemble, à la fois en raison des similitudes démographiques et des systèmes de santé dans l'ensemble du pays, mais aussi parce que la population de l'Ontario représente environ 40 % de la population canadienne et 35 % du nombre de cas de COVID-19



au Canada, de sorte que l'épidémiologie de la province influe fortement sur celle du Canada dans son ensemble. Enfin, nous avons supposé que l'attribution des décès dus à COVID-19 au Canada et dans les pays pairs de comparaison se faisait de manière comparable. Les meilleures données disponibles (basées sur les rapports entre la mortalité liée à la COVID-19 déclarée et la surmortalité toutes causes confondues pendant la pandémie) suggèrent que cela a probablement été le cas pour le Canada, les États-Unis et la France; la déclaration de la mortalité liée à la COVID-19 a peut-être été plus précise au Royaume-Uni qu'au Canada, ce qui tendrait à exagérer les différences de résultats entre ces deux pays. Une déclaration plus précise des décès dus à la COVID-19 en Australie nous amènerait à sous-estimer le degré de surperformance de ce pays par rapport aux pays pairs de comparaison (37).

## Conclusion

La réponse relativement forte du Canada pendant les deux premières années de la pandémie de SRAS-CoV-2 a permis d'éviter un grand nombre de décès, d'hospitalisations et d'admissions en soins intensifs par rapport aux réponses des États-Unis et du Royaume-Uni, et des gains plus modestes par rapport à la France. Une stratégie de contrôle des maladies axée sur l'élimination plutôt que sur l'atténuation, comme celle adoptée par l'Australie au cours de la même période, aurait permis d'obtenir des avantages supplémentaires sur le plan sanitaire et économique.

## Déclaration des auteurs

A. P. — Acquisition, nettoyage et analyse des données, rédaction du manuscrit

A. A. — Conceptualisation, édition et révision du manuscrit

A. S. — Conceptualisation, édition et révision du manuscrit

A. T. — Conceptualisation, édition et révision du manuscrit

D. F. — Chef de projet, conceptualisation, rédaction, édition et révision du manuscrit

Tous les auteurs ont approuvé la version finale aux fins de publication.

## Intérêts concurrents

D. N. F. a siégé à des conseils consultatifs sur les vaccins de Seqirus, Pfizer, AstraZeneca et Sanofi-Pasteur contre la grippe et le SRAS-CoV-2, et a agi en tant qu'expert juridique sur des questions liées à l'épidémiologie de la COVID-19 pour la Fédération des enseignantes et des enseignants de l'élémentaire de l'Ontario et l'Association des infirmières et infirmiers autorisés de l'Ontario. A. R. T. était employé par l'Agence de la santé publique du Canada lorsque la recherche a été menée.

## Remerciements

Les auteurs souhaitent remercier les remarquables professionnels de la santé publique du Canada pour leur dévouement inlassable pendant la pandémie de SRAS-CoV-2. Votre travail a permis de sauver de nombreuses vies, et nous vous en remercions.

## Financement

La recherche a été soutenue par une subvention accordée à D. N. F. par les Instituts de recherche en santé du Canada (2019 Financement canadienne pour une intervention de recherche rapide contre la COVID-19 OV4-170360).

## Références

1. Levin AT, Hanage WP, Owusu-Boaitey N, Cochran KB, Walsh SP, Meyerowitz-Katz G. Assessing the age specificity of infection fatality rates for COVID-19: systematic review, meta-analysis, and public policy implications. *Eur J Epidemiol* 2020;35(12):1123–38. [DOI PubMed](#)
2. Fisman DN, Greer AL, Tuite AR. Age Is Just a Number: A Critically Important Number for COVID-19 Case Fatality. *Ann Intern Med* 2020;173(9):762–3. [DOI PubMed](#)
3. Oshitani H. COVID lessons from Japan: the right messaging empowers citizens. *Nature* 2022;605(7911):589. [DOI PubMed](#)
4. Craft L. Japan has long accepted COVID's airborne spread, and scientists say ventilation is key. *CBS News*; July 13, 2020. <https://www.cbsnews.com/news/coronavirus-japan-has-long-accepted-covids-airborne-spread-and-scientists-say-ventilation-is-key/>
5. Rouleau JL, Moyé LA, Pfeffer MA, Arnold JM, Bernstein V, Cuddy TE, Dagenais GR, Geltman EM, Goldman S, Gordon D, Hamm P, Klein M, Lamas GA, McCans J, McEwan P, Menapace FJ, Parker JO, Sestier F, Sussex B, Braunwald E, for the SAVE Investigators. A comparison of management patterns after acute myocardial infarction in Canada and the United States. The SAVE investigators. *N Engl J Med* 1993;328(11):779–84. [DOI PubMed](#)
6. Fisman DN, Tuite AR. Estimated Deaths, Intensive Care Admissions and Hospitalizations Averted in Canada during the COVID-19 Pandemic. *medRxiv* 2021:2021.03.23.21253873. [DOI](#)



7. Australian Government. Department of Health. Coronavirus (COVID-19) case numbers and statistics. Canberra (AU): Government of Australia; 2023. [Consulté le 7 juin 2022]. <https://www.health.gov.au/health-alerts/covid-19/case-numbers-and-statistics#cases-and-deaths-by-age-and-sex>
8. U.S. Centers for Disease Control and Prevention. Weekly Updates by Select Demographic and Geographic Characteristics. Atlanta (GA): CDC; 2023. [Consulté le 7 juin 2022]. [https://www.cdc.gov/nchs/nvss/vsrr/covid\\_weekly/index.htm](https://www.cdc.gov/nchs/nvss/vsrr/covid_weekly/index.htm)
9. Agence de la santé publique du Canada. Mise à jour sur l'épidémiologie de la COVID-19. Ottawa, ON : ASPC; 2023. [Consulté le 7 juin 2022]. <https://sante-infobase.canada.ca/covid-19/>
10. Santé publique France. The COVID-19 epidemic in France. Paris (FR): SPF; 2023. [Consulté le 14 juin 2022]. <https://www.santepubliquefrance.fr/dossiers/coronavirus-covid-19>
11. United Kingdom Office for National Statistics. Deaths registered weekly in England and Wales, provisional. ONS; Feb 21, 2023. [Consulté le 14 juin 2022]. <https://www.ons.gov.uk/peoplepopulationandcommunity/birthsdeathsandmarriages/deaths/datasets/weeklyprovisionalfiguresondeathsregisteredinenglandandwales>
12. De Foo C, Grépin KA, Cook AR, Hsu LY, Bartos M, Singh S, Asgari N, Teo YY, Heymann DL, Legido-Quigley H. Navigating from SARS-CoV-2 elimination to endemicity in Australia, Hong Kong, New Zealand, and Singapore. *Lancet* 2021;398(10311):1547–51. DOI PubMed
13. Stobart A, Duckett S. Australia's Response to COVID-19. *Health Econ Policy Law* 2022;17(1):95–106. DOI PubMed
14. Hurford A, Martignoni MM, Loredó-Osti JC, Anokye F, Arino J, Husain BS, Gaas B, Watmough J. Pandemic modelling for regions implementing an elimination strategy. *J Theor Biol* 2023;561:111378. DOI PubMed
15. Statistique Canada. Estimations de la population au 1<sup>er</sup> juillet, par âge et sexe. Tableau : 17-10-0005-01 (anciennement CANSIM 051-0001). Ottawa, ON : StatCan; le 21 dec 2022. [Consulté le 14 juin 2022] [https://www150.statcan.gc.ca/t1/tbl1/fr/tv.action?pid=1710000501&request\\_locale=fr](https://www150.statcan.gc.ca/t1/tbl1/fr/tv.action?pid=1710000501&request_locale=fr)
16. United States Census Bureau. Age and Sex Tables. Washington, DC: US Census Bureau; 2021. [Consulté le 14 juin 2022]. <https://www.census.gov/topics/population/age-and-sex/data/tables.html>
17. United Kingdom Office for National Statistics. Population estimates. [Consulté le 14 juin 2022]. <https://www.ons.gov.uk/peoplepopulationandcommunity/populationandmigration/populationestimates>
18. Institut national de la statistique et des études économiques. Demographic balance sheet 2019. INSEE; Jan 14, 2020. [Consulté le 14 juin 2022]. <https://www.insee.fr/en/statistiques/2382597?sommaire=2382613>
19. Australian Bureau of Statistics. Population. Canberra (AU): ABS; Dec 15, 2022. [Consulté le 14 juin 2022]. <https://www.abs.gov.au/statistics/people/population>
20. Fisman DN, Greer AL, Brankston G, Hillmer M, O'Brien SF, Drews SJ, Tuite AR. COVID-19 Case Age Distribution: Correction for Differential Testing by Age. *Ann Intern Med* 2021;174(10):1430–8. DOI PubMed
21. Institut canadien d'information sur la santé. Statistiques sur les hospitalisations et les visites au service d'urgence liées à la COVID-19. ICIS; le 2 février 2023. [Consulté le 15 juin 2022]. <https://www.cihi.ca/en/covid-19-hospitalization-and-emergency-department-statistics>
22. Briggs AH, Goldstein DA, Kirwin E, Meacock R, Pandya A, Vanness DJ, Wisløff T. Estimating (quality-adjusted) life-year losses associated with deaths: with application to COVID-19. *Health Econ* 2021;30(3):699–707. DOI PubMed
23. Kirwin E, Rafferty E, Harback K, Round J, McCabe C. A Net Benefit Approach for the Optimal Allocation of a COVID-19 Vaccine. *Pharmacoeconomics* 2021;39(9):1059–73. DOI PubMed
24. Mathieu E, Ritchie H, Rodés-Guirao L, Appel C, Gavrilov D, Giattino C, Hasel J, Macdonald B, Dattani S, Beltekian D, Ortiz-Ospina E, Roser M. COVID-19: Stringency Index. Our World In Data. [Consulté le 3 août 2022]. <https://ourworldindata.org/covid-stringency-index>
25. Gohmann SF. A comparison of health care in Canada and the United States: the case of Pap smears. *Med Care* 2010;48(11):1036–40. DOI PubMed
26. Zajacova A, Siddiqi A. A comparison of health and socioeconomic gradients in health between the United States and Canada. *Soc Sci Med* 2022;306:115099. DOI PubMed



27. Fisher S, Bennett C, Hennessy D, Finès P, Jessri M, Bader Eddeen A, Frank J, Robertson T, Taljaard M, Rosella LC, Sanmartin C, Jha P, Leyland A, Manuel DG. Comparison of mortality hazard ratios associated with health behaviours in Canada and the United States: a population-based linked health survey study. *BMC Public Health* 2022;22(1):478. [DOI PubMed](#)
28. Galvani AP, Parpia AS, Pandey A, Sah P, Colón K, Friedman G, Campbell T, Kahn JG, Singer BH, Fitzpatrick MC. Universal healthcare as pandemic preparedness: the lives and costs that could have been saved during the COVID-19 pandemic. *Proc Natl Acad Sci USA* 2022;119(25):e2200536119. [DOI PubMed](#)
29. Razak F, Shin S, Naylor CD, Slutsky AS. Canada's response to the initial 2 years of the COVID-19 pandemic: a comparison with peer countries. *CMAJ* 2022;194(25):E870–7. [DOI PubMed](#)
30. Fisman D. Universal healthcare and the pandemic mortality gap. *Proc Natl Acad Sci USA* 2022;119(29):e2208032119. [DOI PubMed](#)
31. Akinin LB, Andretti B, Goldszmidt R, Helliwell JF, Petherick A, De Neve JE, Dunn EW, Fancourt D, Goldberg E, Jones SP, Karadag O, Karam E, Layard R, Saxena S, Thornton E, Whillans A, Zaki J. Policy stringency and mental health during the COVID-19 pandemic: a longitudinal analysis of data from 15 countries. *Lancet Public Health* 2022;7(5): e417–26. [DOI PubMed](#)
32. van Lith TJ, Sluis WM, Wijers NT, Meijer FJ, Kamphuis-van Ulzen K, de Bresser J, Dankbaar JW, van den Heuvel FM, Antoni ML, Mulders-Manders CM, de Mast Q, van de Veerdonk FL, Klok FA, Tuladhar AM, Cannegieter SC, Wermer MJ, van der Worp HB, Huisman MV, de Leeuw FE. Prevalence, risk factors, and long-term outcomes of cerebral ischemia in hospitalized COVID-19 patients - study rationale and protocol of the CORONIS study: A multicentre prospective cohort study. *Eur Stroke J* 2022;7(2):180–7. [DOI PubMed](#)
33. Hillis SD, Unwin HJ, Chen Y, Cluver L, Sherr L, Goldman PS, Ratmann O, Donnelly CA, Bhatt S, Villaveces A, Butchart A, Bachman G, Rawlings L, Green P, Nelson CA 3rd, Flaxman S. Global minimum estimates of children affected by COVID-19-associated orphanhood and deaths of caregivers: a modelling study. *Lancet* 2021;398(10298):391–402. [DOI PubMed](#)
34. Sidik SM. Heart disease after COVID: what the data say. *Nature* 2022;608(7921):26–8. [DOI PubMed](#)
35. Ledford H. How common is long COVID? Why studies give different answers. *Nature* 2022;606(7916):852–3. [DOI PubMed](#)
36. Alkodaymi MS, Omrani OA, Fawzy NA, Shaar BA, Almamlouk R, Riaz M, Obeidat M, Obeidat Y, Gerberi D, Taha RM, Kashour Z, Kashour T, Berbari EF, Alkattan K, Tleyjeh IM. Prevalence of post-acute COVID-19 syndrome symptoms at different follow-up periods: a systematic review and meta-analysis. *Clin Microbiol Infect* 2022;28(5):657–66. [DOI PubMed](#)
37. COVID-19 Excess Mortality Collaborators. Estimating excess mortality due to the COVID-19 pandemic: a systematic analysis of COVID-19-related mortality, 2020–21. *Lancet* 2022;399(10334):1513–36. [DOI PubMed](#)



## Appendice

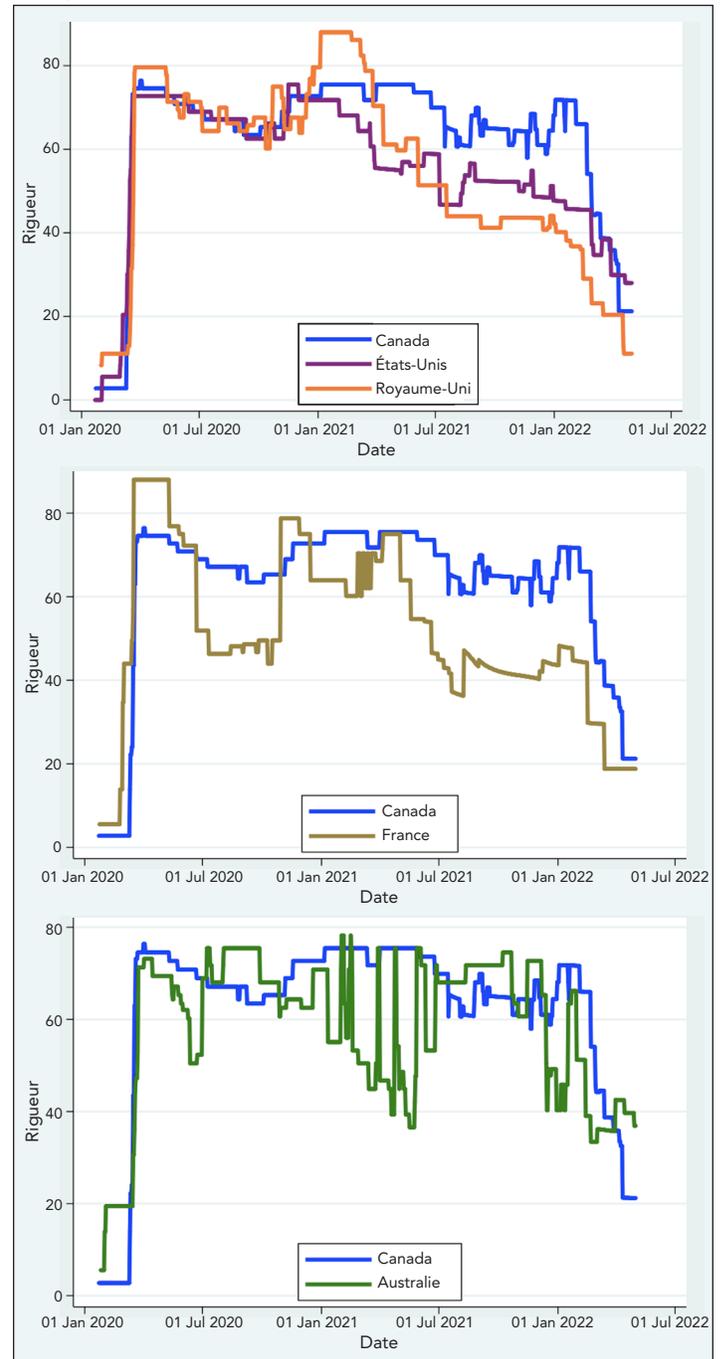
Tableau A1 : Moyenne et écart-type de l'indice de rigueur pandémique d'Oxford au Canada et dans les pays pairs de comparaison, du 1<sup>er</sup> mars 2020 au 1<sup>er</sup> mai 2022

Pays	Moyenne	ET	Valeur p <sup>a</sup>
Canada	58,60	21,71	s.o.
Australie	54,88	18,76	< 0,001
France	48,84	21,08	< 0,001
Royaume-Uni	51,14	24,05	< 0,001
États-Unis	53,12	17,98	< 0,001

Abréviations : ET, écart-type; s.o., sans objet

<sup>a</sup> valeur p pour le test de Wilcoxon de la somme des rangs pour la comparaison avec le Canada

Figure A1 : Indice Oxford de rigueur en cas de pandémie par date, Canada et pays pairs de comparaison<sup>a</sup>



<sup>a</sup> Valeurs de rigueur rapportées au 1<sup>er</sup> mai 2022. Des valeurs plus élevées indiquent des mesures de contrôle plus strictes



# Éclosions de COVID-19 dans les exploitations agricoles en Ontario, janvier à décembre 2020

Hetal Patel<sup>1\*</sup>, Ana Ulloa<sup>2</sup>, Sarah Buchan<sup>1,2</sup>, Mariana Abdulnoor<sup>3</sup>, Jonathan Gubbay<sup>2,3</sup>, Michelle Murti<sup>1,2</sup>

## Résumé

**Contexte :** Les travailleurs agricoles jouent un rôle essentiel dans la chaîne d'approvisionnement alimentaire de l'Ontario, car ils cultivent et récoltent les aliments dont l'Ontario est tributaire; cependant, ils sont exposés à plusieurs facteurs de risque de transmission de la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) liés au travail. Nous décrivons l'épidémiologie des éclosions dans les exploitations agricoles de l'Ontario au cours de la première année civile de la pandémie et analysons les tendances des éclosions par saison et par type d'exploitation.

**Méthodes :** Les données relatives aux éclosions dans les exploitations agricoles de l'Ontario entre le 1<sup>er</sup> janvier et le 31 décembre 2020, ainsi que les cas confirmés en laboratoire qui y sont associés, ont été extraites de la base de données provinciale. Les éclosions ont été caractérisées selon leur taille, la saison, le type d'exploitation et la durée. Les cas ont été caractérisés selon l'âge, le sexe, les facteurs de risque médicaux, le tableau clinique et les résultats.

**Résultats :** Il y a eu 64 éclosions dans les exploitations agricoles associées à 2 202 cas confirmés de COVID-19 en Ontario en 2020. La majorité des éclosions sont apparues au printemps (n = 25, 39,1 %) et à l'automne (n = 25, 39,1 %). Les éclosions ont été moins nombreuses en été (n = 6, 9,4 %), ce qui correspond à des taux de transmission dans la communauté faibles pendant cette période, et la majorité d'entre elles se sont produites dans des exploitations agricoles spécialisées dans la culture en serre (n = 5, 83,3 %). La taille médiane des éclosions était de 14,5 cas (intervalle : 1–240), et la durée médiane était de 23 jours (intervalle : 0–128). Parmi les cas, la plupart étaient des hommes (83,2 %), l'âge médian était de 35 ans, 10,0 % avaient une ou plusieurs comorbidités, 31,2 % étaient asymptomatiques, 16 ont dû être hospitalisés et 3 sont décédés.

**Conclusion :** Les éclosions dans les exploitations agricoles ont été une source de transmission de la COVID-19 et de maladie en 2020, en particulier au printemps et à l'automne. Les éclosions se sont poursuivies dans les exploitations agricoles spécialisées dans la culture en serre malgré la baisse de la transmission dans la communautaire au cours de l'été.

**Citation proposée :** Patel H, Ulloa AC, Buchan SA, Abdulnoor M, Gubbay J, Murti M. Éclosions de COVID-19 dans les exploitations agricoles en Ontario, janvier à décembre 2020. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2023;49(5):231–7. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v49i05a06f>

**Mots-clés :** COVID-19, exploitations agricoles, travailleurs, éclosions, lieu de travail

## Introduction

Le coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2) peut se propager lorsque des particules respiratoires infectieuses sont inhalées par des gens ou se déposent sur leurs surfaces muqueuses (1). Le risque de transmission est d'autant

plus élevé que la distance source-récepteur diminue, ce qui est fréquent lorsque l'on travaille ou vit avec d'autres personnes infectées par la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) (1). Pendant la pandémie de COVID-19, les travailleurs agricoles

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



## Affiliations

<sup>1</sup> École de santé publique Dalla Lana, Université de Toronto, Toronto, ON

<sup>2</sup> Santé publique Ontario, Toronto, ON

<sup>3</sup> Département de médecine de laboratoire et de pathologie, Faculté de médecine Temerty, Université de Toronto, Toronto, ON

## \*Correspondance :

[hetal.patel@medportal.ca](mailto:hetal.patel@medportal.ca)



ont été considérés comme une main-d'œuvre essentielle et les exploitations agricoles sont restées ouvertes et accessibles en raison de leur rôle nécessaire dans la culture et la récolte d'aliments (2). Les travailleurs agricoles sont confrontés à des défis uniques qui augmentent leur risque d'infection à la COVID-19 par rapport à d'autres travailleurs essentiels. Le travail agricole se fait souvent à proximité immédiate, sans barrière physique. Cela comprend le travail dans les serres intérieures, qui représentent 32 % des exploitations agricoles de l'Ontario (3). L'humidité, la température et la ventilation des serres varient par rapport à celles des champs extérieurs, et ces conditions peuvent faire des serres un environnement favorable à la transmission virale (4). En outre, les travailleurs agricoles étrangers temporaires, qui représentent 31 % des employés des exploitations agricoles de l'Ontario, peuvent également partager les mêmes moyens de transport et le même logement, et être confrontés à des barrières linguistiques, à des revenus inférieurs et à un accès réduit aux services de santé, ce qui les rend plus vulnérables aux risques professionnels tels que la COVID-19 (3,5,6).

En réponse aux préoccupations particulières auxquelles sont confrontés les travailleurs agricoles pendant la pandémie de COVID-19, le ministère de l'Agriculture, de l'Alimentation et des Affaires rurales de l'Ontario a introduit pour la première fois le « Programme élargi de protection au travail pour le secteur agroalimentaire » en mai 2020 pour aider les exploitations agricoles à améliorer la santé et la sécurité des travailleurs agroalimentaires de l'Ontario pendant la pandémie de COVID-19 (7). Le ministère de la Santé de l'Ontario a d'abord élaboré le « Document d'orientation sur la COVID-19 - gestion d'une écloison dans les exploitations agricoles » en septembre 2020 qui fournit des recommandations pour des pratiques sûres sur les lieux de travail, les transports et les hébergements partagés (8). La distribution du vaccin contre la COVID-19 en Ontario a commencé en décembre 2020, mais à l'époque, les vaccins n'étaient disponibles que pour certaines populations. Les travailleurs agricoles n'ont pas admissibles au vaccin avant la phase 3 du déploiement du vaccin en Ontario, vers août 2021 (9).

L'objectif de cette analyse était de décrire l'épidémiologie des écloisions de COVID-19 dans les exploitations agricoles de l'Ontario au cours de l'année de la pandémie préalable au vaccin, pour les écloisions dont la date de début se situe entre le 1<sup>er</sup> janvier et le 31 décembre 2020, tous les cas associés à ces écloisions jusqu'au 31 janvier 2021, et les tendances des écloisions par saison et par type d'exploitation (i.e. serre intérieure par rapport au champ extérieur).

## Méthodes

### Source des données

Nous avons obtenu des données sur les écloisions de COVID-19 dans les exploitations agricoles et sur les cas de COVID-19 confirmés en laboratoire et liés à ces écloisions à partir de la solution de prise en charge des cas et des contacts de Santé publique (PCCC), un système dynamique de déclaration des maladies pour la prise en charge des cas et des contacts de COVID-19 en Ontario. Nous avons également obtenu des données sur les cas de COVID-19 confirmés en laboratoire dans la population générale de l'Ontario. Les données ont été saisies par le personnel des 34 bureaux locaux de santé publique (BSP) et extraites numériquement par Santé publique Ontario le 9 février 2021.

### Définitions et analyse des écloisions

Avant l'élaboration d'une définition provinciale des écloisions dans les exploitations agricoles, la déclaration des écloisions relevait de la décision du BSP local qui enquêtait sur les cas associés à une exploitation agricole. En septembre 2020, le ministère de la Santé de l'Ontario a publié des directives définissant une écloison de COVID-19 dans une exploitation agricole. Une écloison de COVID-19 dans une exploitation agricole est définie comme « un cas (de COVID-19) dans un lieu de vie collectif ou deux cas de COVID-19 (sur le lieu de travail), asymptomatiques ou symptomatiques, et lorsqu'il existe des preuves de la transmission de COVID-19 dans le lieu de vie collectif ou sur le lieu de travail » (8). Les écloisions n'ayant aucun cas confirmé associé à une écloison ont été retirées de l'analyse (n = 2). Les écloisions ont été incluses dans l'étude si leur date de début se situait entre le 1<sup>er</sup> janvier 2020 et le 31 décembre 2020.

La date de début de l'écloison a été déterminée par la date de l'épisode du premier cas de l'écloison; si cette date était inconnue ou manquante, la date de déclaration de l'écloison a été utilisée, suivie de la date de création de l'écloison. La date d'épisode pour les cas est fondée sur une estimation de la meilleure date d'apparition de la maladie et est calculée en utilisant une hiérarchie basée sur la date d'apparition des symptômes, la date de prélèvement de l'échantillon ou du test ou la date rapportée au BSP.

Les écloisions ont été caractérisées selon le BSP, la taille (i.e. le nombre de cas confirmés liés à une écloison par le BSP) et la durée (i.e. le temps écoulé entre la date de l'épisode du premier cas et la date de l'épisode du dernier cas lié à une écloison, jusqu'en janvier 2021). Un examen manuel des lieux d'apparition des écloisions dans les exploitations agricoles a été effectué pour classer les exploitations ayant des serres, compte tenu du risque supplémentaire de COVID-19 qu'elles présentent en tant qu'environnements intérieurs bondés.



Les éclosions ont également été classées par saison selon la date de début de l'éclosion. Les éclosions du printemps ont débuté entre le 20 mars et le 19 juin 2020; les éclosions de l'été ont débuté entre le 20 juin et le 21 septembre 2020, et les éclosions de l'automne ont débuté entre le 22 septembre et le 20 décembre 2020. L'hiver a été retiré de l'analyse, car les données relatives à cette saison étaient limitées en 2020 (10).

## Cas associés à une éclosion

Les cas de COVID-19 confirmés en laboratoire et liés à des éclosions agricoles ont été inclus si la date de leur épisode se situait entre le 1<sup>er</sup> janvier 2020 et le 31 janvier 2021, afin d'inclure les cas associés à des éclosions qui étaient toujours en cours après le 31 décembre 2020. Les éclosions ont été considérées comme terminées si elles avaient une « date de fin déclarée » dans le PCCC ou si cinq mois s'étaient écoulés depuis la date de début de l'éclosion. Au moment d'extraire les données, cinq éclosions incluses étaient toujours en cours. Les cas ont été caractérisés selon l'âge, le sexe, les facteurs de risque médicaux (y compris la présence d'une ou plusieurs comorbidités et le statut à haut risque), les symptômes, les résultats et le BSP où l'éclosion s'est déclarée. Les comorbidités comprenaient l'anémie, l'asthme, la broncho-pneumopathie chronique obstructive (BPCO), le cancer, les maladies cardiovasculaires, les maladies sous-jacentes, les maladies du foie, le diabète, l'immunodépression, les troubles neurologiques, l'obésité, « autres », la grossesse, les maladies rénales et la tuberculose. Le statut à haut risque a été défini comme les personnes âgées de 60 ans et plus, immunodéprimées, souffrant de maladies cardiovasculaires ou de BPCO. Les symptômes cliniques ont été classés comme asymptomatiques, symptomatiques ou absents. Les résultats cliniques ont été classés comme suit : hospitalisation, séjour en unité de soins intensifs (USI) ou décès. Les résultats cliniques ont été classés par ordre hiérarchique (i.e. que chaque cas n'est compté qu'avec le résultat le plus élevé, à savoir : décès, soins intensifs, puis hospitalisations).

Nous avons inclus tous les cas liés à une éclosion dans une exploitation agricole dans la catégorie des « travailleurs agricoles », ce qui peut inclure les propriétaires de l'exploitation, les membres de la famille, les employés de l'exploitation et les personnes qui ont visité l'exploitation si on a considéré qu'elles étaient liées à l'éclosion dans l'exploitation agricole selon l'enquête du BSP.

Nous avons utilisé des tests de proportions de chi au carré pour comparer les résultats des facteurs de risque médicaux des cas d'éclosion dans les exploitations agricoles à l'ensemble des cas de COVID-19 confirmés en laboratoire en Ontario et âgés de 20 à 59 ans (ce qui correspond à environ 95,0 % de la population de la cohorte), à l'exclusion des cas associés à une éclosion dans les exploitations agricoles et des cas de résidents d'établissements de soins de longue durée datés du 1<sup>er</sup> janvier au 31 décembre 2020. Les cas d'éclosions de soins de longue durée ont été exclus en raison de leur risque différentiel et de la nature des mesures de santé publique appliquées.

## Analyse épidémiologique

Des statistiques descriptives ont été utilisées pour décrire les éclosions de COVID-19 dans les exploitations agricoles de l'Ontario. Les proportions ont été calculées pour les catégories de cas associés à l'éclosion selon le sexe, l'âge, les facteurs de risque médicaux, le tableau clinique, les résultats et le BSP. Les éclosions et les cas associés aux éclosions ont été subdivisés selon la saison et la moyenne, la médiane et l'intervalle du nombre, la durée et la taille des éclosions ont été calculées pour chaque saison. Enfin, le pourcentage du nombre total d'éclosions dans les exploitations agricoles et de cas associés à des éclosions dans les serres a été calculé pour chaque saison. Une courbe épidémiologique a été utilisée pour afficher les éclosions parmi les trois BSP ayant enregistré le plus grand nombre d'éclosions, ainsi que le nombre de cas associés aux éclosions au cours de la période incluse. Des statistiques descriptives ont également été utilisées pour décrire les cas associés à des éclosions ailleurs que dans des exploitations agricoles. Toutes les analyses ont été effectuées à l'aide des logiciels SAS Enterprise Guide (version 9.4) et Microsoft Excel.

## Résultats

Au total, 64 éclosions ont été recensées dans des exploitations agricoles, ainsi que 2 202 cas liés à des éclosions (**tableau 1**). La taille des éclosions variait de 1 à 240 cas (médiane de 15 cas), 63 éclosions (98,4 %) comptant deux cas ou plus et six éclosions (9,4 %) comptant 100 cas ou plus. La durée des éclosions variait de zéro jour (i.e. que tous les cas faisant partie de l'éclosion avaient la même date d'épisode) à 128 jours (médiane de 23 jours).

**Tableau 1 : Éclosions de COVID-19 dans les exploitations agricoles en Ontario, du 1<sup>er</sup> janvier au 31 décembre 2020**

Description générale des éclosions	Fréquence	Moyenne	Médiane	Intervalle
Nombre total d'éclosions	64	s.o.	s.o.	s.o.
Nombre total de cas associés à une éclosion	2 202	34,4	14,5	1 à 240
Durée des éclosions (jours)	s.o.	31,3	23	0 à 128

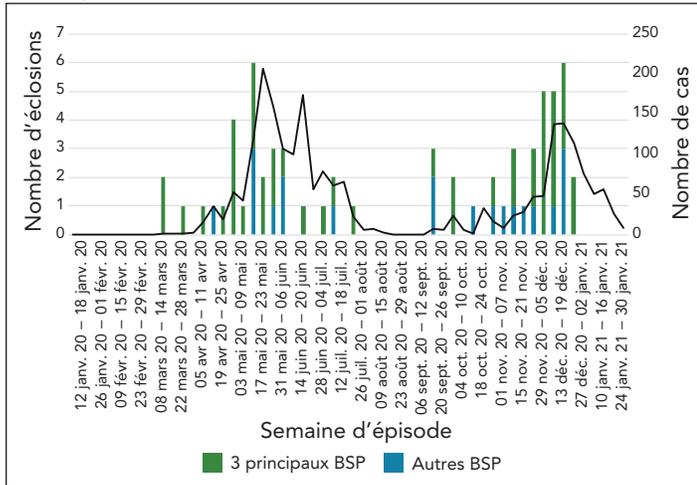
Abréviations : COVID-19, maladie à coronavirus 2019; s.o., sans objet

Au total, 37 (57,8 %) éclosions sont apparues dans des exploitations agricoles classées comme des serres. La majorité des éclosions dans les exploitations agricoles sont survenues dans trois BSP (Bureau de santé du comté de Windsor-Essex, Bureau de santé de Haldimand-Norfolk et Santé publique de Chatham-Kent) qui représentaient 68,8 % (n = 44/64) de toutes les éclosions dans les exploitations agricoles en Ontario. Les



éclosions dans les exploitations agricoles ont atteint un sommet en mai 2020, puis en décembre 2020. Les éclosions dans les exploitations agricoles ont été peu fréquentes de la fin juin au début de septembre 2020 (figure 1).

**Figure 1 : Courbe épidémiologique des éclosions de COVID-19 dans les exploitations agricoles de l'Ontario, du 1<sup>er</sup> janvier au 31 décembre 2020<sup>a</sup>**



Abréviations : BSP, bureau de santé publique; COVID-19, maladie à coronavirus 2019  
<sup>a</sup> Les barres correspondent au nombre d'éclosions déclarées par les trois principaux BSP ayant déclaré le plus grand nombre d'éclosions de COVID-19 dans les exploitations agricoles en Ontario et au nombre total d'éclosions de COVID-19 dans les exploitations agricoles déclarées par tous les autres BSP combinés. La ligne noire correspond au nombre total de cas de COVID-19 dans les exploitations agricoles signalés dans tous les BSP de l'Ontario. Les trois principaux BSP correspondent aux BSP où le plus grand nombre d'éclosions a été signalé dans la province : Bureau de santé publique du comté de Windsor-Essex (N = 35), Bureau de santé publique de Haldimand-Norfolk (N = 6) et Bureau de santé publique de Chatham-Kent (N = 4)

Si l'on compare les éclosions de COVID-19 selon la saison (**tableau 2**), le nombre total d'éclosions était le plus élevé au printemps et à l'automne (25 éclosions chacune); toutefois, le nombre total de cas associés aux éclosions était plus élevé au printemps (n = 1 292 cas, 58,7 %), suivi de l'automne (n = 772 cas, 35,1 %) et de l'été (n = 69 cas, 3,1 %). La durée des éclosions était également la plus longue pour les éclosions débutant au printemps, avec une durée moyenne de 43,2 jours (intervalle : 1 à 128 jours), suivi de l'automne (durée moyenne de 29,1 jours [intervalle : 0 à 76 jours]) et de l'été 14,2 jours (intervalle : 4 à 29 jours). La proportion d'éclosions survenues dans des exploitations agricoles classées comme des serres était plus élevée en été (83,3 %) et au printemps (68,0 %) qu'en automne (52,0 %). La majorité des éclosions sont apparues à Windsor-Essex, où il y a une forte densité d'exploitations agricoles, quelle que soit la saison.

Les cas liés à une éclosion étaient principalement des hommes (83,2 %), avec un âge médian de 35 ans. 221 (10,0 %) cas présentaient une ou plusieurs comorbidités et 121 (5,5 %) répondaient aux critères d'un statut à haut risque. La majorité d'entre eux étaient symptomatiques (n = 1 375; 62,4 %), tandis que 688 (31,2 %) étaient asymptomatiques et que les symptômes étaient absents dans 139 (6,3 %) cas. Au total, 16 (0,7 %) cas associés à une éclosion ont été hospitalisés, 8 (0,4 %) ont été admis aux soins intensifs et 3 (0,1 %) sont décédés. La majorité des cas associés à une éclosion ont été associés à trois BSP, soit 1 498 (68,0 %) à Windsor-Essex, 260 (11,8 %) à Haldimand-Norfolk et 143 (6,5 %) à Chatham-Kent (**tableau 3**).

**Tableau 2 : Éclosions de COVID-19 dans les exploitations agricoles en Ontario par saison<sup>a</sup>, du 1<sup>er</sup> janvier au 31 décembre 2020**

Description des éclosions et des cas associés aux éclosions		Printemps (20 mars au 19 juin)	Été (20 juin au 21 septembre)	Automne (20–22 septembre au 20 décembre)	Hiver (20 au 31 décembre) <sup>b</sup>	Total
Total d'éclosions		25	6	25	8	64
Total des cas associés à une éclosion	Total (N)	1 292	69	772	69	2 202
	Pourcentage du total (%)	58,7 %	3,1 %	35,1 %	3,1 %	100 %
	Nombre moyen de cas par éclosion (N)	51,7	11,5	30,9	8,6	34,4
	Nombre médian de cas par éclosion (N)	21	6,5	25	4	14,5
	Intervalle de cas par éclosion (N)	2–240	3–30	3–77	1–27	1–240
Durée des éclosions (jours)	Moyenne	43,2	14,2	29,1	13,8	31,3
	Médiane	38	14,5	24	11	23
	Intervalle <sup>c</sup>	1–128	4–29	0–76	0–34	0–128
Serres	Total d'éclosions (N)	17	5	13	2	37
	Pourcentage du nombre total d'éclosions (%) par saison	68,0 %	83,3 %	52,0 %	25,0 %	57,8 %
	Cas associés à une éclosion (N)	822	63	409	46	1 340
	Pourcentage du nombre total de cas (%) par saison	63,6 %	91,3 %	53,0 %	66,7 %	60,9 %

Abréviation : COVID-19, maladie à coronavirus 2019

<sup>a</sup> Il n'y a pas eu d'éclosions dans les exploitations agricoles du 1<sup>er</sup> janvier au 19 mars 2020

<sup>b</sup> Les données pour l'hiver sont limitées en raison de la période d'étude qui se termine le 31 décembre 2020; les données sont incluses ici pour une comparaison globale, mais ne sont pas incluses dans l'analyse et la discussion

<sup>c</sup> Zéro jour indique que tous les cas faisant partie de l'éclosion ont eu la même date d'épisode



**Tableau 3 : Caractéristiques des cas associés aux écloisions dans les exploitations agricoles pour les écloisions datées du 1<sup>er</sup> janvier au 31 décembre 2020**

Cas associés à une écloision	Fréquence	Proportion
Total	2 202	s.o.
<b>Sexe</b>		
Homme	1 831	83,2
Femme	332	15,1
Inconnu ou manquant	39	1,8
<b>Âge (années)</b>		
Moins de 10 ans	1	0,0
10 à 19	23	1,0
20 à 29	672	30,5
30 à 39	740	33,6
40 à 49	467	21,2
50 à 59	204	9,3
60 à 69	81	3,7
70 à 79	11	0,5
80 ans et plus	1	0,0
Inconnu	2	0,1
<b>Facteurs de risque médicaux</b>		
Une ou plusieurs comorbidité <sup>a</sup>	221	10,0
Statut à haut risque <sup>b</sup>	121	5,5
<b>Tableau clinique</b>		
Asymptomatique	688	31,2
Symptomatique	1 375	62,4
Symptômes manquants	139	6,3
<b>Résultats<sup>c</sup></b>		
Décès	3	0,1
USI	8	0,4
Hospitalisé	16	0,7
<b>Bureau de santé publique où l'écloision est apparue<sup>d</sup></b>		
Santé publique de Chatham-Kent	143	6,5
Bureau de santé de Haldimand-Norfolk	260	11,8
Santé publique de la région de Halton	82	3,7
Bureau de santé de Middlesex-London	31	1,4
Santé publique de la région de Niagara	83	3,8
Services de santé publique et d'urgence de la région de Waterloo	18	0,8
Bureau de santé du district de Simcoe Muskoka	24	1,1
Santé publique du Sud-Ouest	44	2,0
Bureau de santé du comté de Windsor-Essex	1 498	68,0

Abréviations : BPCO, bronchopneumopathie chronique obstructive; s.o., sans objet; USI, unité de soins intensifs

<sup>a</sup> Comprend : anémie, asthme, BPCO, cancer, maladie cardiovasculaire, maladie sous-jacente, maladie du foie, diabète, immunodéprimé, trouble neurologique, obésité, « autre », enceinte, maladie rénale, tuberculose

<sup>b</sup> Comprend : personnes âgées de 60 ans et plus, immunodéprimées, souffrant d'une maladie cardiovasculaire ou d'une BPCO

<sup>c</sup> Classés par ordre hiérarchique (i.e. chaque cas n'est compté qu'avec le résultat le plus élevé)

<sup>d</sup> Trois bureaux e santé publique comptant moins de 15 cas associés à une écloision n'ont pas été présentées dans le tableau

Par rapport aux cas associés aux écloisions dans les exploitations agricoles, les cas de la population générale ( $n = 177\,092$ ) présentaient davantage de comorbidités ( $n = 29\,620$ , 16,7 %,  $p < 0,05$ ) et une proportion plus élevée avait été hospitalisée ( $n = 2\,733$ , 1,5 %,  $p < 0,05$ ). Les proportions de cas admis aux soins intensifs ( $n = 651$ , 0,4 %,  $p = 0,49$ ) ou décédés ( $n = 237$ , 0,1 %,  $p = 0,45$ ) étaient similaires.

## Discussion

Les écloisions de COVID-19 dans les exploitations agricoles de l'Ontario se sont produites pendant la majeure partie de l'année 2020, avec une activité accrue au printemps et à l'automne, et ont été associées à 2 202 cas, 16 hospitalisations et 3 décès. Les écloisions agricoles ont culminé en mai 2020 et en décembre 2020, ce qui correspond à l'augmentation du nombre de cas de COVID-19 dans l'ensemble de la province (11). Le sommet printanier s'est produit après la mise en œuvre, en mars 2020, des restrictions de voyage et l'ordre de rester à la maison (12), et avant la mise en œuvre des directives provinciales sur les écloisions dans les exploitations agricoles et d'autres mesures de santé publique en Ontario, publiées en septembre 2020. Pendant les mois d'été, lorsque la transmission de la COVID-19 était faible dans la province, il y a eu moins d'écloisions en général et la majorité des écloisions se sont déclarées dans des serres. Le fait que le travail dans les serres se déroule dans un environnement intérieur bondé, à une époque où le port de masques à l'intérieur n'était pas systématiquement recommandé ou utilisé, peut avoir favorisé la transmission de la COVID-19 et avoir contribué à l'apparition d'écloisions dans les exploitations agricoles, même lorsque les niveaux de transmission communautaire étaient faibles. Le rôle relatif des conditions de travail à l'intérieur des serres bondées, par rapport à d'autres risques de transmission dans les exploitations agricoles, tels que le regroupement des travailleurs, mérite d'être étudié davantage.

Dans une étude antérieure sur les écloisions dans le lieu de travail et les cas associés aux écloisions en Ontario, le secteur agricole présentait l'un des taux d'incidence les plus élevés de COVID-19 par heures travaillées par rapport aux autres secteurs de la population active (13). En outre, pour la période allant du 1<sup>er</sup> avril au 31 août 2020, le secteur agricole a enregistré la deuxième plus forte proportion de cas associés à une écloision et de cas hospitalisés par rapport aux autres secteurs d'activité (13). Cette analyse se concentre spécifiquement sur les caractéristiques des écloisions et des cas liés aux exploitations agricoles afin de décrire leurs caractéristiques uniques et d'explorer les facteurs qui ont pu contribuer à la surreprésentation du secteur agricole dans les écloisions, en particulier les exploitations agricoles spécialisées dans la culture en serre, et leur rôle potentiel dans la contribution aux écloisions dans les exploitations agricoles. Une étude antérieure sur les écloisions survenant dans le lieu de travail en Ontario a également montré que les personnes



associées aux éclosions dans le lieu de travail sont plus jeunes, en meilleure santé et présentent des taux plus faibles de conséquences graves par rapport à la population générale (14). Comparativement aux cas associés à une éclosion dans le lieu de travail (toutes industries confondues) publiés précédemment, les cas associés à une éclosion dans les exploitations agricoles étaient plus jeunes, présentaient moins de comorbidités et avaient une proportion plus faible d'hospitalisations et de décès. Toutefois, dans cette analyse, par rapport à la population générale des cas du même âge, les cas associés à une éclosion dans une exploitation agricole présentaient des proportions similaires de résultats à l'égard des soins intensifs et des décès, malgré une proportion plus faible de comorbidités. Cela laisse entendre qu'il y avait des risques distinctifs pour les résultats les plus graves pour les éclosions dans les exploitations agricoles par rapport aux autres éclosions dans le lieu de travail.

Un certain nombre d'études antérieures font état de difficultés rencontrées par les travailleurs agricoles, qui pourraient contribuer à l'augmentation des taux d'éclosions de COVID-19 dans les exploitations agricoles. Dans l'État de New York, on a constaté que les travailleurs agricoles ne disposaient pas d'un accès adéquat à l'équipement de protection individuelle jusqu'à ce que les infections à la COVID-19 atteignent un « taux élevé alarmant » (15). La peur de perdre son emploi et d'être expulsé, l'absence de programmes de remplacement des revenus, l'isolement ou la maladie, les barrières linguistiques et culturelles et les horaires longs et irréguliers contribueraient à ce que les travailleurs agricoles évitent le dépistage ou le traitement (5,16). Cette question revêt une importance particulière en Ontario, où 31 % des travailleurs agricoles sont également des travailleurs étrangers temporaires, dont l'accès aux ressources est limité (3). On a également noté que les normes de logement présentent des lacunes dans de nombreuses administrations de l'Ontario, notamment des fenêtres qui ne peuvent pas s'ouvrir (ce qui limite la ventilation), des buanderies inadéquates (pour le nettoyage des vêtements de travail) et un taux d'occupation élevé (ce qui limite la distance physique dans les chambres à coucher et autres installations communes), ce qui peut contribuer à la propagation de la COVID-19 parmi les travailleurs agricoles (17).

### Limites

L'analyse épidémiologique de cette étude est sujette à des limites. Tout d'abord, seules les données saisies dans le PCCC étaient disponibles pour l'analyse. Le nombre de cas de COVID-19 dans la PCCC est sujet à divers degrés de sous-déclaration, car toutes les personnes atteintes de la COVID-19 n'ont pas développé de symptômes, n'ont pas consulté un médecin ou n'ont pas subi de tests et, par conséquent, la maladie peut ne pas avoir été déclarée. Par conséquent, le nombre de cas associés à chaque éclosion était probablement sous-estimé. En outre, quatre éclosions ont été classées comme « en cours » au moment de l'extraire les données et les données relatives à ces éclosions sont susceptibles d'être modifiées. Il est

possible que le statut de serre soit mal classé, car il a été codé manuellement. En outre, les données du PCCC ne précisent pas l'endroit de l'exploitation où l'éclosion s'est déclarée et les cas peuvent ne pas être liés à la serre. Il est donc difficile de tirer des conclusions définitives sur les exploitations agricoles spécialisées dans la culture en serre. D'autres facteurs potentiels associés aux éclosions, tels que les procédures locales de quarantaine, le nombre de travailleurs étrangers, le nombre de personnes vivant dans des logements partagés, n'étaient pas disponibles pour l'analyse.

### Conclusion

Grâce à l'introduction des vaccins contre la COVID-19 et aux mesures de prévention et de contrôle des infections sur le lieu de travail au cours de la pandémie, le risque d'éclosions de grande ampleur et de longue durée dans les exploitations agricoles a considérablement diminué. Toutefois, compte tenu de l'assouplissement des mesures de santé publique, y compris le port du masque à l'intérieur des bâtiments, de la reprise des voyages internationaux et du risque permanent d'émergence d'une nouvelle variante préoccupante plus transmissible, les exploitations agricoles peuvent continuer à être vulnérables aux éclosions de COVID-19. D'autres études sont nécessaires pour comprendre le rôle du travail en serre et d'autres facteurs susceptibles de contribuer à l'apparition d'éclosions de COVID-19 dans les exploitations agricoles.

### Déclaration des auteurs

H. P. — Conceptualisation, méthodologie, analyse formelle, interprétation des données et rédaction (révision et édition)  
 A. C. U. — Collecte, analyse et interprétation des données, rédaction (révision et édition)  
 S. B. — Interprétation des données, rédaction (révision et édition)  
 M. A. — Rédaction (révision et édition)  
 J. G. — Interprétation des données, rédaction (révision et édition)  
 M. M. — Conceptualisation, interprétation des données, rédaction (révision et édition)

### Intérêts concurrents

Aucun.

### Financement

Cette étude a été soutenue par Santé publique Ontario. Cette analyse a été approuvée par la Commission de l'évaluation éthique de Santé publique Ontario (2021-016.01).



## Remerciements

Nous remercions les services de bibliothèque de Santé publique Ontario pour leur aide dans l'élaboration des stratégies de recherche et la gestion des résultats. Nous remercions Donald Cole d'avoir revu les versions antérieures de notre rapport et de nous avoir fait part de ses commentaires judicieux.

## Références

1. Santé publique Ontario. Transmission de la COVID-19 par les particules respiratoires sur de courtes et de longues distances. SPO; 2022. [Consulté le 25 avril 2022]. [https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/phm/2022/01/covid-19-respiratory-transmission-range.pdf?sc\\_lang=fr](https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/phm/2022/01/covid-19-respiratory-transmission-range.pdf?sc_lang=fr)
2. Gouvernement du Canada. Sécurité publique Canada. Orientation sur les services et les fonctions essentiels au Canada pendant la pandémie de la COVID-19. [Consulté le 5 juin 2022]. <https://www.securitepublique.gc.ca/cnt/ntnl-scrct/crtcl-nfrstrctr/esf-sfe-fr.aspx>
3. Statistique Canada. L'Ontario est une puissance agricole qui est chef de file de nombreuses catégories agricoles. Ottawa, ON : StatCan; 2022. [Consulté le 30 janv. 2023]. <https://www150.statcan.gc.ca/n1/pub/96-325-x/2021001/article/00006-fra.htm>
4. Santé publique Ontario. Agence Ontarienne de protection et de promotion de la santé. Transmission de la COVID-19 par les particules respiratoires sur de courtes et de longues distances. Toronto, ON : SPO; 2022. [https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/phm/2022/01/covid-19-respiratory-transmission-range.pdf?sc\\_lang=fr](https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/phm/2022/01/covid-19-respiratory-transmission-range.pdf?sc_lang=fr)
5. Flocks J. The Potential Impact of COVID-19 on H-2A Agricultural Workers. *J Agromed* 2020;25(4):367–9. DOI PubMed
6. Handal AJ, Iglesias-Ríos L, Fleming PJ, Valentín-Cortés MA, O'Neill MS. "Essential" but Expendable: Farmworkers During the COVID-19 Pandemic-The Michigan Farmworker Project. *Am J Public Health* 2020;110(12):1760–2. DOI PubMed
7. Ministère de l'agriculture, de l'alimentation et des affaires rurales de l'Ontario. Lignes directrices du Programme élargi de protection au travail pour le secteur agroalimentaire. [Consulté le 25 fév. 2021]. <https://www.ontario.ca/fr/page/lignes-directrices-du-programme-elargi-de-protection-au-travail-pour-le-secteur>
8. Ontario Ministry of Health. COVID-19 Guidance: On-Farm Outbreak Management. September 2020. Government of Ontario.
9. Ministère de la santé de l'Ontario. Plan de mise en œuvre de la distribution des vaccins de l'Ontario. Toronto, ON : Gouvernement de l'Ontario; 2020. [Consulté le 4 fév. 2023]. <https://www.ontario.ca/fr/page/plan-de-mise-en-oeuvre-de-la-distribution-des-vaccins-de-lontario>
10. Conseil national de recherches Canada. Quand débutent les saisons? [Consulté le 25 fév. 2021]. <https://nrc.canada.ca/fr/certifications-evaluations-normes/heure-officielle-canada/3-quand-debutent-saisons>
11. Santé publique Ontario. Données sur la COVID-19 et surveillance. [Consulté le 5 mars 2021]. <https://www.publichealthontario.ca/fr/data-and-analysis/infectious-disease/covid-19-data-surveillance>
12. Cabinet du premier ministre. L'Ontario déclare la situation d'urgence pour protéger la population. Toronto, ON : Gouvernement de l'Ontario; mars 2020. [Consulté le 30 janv. 2023]. <https://news.ontario.ca/fr/release/56356/lontario-declare-la-situation-durgence-pour-protoger-la-population>
13. Buchan SA, Smith PM, Warren C, Murti M, Mustard C, Kim JH, Menon S, Brown KA, van Ingen T, Smith BT. Incidence of outbreak-associated COVID-19 cases by industry in Ontario, Canada, 1 April 2020-31 March 2021. *Occup Environ Med* 2022;79(6):403–11. DOI PubMed
14. Murti M, Achonu C, Smith BT, Brown KA, Kim JH, Johnson J, Ravindran S, Buchan SA. COVID-19 workplace outbreaks by industry sector and their associated household transmission, Ontario, Canada, January to June, 2020. *J Occup Environ Med* 2021;63(7):574–80. DOI PubMed
15. Dudley MJ. Reaching Invisible and Unprotected Workers on Farms during the Coronavirus Pandemic. *J Agromed* 2020;25(4):427–9. DOI PubMed
16. Mema S, Frosst G, Hanson K, Yates C, Anderson A, Jacobsen J, Guinard C, Lima A, Andersen T, Roe M. Épidémie de COVID-19 chez les travailleurs étrangers temporaires en Colombie-Britannique, entre mars et mai 2020. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2021;47(1):5–10. DOI
17. McLaughlin J. Trouble in our fields: health and human rights among Canada's foreign migrant agricultural workers. Forthcoming 2009. Doctoral Thesis. Department of Anthropology, University of Toronto. <https://www.semanticscholar.org/paper/Trouble-in-our-Fields%3A-Health-and-Human-Rights-and-Mclaughlin/bd5e698197c9a5f4c5f1ff12a26dd754b23c04d8>



# Détection par la réaction en chaîne quantitative de la polymérase après transcription inverse en temps réel du variant Delta du SRAS-CoV-2 dans les eaux usées du Canada

Shelley Peterson<sup>1</sup>, Jade Daigle<sup>1</sup>, Codey Dueck<sup>1</sup>, Audra Nagasawa<sup>2</sup>, Michael Mulvey<sup>1,3</sup>, Chand S Mangat<sup>1\*</sup>

## Résumé

**Contexte :** Les variants préoccupants du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2) sont associés à une augmentation de l'infectivité, de la gravité et de la mortalité de la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) et sont de plus en plus souvent détectés dans le cadre de la surveillance clinique et de la surveillance des eaux usées au Canada et dans le reste du monde. Dans cette étude, nous présentons un essai de réaction en chaîne quantitative de la polymérase après la transcription inverse en temps réel (RT-qPCR) pour la détection de la mutation D377Y du gène N associée au variant Delta du SRAS-CoV-2 dans les eaux usées.

**Méthodes :** Des échantillons d'eaux usées (n = 980) ont été prélevés dans six villes et 17 collectivités rurales du Canada de juillet à novembre 2021 et ont fait l'objet d'un dépistage de la mutation D377Y.

**Résultats :** Le variant Delta a été détecté dans toutes les grandes villes canadiennes et les régions éloignées du Nord, ainsi que dans la moitié des collectivités rurales du sud. La sensibilité et la spécificité de cet essai étaient suffisantes pour détecter et quantifier le variant Delta dans les eaux usées afin de contribuer à un dépistage et à une surveillance rapides au niveau de la population.

**Conclusion :** Cette étude démontre un nouveau test RT-qPCR rentable pour suivre la propagation du variant Delta du SRAS-CoV-2. Ce test rapide peut être facilement intégré dans les programmes actuels de surveillance des eaux usées afin de faciliter le suivi des variants au niveau de la population.

**Citation proposée :** Peterson SW, Daigle J, Dueck C, Nagasawa A, Mulvey MR, Mangat CS. Détection par la réaction en chaîne quantitative de la polymérase après transcription inverse en temps réel du variant Delta du SRAS-CoV-2 dans les eaux usées du Canada. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2023;49(5):238–46. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v49i05a07f>

**Mots-clés :** SRAS-CoV-2, eaux usées, variant, Delta, B.1.617.2, qPCR

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



## Affiliations

<sup>1</sup> Unité de surveillance des eaux usées, Laboratoire national de microbiologie, Agence de la santé publique du Canada, Winnipeg, MB

<sup>2</sup> Centre de données sur la santé de la population, Statistique Canada, Ottawa, ON

<sup>3</sup> Département de la microbiologie médicale et des maladies infectieuses, Collège de médecine Max Rady, Université du Manitoba, Winnipeg, MB

## \*Correspondance :

[chand.mangat@phac-aspc.gc.ca](mailto:chand.mangat@phac-aspc.gc.ca)



## Introduction

La pandémie de coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2) a débuté à Wuhan, en Chine, fin 2019, avant de devenir une pandémie mondiale en 2020. À partir du mois de septembre 2020, des variants préoccupants (VP) ont commencé à émerger, présentant des mutations entraînant une augmentation des taux de transmission virale, une virulence accrue ou la capacité d'échapper aux vaccins existants (1–4). Le 11 mai 2021, l'Organisation mondiale de la Santé a déclaré que le variant Delta (B.1.617.2) était un VP (5). Il a été démontré que le variant Delta est à la fois plus transmissible et plus virulent que le type sauvage (TS) (Wuhan) (6–8).

L'épidémiologie des eaux usées s'est avérée un outil puissant pour suivre la propagation du SRAS-CoV-2 au niveau de la population, et est récemment devenue essentielle pour surveiller la diffusion des VP au Canada et dans le monde (9–12). Les essais de réaction en chaîne quantitative de la polymérase après transcription inverse en temps réel (RT-qPCR) ont déjà été élaborés pour identifier les mutations associées aux VP émergents, notamment Alpha (Sdel69-70, ND3L), Beta (Sdel241, N501Y) et Gamma (N501Y) (13–15). La détection précoce des VP peut potentiellement conduire à une amélioration des réactions de santé publique, telles que l'augmentation du séquençage des isolats cliniques, la surveillance accrue et l'amélioration des mesures de santé publique. La surveillance des quantités relatives des variants du SRAS-CoV-2 au fil du temps peut être utile pour suivre les tendances de la transmission virale et, éventuellement, évaluer l'efficacité réelle des interventions en santé publique (16).

Dans ce rapport, nous décrivons un nouveau test RT-qPCR pour la détection de l'allèle D377Y du gène N, associé au variant Delta dans les eaux usées. Nous avons appliqué ce test à des échantillons d'eaux usées prélevés dans 36 sites d'échantillonnage situés dans 23 villes canadiennes, éloignées ou urbaines, afin de surveiller la propagation du variant Delta dans l'ensemble du pays. Cette approche de surveillance au niveau de la population pourrait être utile pour suivre l'évolution de la prévalence des VP et les effets des interventions en santé publique visant à réduire la propagation virale dans les régions sanitaires.

## Méthodes

### Prélèvement d'échantillons et extraction des acides nucléiques

Les eaux usées ont été collectées entre le 30 juin et le 1<sup>er</sup> décembre 2021 dans 16 stations de traitement des eaux usées urbaines (STEU) de six villes, ainsi que 20 STEU et des stations de relèvement de 17 (petites) villes et localités rurales du Canada. Quinze des STEU de cinq villes ont été échantillonnées

dans le cadre de l'enquête canadienne sur les eaux usées de Statistique Canada (17). Un échantillon composite de 24 heures a été prélevé trois fois par semaine dans chaque station de traitement et expédié au Laboratoire national de microbiologie à 4 °C. Les échantillons ont été conservés à 4 °C pendant 24 heures jusqu'à ce qu'ils soient traités.

Un échantillon de 300 ml des effluents primaires après tamisage ou de l'eau usée brute a été mélangé par inversion, puis une aliquote de 30 ml a été prélevée et traitée selon la procédure décrite précédemment (14). L'ARN a été extrait à l'aide de la trousse grand volume « MagNA Pure 96 DNA and Viral NA » (Roche Diagnostics, Laval, Québec) en utilisant le protocole « Plasma External Lysis 4.0 » selon les instructions du fabricant.

### Conception de l'essai concernant le variant préoccupant Delta

Un essai a été conçu pour détecter la mutation D377Y consistant en un G->T dans le gène N (G29406T) en raison de sa rareté relative dans la population canadienne générale des génomes du SRAS-CoV-2 et de son exclusivité relative au sein du génome du variant Delta (communication personnelle, G. Van Domselaar). Cet essai a été conçu pour détecter à la fois les séquences des TS et les séquences des variants (V) pour chaque allèle, ce qui permet de faire la distinction entre les V et l'ARN des TS du SRAS-CoV-2.

La séquence du TS du SRAS-CoV-2 (NC\_045512.1), ainsi que les séquences du variant Delta (EPI\_ISL\_1372093, EPI\_ISL\_2134533, EPI\_ISL\_2134644, EPI\_ISL\_2134933, EPI\_ISL\_2135087), ont été obtenues auprès de la « Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data » (18) et utilisées pour la conception d'amorces et de sondes. Des amorces oligonucléotidiques et des sondes ont été choisies pour chaque région cible à l'aide du logiciel Primer Express v3.0 (Thermo Fisher Scientific, Waltham, Massachusetts) et de Primer3 v4.1.0 (19). Des fragments linéaires d'oligonucléotides d'ADNdb (ADN Intégré, Coralville, Iowa) constitués de la région génique entourant la région du variant pour la séquence TS ou V (**tableau A1**) ont été utilisés comme normes et quantifiés à l'aide d'une trousse RT-ddPCR avancée en une étape pour les sondes (Bio-Rad, Mississauga, Ontario) sur un système de PCR numérique par gouttelettes QX200 (Bio-Rad).

### Conditions d'essai de la réaction en chaîne quantitative de la polymérase après la transcription inverse en temps réel

RT-qPCR a été effectué pour les essais D377Y TS et V, avec les essais N1 et N2 des Centres pour le contrôle et la prévention des maladies des États-Unis et interprété comme décrit précédemment (14,20) avec des concentrations de 500 nM de chaque amorce (D377Y\_F : CATTCCCACCAACAGAGCCT,



D377Y\_R : TGTCTCTGCGGTAAGGCTTG) et 500 nM de chaque sonde (D377Y\_TS : AGAAGGCTGATGAAA, D377Y\_V : AGAAGGCTTATGAAAC). Chaque PCR en temps réel a été réalisée en duplicata ou en triplicata, comme indiqué, avec les témoins sans modèle et les témoins positifs appropriés.

### Détermination de la limite de détection

La limite de détection (LD) de l'essai a été évaluée comme étant la concentration la plus faible à laquelle il y avait > 95 % de positivité du test dans 15 répétitions d'une série de dilutions en série 1,5 fois de 45 copies/réaction (cp/rxn) à 1,8 cp/rxn des normes d'oligonucléotides d'ADNdb.

### Analyse de données

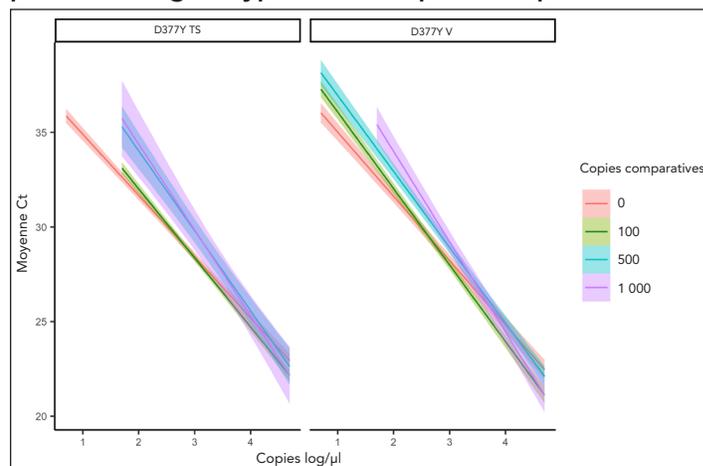
Les efficacités d'amplification (E) ont été calculées en utilisant  $E = -1 + 10^{(-1/\text{pente})} \times 100$ . Les analyses de données ont été effectuées en utilisant la version R 4.1.1 sur RStudio à l'aide des progiciels tidyverse (21).

## Résultats

Les limites de détection de l'essai étaient de 4 cp/rxn (TS) et de 3 cp/rxn (V) lorsqu'elles étaient mesurées en tant qu'échantillon pur sans allèles interférents. Ces LD étaient proches de la limite théorique de la RT-qPCR et suffisantes pour une détection sensible dans les eaux usées, où les concentrations d'ARN du SRAS-CoV-2 peuvent être très faibles. Les courbes standard étaient comme suit : TS (pente = -3,45, intercept = 38,52,  $R^2 = 0,999$ ); et V (pente = -3,29, intercept = 38,25,  $R^2 = 0,999$ ). Les efficacités d'amplification des réactions TS et V étaient respectivement de 101 % et 95 %.

Comme les quantités relatives de modèle TS et V dans les échantillons d'eau usée peuvent varier considérablement, des courbes standard ont également été créées pour chaque essai en présence de 100, 500 et 1 000 cp/μL de l'allèle alternatif afin d'évaluer leur stabilité (**figure 1**). La présence du modèle TS a eu un effet limité sur la détection du modèle V avec l'essai du variant, avec une perte de signal à 1 cp/μL TS seulement en présence de 1 000 cp/μL TS; une concentration beaucoup plus élevée que celle qui est susceptible d'être détectée dans les eaux usées. La présence du modèle V a entraîné une diminution de la sensibilité et une augmentation de la marge d'erreur de l'essai TS, avec une détection à 10 cp/μL TS, mais pas à 1 cp/μL TS en présence de n'importe quelle concentration du modèle V. Les écarts types des deux essais ont été déterminés en utilisant les allèles alternatifs dans cette expérience afin d'évaluer la variance sur une gamme de concentrations. Les écarts types ont été calculés en moyenne sur trois concentrations (100 cp/μL, 500 cp/μL et 1 000 cp/μL) et étaient de 0,38 Ct (TS) et 0,31 (V), contre 0,09–0,18 pour les essais publiés antérieurement (14).

**Figure 1 : Courbes standard pour les essais D377Y en présence du génotype alternatif pour chaque allèle<sup>a</sup>**



Abréviations : Ct, cycle de seuil; SRAS-CoV-2, coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère; TS, type sauvage; V, variant

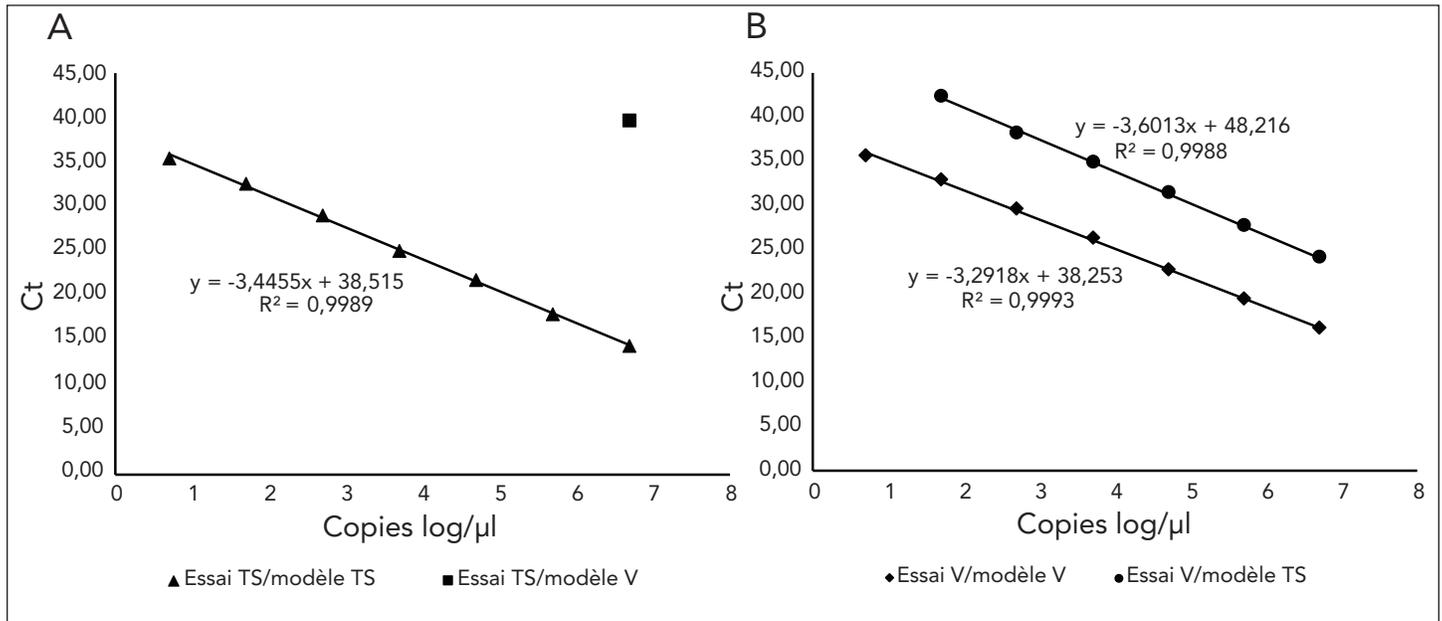
<sup>a</sup> Courbes standard pour les essais de réaction en chaîne quantitative de la polymérase après la transcription inverse en temps réel SRAS-CoV-2 de type sauvage et du variant D377Y B.1.1.617 par rapport à des dilutions au décuple des témoins ADN oligonucléotides en présence de 100, 500 et 1 000 copies/μL du génotype alternatif pour chaque allèle

Pour tester la spécificité analytique, les cibles TS et V ont été testées en triplicata contre des dilutions en série de  $10^6$  cp/μL à  $10^0$  cp/μL de l'oligonucléotide de l'allèle alternatif. Le test TS a montré une réactivité croisée négligeable, avec une détection retardée de 25 Ct en présence de  $1 \times 10^6$  cp/μL TS. L'essai V a montré une réactivité croisée avec le modèle TS; cependant, l'amplification a été retardée de ~8 Ct (**figure 2**).

Un total de 980 échantillons provenant de 36 stations de traitement des eaux usées et stations de relèvement urbaines et éloignées du Canada ont été prélevés entre le 30 juin et le 1<sup>er</sup> décembre 2021 (**tableau A2**). Parmi ceux-ci, 539 (55 %) ont eu un test positif pour la mutation D377Y du variant Delta du SRAS-CoV-2, 210 (21,4 %) ont eu un test positif pour N1/N2 uniquement et 232 (23,6 %) échantillons ont eu un test négatif à la fois pour N1/N2 et D377Y. En outre, 8 échantillons (0,8 %) ont permis de détecter le SRAS-CoV-2 par les tests D377Y mais non par les tests N1/N2. Pour sept d'entre eux, le test D377Y n'a été détecté que dans un des deux tests répétés et pour six autres, la détection était < 10 cp/mL. Le variant Delta a été détecté dans les six grandes villes, la détection initiale survenant entre le 11 juillet et le 30 août dans les grandes villes et le 7 octobre dans le NL11 (St. John's) (**figure 3**). Le signal du variant Delta a été initialement détecté dans la majorité des villes entre le 17 et le 22 juillet. Le signal maximal (concentration la plus élevée de Delta détectée) dans les villes tout au long de la période d'étude allant de 22 juillet au 18 octobre, soit en moyenne 32 jours après la détection initiale (intervalle : 0–66, EI : 10–49). Après la détection initiale dans cinq des six villes, le signal Delta a rapidement augmenté, devenant à peu près équivalent au signal SRAS-CoV-2 N1 + N2 pendant le reste de la période d'étude. Cette forte augmentation est le signe d'un déplacement rapide des autres variants en circulation par Delta, comme cela a été



Figure 2 : Courbes standard<sup>a,b,c</sup> pour les essais d'amplification en chaîne de la polymérase en temps réel du D377Y effectués avec des dilutions en série d'oligonucléotides d'ADN synthétiques pour les allèles de type sauvage et du variant D377Y



Abréviations : Ct, cycle de seuil; TS, type sauvage; V, variant

<sup>a</sup> Pour toutes les courbes standard, les équations pour les lignes et les valeurs R<sup>2</sup> sont indiquées

<sup>b</sup> (A) Courbe standard pour le test TS utilisant le modèle TS et la réactivité croisée avec le modèle V

<sup>c</sup> (B) Courbe standard pour l'essai V utilisant le modèle V (ligne continue) et réactivité croisée avec le modèle TS (ligne en tirets)

observé dans les cas cliniques par la surveillance génomique des **variants du SRAS-CoV-2**. Le signal Delta n'a été détecté que deux fois au cours de la période d'étude à St. John's (Terre-Neuve-et-Labrador) et le signal SRAS-CoV-2 est resté faible, une situation que l'on retrouve généralement dans les localités les plus éloignées de l'étude.

Les régions peu peuplées étudiées dans le cadre de cette étude ont montré une détection moins constante du D377Y, la détection dans 50 % des sites éloignés de Terre-Neuve-et-Labrador (n = 6/12) pendant au moins un point temporel tout au long de la période d'échantillonnage. À Terre-Neuve-et-Labrador, D377Y n'a pas été détecté dans 4/6 sites avant la dernière semaine d'octobre 2021, tandis que les deux sites restants ont connu une détection en juillet et en septembre.

Dans les régions territoriales du Nord, le signal Delta a été détecté dans les six sites des Territoires du Nord-Ouest et dans les deux sites du Nunavut (NU) pendant au moins un point temporel. Le variant NU1 a fait l'objet d'une détection sporadique à faible niveau en septembre, tandis que le variant D377Y a été détecté dans NU2 d'août à mi-septembre, avec un signal maximal de forte intensité le 8 septembre. Le variant NT1 n'a été échantillonné qu'en novembre, avec des niveaux de détection élevés tout au long du mois. Le signal Delta a été détecté pour la première fois entre le 12 et le 19 août dans quatre des cinq autres sites des Territoires du Nord-Ouest, et le

20 septembre pour le dernier site. Quatre sites des Territoires du Nord-Ouest (NT1, NT4-NT6) n'ont pas été échantillonnés au cours du mois d'octobre.

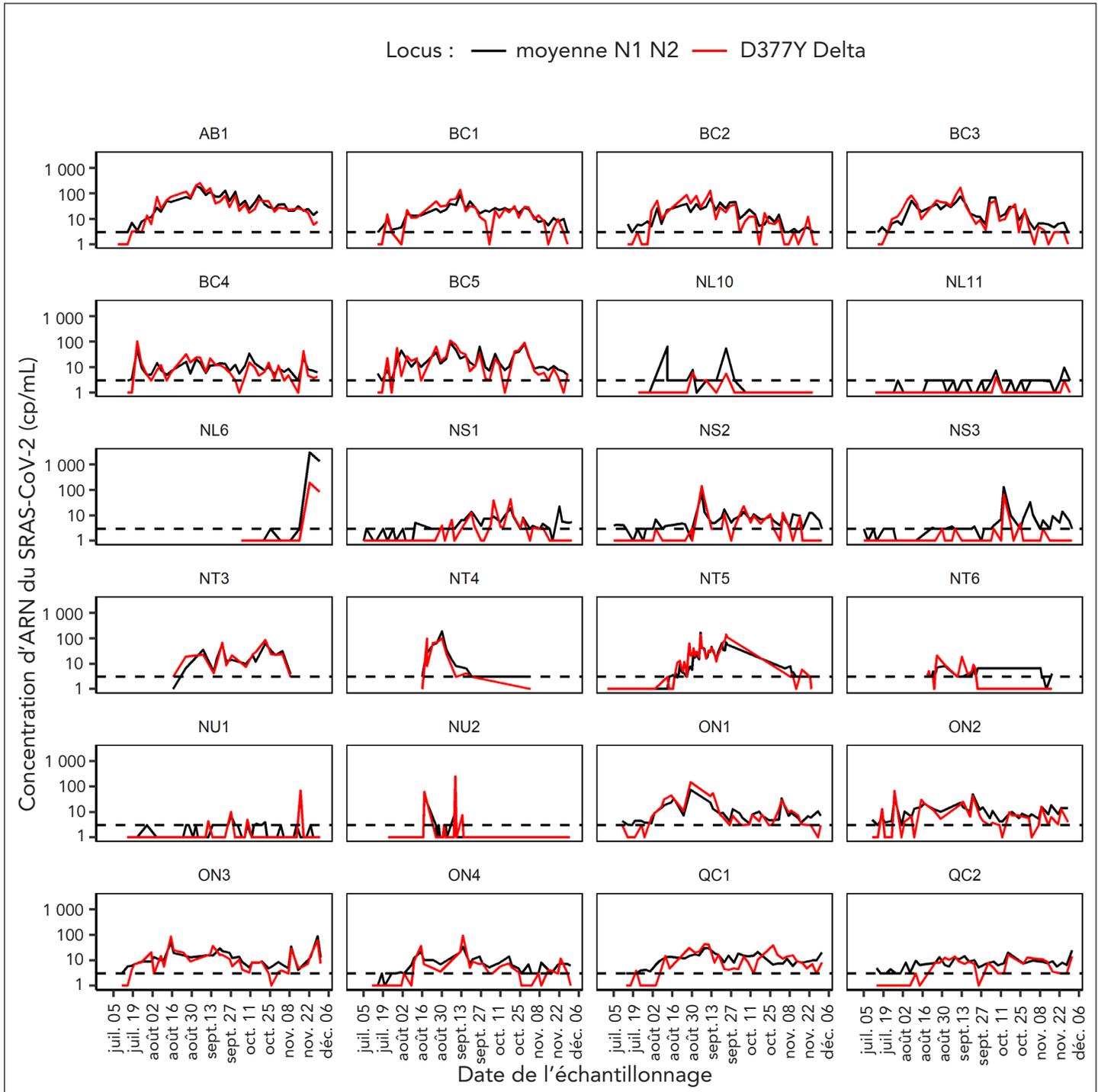
## Discussion

Cette étude décrit la réalisation des essais de RT-qPCR pour détecter la mutation D377Y du gène N associée au variant Delta du SRAS-CoV-2. Les LD de cet essai étaient proches de la limite théorique de RT-qPCR et suffisantes pour une détection sensible dans les eaux usées, où les concentrations d'ARN du SRAS-CoV-2 peuvent être très faibles. La robustesse et la sensibilité du composant V de l'essai permettent d'analyser les tendances et, le cas échéant, de détecter les alertes précoces dans les collectivités et de surveiller le déclin de la vague du Delta.

L'essai D377Y V est utile pour suivre la propagation du variant Delta dans les eaux usées, puisqu'il a été utilisé pour surveiller la propagation du variant Delta dans huit grandes villes et 26 villes et localités rurales à travers le Canada sur une période de quatre mois. Le variant Delta a été détecté dans les eaux usées de toutes les grandes villes canadiennes, avec une augmentation rapide du signal peu après le début de la détection, ce qui indique une propagation rapide de Delta et un déplacement des autres variants. Le signal Delta a également été observé dans environ la moitié des localités rurales du sud du Canada et dans



Figure 3 : Détection du variant Delta du SRAS-CoV-2 dans les eaux usées des villes et des zones rurales du Canada à l'aide d'une réaction en chaîne quantitative de la polymérase après la transcription inverse en temps réel<sup>a,b</sup>



Abréviations : AB, Alberta; ARN, acide ribonucléique; BC, Colombie-Britannique; NL, Terre-Neuve-et-Labrador; NS, Nouvelle-Écosse; NT, Territoires du Nord-Ouest; NU, Nunavut; ON, Ontario; QC, Québec; SRAS-CoV-2, coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère

<sup>a</sup> La ligne rouge représente les copies/ml (cp/ml) de la mutation D377Y indiquant la présence du variant Delta

<sup>b</sup> La ligne noire représente la concentration de SRAS-CoV-2 en utilisant la moyenne des Centres pour le contrôle et la prévention des maladies N1 et N2 cp/mL. Les sites testés sur une période de moins d'un mois ou avec moins de trois échantillons dans lesquels le SRAS-CoV-2 a été détecté par N1 ou N2 ne sont pas indiqués. La ligne en tirets représente la limite de quantification de l'essai. Les sites sont décrits dans le tableau A2



toutes les localités du nord du Canada. Ces données démontrent l'utilité de cet essai pour suivre la propagation du variant Delta du SRAS-CoV-2. Ces essais RT-qPCR en une seule étape peuvent être facilement intégrés dans les programmes de surveillance des eaux usées actuellement utilisés pour contribuer à la surveillance du SRAS-CoV-2.

### Limites

Les limites de l'essai comprennent la perte de sensibilité en présence de l'allèle V, qui limite l'interprétation du composant TS de l'essai pendant le début d'une vague Delta, où des niveaux élevés de matériel génomique du variant atténueront le signal TS. Ceci est cohérent avec les études précédentes qui ont trouvé un niveau similaire de réactivité croisée entre les essais du variant et de TS (13,22). Dans les échantillons d'eaux usées, cette réactivité croisée retardée est négligeable, car la concentration de SRAS-CoV-2 est très faible. Les autres limites de cet essai sont les suivantes : 1) une détection incohérente lorsque la concentration d'ARN dans les échantillons est proche de la LD de l'essai ou 2) la présence d'inhibiteurs dans les eaux usées. Les limites de la surveillance basée sur les eaux usées comprennent la limitation des tests aux populations présentes dans le bassin récepteur des eaux usées, les variations de l'excrétion virale entre les variants du SRAS-CoV-2 et les personnes infectées, et les variations de la composition des eaux usées dues aux événements météorologiques ou industriels.

Le variant Delta du SRAS-CoV-2 est défini par 27 mutations, qui sont généralement détectées par le séquençage du génome entier (3,23–25). Si la détection d'une mutation telle que D377Y n'est pas déterminante pour la présence du variant Delta, elle l'est fortement, car la mutation D377Y du gène N est très rare dans les souches autres que Delta (26).

### Conclusion

La surveillance par RT-qPCR est une méthode rapide et rentable de dépistage des variants du SRAS-CoV-2 dans les eaux usées et les échantillons cliniques. Ces essais complètent les essais de détection des variants du SRAS-CoV-2 décrits précédemment (14) pour la surveillance des variants du SRAS-CoV-2 dans les eaux usées. La surveillance basée sur les eaux usées est un outil précieux pour suivre la propagation des variants du SRAS-CoV-2 au niveau de la population dans les régions où les tests cliniques sont limités. La fraction relative du variant Delta mesurée dans les eaux usées à l'aide de l'essai conçu dans le cadre de ce travail a été communiquée aux décideurs en matière de santé publique par le biais d'un rapport hebdomadaire dans un réseau de sites de surveillance à travers le Canada. À notre connaissance, ces données ont été utilisées comme un flux complémentaire de renseignements sur la santé publique et n'ont pas fait l'objet d'une action directe. Ainsi, au cours de la pandémie, ce sont principalement les dirigeants de la lutte contre les maladies infectieuses et de la santé publique qui ont utilisé les données de surveillance des eaux usées, probablement en raison d'un manque de confiance dû à l'absence des antécédents et à

la méconnaissance des données, ainsi qu'à l'examen et à la pression du public associés à la pandémie. Nous espérons que ce travail et celui des autres établiront une base de cas d'utilisation qui améliorera la capacité d'action de la surveillance des eaux usées. Un cas d'utilisation prudente pourrait consister à maintenir des mesures de contrôle des infections à grande échelle sur la base des données de surveillance des eaux usées. Bien que plus d'un an se soit écoulé depuis la vague Delta, l'essai décrit ici reste pertinent, car des sous-lignées des VP Delta ont été observées dans des populations sauvages de cerfs de Virginie (27,28) et ce travail pourrait contribuer à la surveillance de l'expansion de la gamme d'hôtes de ce virus. Compte tenu du nombre élevé de cas asymptomatiques de la COVID-19 et des capacités de test limitées au niveau mondial, l'augmentation des capacités de surveillance par le suivi de la propagation des variants du SRAS-CoV-2 dans les eaux usées peut contribuer aux efforts en matière de santé publique.

### Déclaration des auteurs

S. W. P. — Conceptualisation, méthodologie, investigation, validation, rédaction, visualisation  
J. D. — Méthodologie, investigation, validation  
C. D. — Méthodologie, investigation, validation  
A. N. — Conceptualisation, ressources, administration du projet  
M. R. M. — Conceptualisation, supervision, administration du projet  
C. S. M. — Conceptualisation, rédaction, supervision, recherche de financement, administration du projet

### Intérêts concurrents

Aucun.

### Financement

Ce travail a été soutenu par des fonds autogénérés de l'Agence de la santé publique du Canada.

### Remerciements

Nous tenons à remercier Stacie Langner, Umar Mohammed, Graham Cox, Quinn Wonitowy, Nestor Medina, Nataliya Zharska, Ravinder Lidder et Dave Spreitzer pour leur assistance technique et leur soutien. Chrystal Landgraff et Gary von Domselaar pour avoir fourni des données génomiques sur le SRAS-CoV-2 en circulation au Canada. Le personnel du laboratoire provincial Cadham chargé de la détection des virus, ainsi que les collectivités et les municipalités qui ont fourni des échantillons d'eaux usées à des fins d'analyse.



## Références

1. Coronaviridae Study Group of the International Committee on Taxonomy of Viruses. The species Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2. *Nat Microbiol* 2020;5(4):536–44. [DOI PubMed](#)
2. Naveca F, Nascimento V, Souza V, Corado A, Nascimento F, Silva G, Costa A, Duarte D, Pessoa K, Goncalves L, Brandao MJ, Jesus M, Fernandes C, Pinto R, Silva M, Mattos T, Wallau GL, Siqueira MM, Resende PC, Delatorre E, Graf T. Phylogenetic relationship of SARS-CoV-2 sequences from Amazonas with emerging Brazilian variants harboring mutations E484K and N501Y in the Spike protein. <https://virological.org/t/phylogenetic-relationship-of-sars-cov-2-sequences-from-amazonas-with-emerging-brazilian-variants-harboring-mutations-e484k-and-n501y-in-the-spike-protein/585>
3. Tegally H, Wilkinson E, Giovanetti M, Iranzadeh A, Fonseca V, Giandhari J, Doolabh D, Pillay S, San EJ, Msomi N, Mlisana K, von Gottberg A, Walaza S, Allam M, Ismail A, Mohale T, Glass AJ, Engelbrecht S, Van Zyl G, Preiser W, Petruccione F, Sigal A, Hardie D, Marais G, Hsiao NY, Korsman S, Davies MA, Tyers L, Mudau I, York D, Maslo C, Goedhals D, Abrahams S, Laguda-Akingba O, Alisoltani-Dehkordi A, Godzik A, Wibmer CK, Sewell BT, Lourenço J, Alcantara LC, Kosakovsky Pond SL, Weaver S, Martin D, Lessells RJ, Bhiman JN, Williamson C, de Oliveira T. Detection of a SARS-CoV-2 variant of concern in South Africa. *Nature* 2021;592(7854):438–43. [DOI PubMed](#)
4. Volz E, Mishra S, Chand M, Barrett JC, Johnson R, Geidelberg L, Hinsley WR, Laydon DJ, Dabrera G, O'Toole Á, Amato R, Ragonnet-Cronin M, Harrison I, Jackson B, Ariani CV, Boyd O, Loman NJ, McCrone JT, Gonçalves S, Jorgensen D, Myers R, Hill V, Jackson DK, Gaythorpe K, Groves N, Sillitoe J, Kwiatkowski DP, Flaxman S, Ratmann O, Bhatt S, Hopkins S, Gandy A, Rambaut A, Ferguson NM; COVID-19 Genomics UK (COG-UK) consortium. Assessing transmissibility of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7 in England. *Nature* 2021;593(7858):266–9. [DOI PubMed](#)
5. World Health Organization Tracking SARS-CoV-2 Variants. Geneva (CH): WHO; 2023. <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>
6. Choi JY, Smith DM. SARS-CoV-2 Variants of Concern. *Yonsei Med J* 2021;62(11):961–8. [DOI PubMed](#)
7. Fisman DN, Tuite AR. Evaluation of the relative virulence of novel SARS-CoV-2 variants: a retrospective cohort study in Ontario, Canada. *CMAJ* 2021;193(42):E1619–25. [DOI PubMed](#)
8. Tao K, Tzou PL, Nouhin J, Gupta RK, de Oliveira T, Kosakovsky Pond SL, Fera D, Shafer RW. The biological and clinical significance of emerging SARS-CoV-2 variants. *Nat Rev Genet* 2021;22(12):757–73. [DOI PubMed](#)
9. Ahmed W, Angel N, Edson J, Bibby K, Bivins A, O'Brien JW, Choi PM, Kitajima M, Simpson SL, Li J, Tschärke B, Verhagen R, Smith WJ, Zaugg J, Dierens L, Hugenholtz P, Thomas KV, Mueller JF. First confirmed detection of SARS-CoV-2 in untreated wastewater in Australia: A proof of concept for the wastewater surveillance of COVID-19 in the community. *Sci Total Environ* 2020;728:138764. [DOI PubMed](#)
10. Daigle J, Racher K, Hazenberg J, Yeoman A, Hannah H, Duong D, Mohammed U, Spreitzer D, Gregorchuk BS, Head BM, Meyers AF, Sandstrom PA, Nichani A, Brooks JI, Mulvey MR, Mangat CS, Becker MG. A sensitive and rapid wastewater test for SARS-COV-2 and its use for the early detection of a cluster of cases in a remote community. *Appl Environ Microbiol* 2022;88(5):e0174021. [DOI PubMed](#)
11. Kumar M, Patel AK, Shah AV, Raval J, Rajpara N, Joshi M, Joshi CG. First proof of the capability of wastewater surveillance for COVID-19 in India through detection of genetic material of SARS-CoV-2. *Sci Total Environ* 2020;746:141326. [DOI PubMed](#)
12. Westhaus S, Weber FA, Schiwy S, Linnemann V, Brinkmann M, Widera M, Greve C, Janke A, Hollert H, Wintgens T, Ciesek S. Detection of SARS-CoV-2 in raw and treated wastewater in Germany - Suitability for COVID-19 surveillance and potential transmission risks. *Sci Total Environ* 2021;751:141750. [DOI PubMed](#)
13. Graber TE, Mercier É, Bhatnagar K, Fuzzen M, D'Aoust PM, Hoang HD, Tian X, Towhid ST, Plaza-Diaz J, Eid W, Alain T, Butler A, Goodridge L, Servos M, Delatolla R. Near real-time determination of B.1.1.7 in proportion to total SARS-CoV-2 viral load in wastewater using an allele-specific primer extension PCR strategy. *Water Res* 2021;205:117681. [DOI PubMed](#)
14. Peterson SW, Lidder R, Daigle J, Wonitowy Q, Dueck C, Nagasawa A, Mulvey MR, Mangat CS. RT-qPCR detection of SARS-CoV-2 mutations S 69-70 del, S N501Y and N D3L associated with variants of concern in Canadian wastewater samples. *Sci Total Environ* 2022;810:151283. [DOI PubMed](#)
15. Yaniv K, Ozer E, Shagan M, Lakkakula S, Plotkin N, Bhandarkar NS, Kushmaro A. Direct RT-qPCR assay for SARS-CoV-2 variants of concern (Alpha, B.1.1.7 and Beta, B.1.351) detection and quantification in wastewater. *Environ Res* 2021;201:111653. [DOI PubMed](#)



16. Corchis-Scott R, Geng Q, Seth R, Ray R, Beg M, Biswas N, Charron L, Drouillard KD, D’Souza R, Heath DD, Houser C, Lawal F, McGinlay J, Menard SL, Porter LA, Rawlings D, Scholl ML, Siu KW, Tong Y, Weisener CG, Wilhelm SW, McKay RM. Averting an Outbreak of SARS-CoV-2 in a University Residence Hall through Wastewater Surveillance. *Microbiol Spectr* 2021;9(2):e0079221. [DOI PubMed](#)

17. Statistique Canada. Enquête canadienne sur les eaux usées (ECEU). Ottawa, ON : StatCan; 2022. <https://www.statcan.gc.ca/fr/enquete/entreprise/5280>

18. Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data. [DOI](#)

19. Untergasser A, Cutcutache I, Koressaar T, Ye J, Faircloth BC, Remm M, Rozen SG. Primer3--new capabilities and interfaces. *Nucleic Acids Res* 2012;40(15):e115. [DOI PubMed](#)

20. Lu X, Wang L, Sakthivel SK, Whitaker B, Murray J, Kamili S, Lynch B, Malapati L, Burke SA, Harcourt J, Tamin A, Thornburg NJ, Villanueva JM, Lindstrom S. CDC real-time reverse transcription PCR panel for detection of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2. *Emerg Infect Dis* 2020;26(8):1654–65. [DOI PubMed](#)

21. Wickham H, Averick M, Bryan J, Chang W, D’Agostino McGowan L, Francois R, Grolemund G, Hayes A, Henry L, Hester J, Kuhn M, Pederson TL, Miller E, Bache SM, Muller K, Ooms J, Robinson D, Seidel DP, Spinu V, Takahashi K, Vaughan D, Wilke C, Woo K, Yutani H. Welcome to the Tidyverse. *J Open Source Softw* 2019;4(43):1686. [DOI](#)

22. Lee WL, Gu X, Armas F, Wu F, Chandra F, Chen H, Xiao A, Leifels M, Chua FJD, Kwok GWC, Tay JYR, Lim CYJ, Thompson J, Alm EJ. Quantitative detection of SARS-CoV-2 Omicron BA.1 and BA.2 variants in wastewater by allele-specific RT-qPCR. *medRxiv* 2021.12.21.21268077. [DOI](#)

23. Crits-Christoph A, Kantor RS, Olm MR, Whitney ON, Al-Shayeb B, Lou YC, Flamholz A, Kennedy LC, Greenwald H, Hinkle A, Hetzel J, Spitzer S, Koble J, Tan A, Hyde F, Schroth G, Kuersten S, Banfield JF, Nelson KL. Genome Sequencing of Sewage Detects Regionally Prevalent SARS-CoV-2 Variants. *MBio* 2021;12(1):e02703–20. [DOI PubMed](#)

24. Fontenele RS, Kraberger S, Hadfield J, Driver EM, Bowes D, Holland LA, Faleye TO, Adhikari S, Kumar R, Inchausti R, Holmes WK, Deitrick S, Brown P, Duty D, Smith T, Bhatnagar A, Yeager RA 2nd, Holm RH, von Reitzenstein NH, Wheeler E, Dixon K, Constantine T, Wilson MA, Lim ES, Jiang X, Halden RU, Scotch M, Varsani A. High-throughput sequencing of SARS-CoV-2 in wastewater provides insights into circulating variants. *Water Res* 2021;205:117710. [DOI PubMed](#)

25. Hodcroft E. CoVariants: Variant 21A (Delta). <https://covariants.org/variants/21A.Delta>

26. Nextstrain. Genomic Epidemiology of SARS-CoV-2 with subsampling focused globally over the past 6 months. [https://nextstrain.org/ncov/gisaid/global/6m?c=gt-N\\_377](https://nextstrain.org/ncov/gisaid/global/6m?c=gt-N_377)

27. McBride D, Garushyants S, Franks J, Magee A, Overend S, Huey D, Williams A, Faith S, Kandeil A, Trifkovic S, Miller L, Jeevan T, Patel A, Nolting J, Tonkovich M, Genders JT, Montoney A, Kasnyik K, Linder T, Bevins S, Lench J, Chandler J, DeLiberto T, Koonin E, Suchard M, Lemey P, Webby R, Nelson M, Bowman A. Accelerated evolution of SARS-CoV-2 in free-ranging white-tailed deer. *Res Sq* 2023;rs.3.rs-2574993. [DOI PubMed](#)

28. Caserta LC, Martins M, Butt SL, Hollingshead NA, Covalada LM, Ahmed S, Everts MR, Schuler KL, Diel DG. White-tailed deer (*Odocoileus virginianus*) may serve as a wildlife reservoir for nearly extinct SARS-CoV-2 variants of concern. *Proc Natl Acad Sci USA* 2023;120(6):e2215067120. [DOI PubMed](#)

## Appendice

**Tableau A1 : Séquences gBlock de témoins positifs pour les essais de réaction en chaîne quantitative de la polymérase après la transcription inverse en temps réel du variant Delta du SRAS-CoV-2**

Région	Allèle	Séquence
N D377Y	TS	AAAGATCCAAATTTCAAAGATCAAGTCATTTTGCTGAATAAGCATGACGCATACAAAACATTCACCAACAGCCTAAAG-GACAAAAAGAAGGCTGATGAACTCAAGCCTTACCGAGCAGACAGAAACCAAACACTGTGACTTCTCCTGCTGCAGATTTG-GATGATTTCTCCAAACAATTGCAA
	Variant	AAAGATCCAAATTTCAAAGATCAAGTCATTTTGCTGAATAAGCATGACGCATACAAAACATTCACCAACAGCCTAAAG-GACAAAAAGAAGGCTTATGAACTCAAGCCTTACCGAGCAGACAGAAACCAAACACTGTGACTTCTCCTGCTGCAGATTTG-GATGATTTCTCCAAACAATTGCAA

Abréviations : SRAS-CoV-2, coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère; TS, type sauvage



**Tableau A2 : Emplacement et nombre d'échantillons prélevés dans les stations de traitement des eaux usées et les stations de relèvement au Canada**

Code du site	Région	Période d'échantillonnage	Date de la première détection	Date du signal maximal	Nombre d'échantillons
AB1	Edmonton (AB)	Du 2021-07-08 au 2021-11-28	2021-07-18	2021-09-05	40
BC1	Vancouver (BC)	Du 2021-07-15 au 2021-11-28	2021-07-22	2021-09-12	37
BC2	Vancouver (BC)	Du 2021-07-12 au 2021-11-28	2021-07-22	2021-09-12	37
BC3	Vancouver (BC)	Du 2021-07-12 au 2021-11-28	2021-07-22	2021-09-12	38
BC4	Vancouver (BC)	Du 2021-07-12 au 2021-11-28	2021-07-22	2021-07-22	37
BC5	Vancouver (BC)	Du 2021-07-12 au 2021-11-28	2021-07-22	2021-09-05	38
NL1	Terre-Neuve-et-Labrador	Du 2021-10-04 au 2021-11-29	Non détectée	Non détectée	9
NL2	Terre-Neuve-et-Labrador	Du 2021-10-04 au 2021-11-29	2021-11-29	2021-11-29	9
NL3	Terre-Neuve-et-Labrador	Du 2021-10-04 au 2021-11-29	2021-11-16	2021-11-16	8
NL4	Terre-Neuve-et-Labrador	Du 2021-11-24 au 2021-11-24	Non détectée	Non détectée	14
NL5	Terre-Neuve-et-Labrador	Du 2021-10-06 au 2021-11-01	Non détectée	Non détectée	6
NL6	Terre-Neuve-et-Labrador	Du 2021-10-04 au 2021-11-29	2021-11-22	2021-11-22	9
NL7	Terre-Neuve-et-Labrador	Du 2021-07-14 au 2021-11-24	2021-07-21	2021-07-21	20
NL8	Terre-Neuve-et-Labrador	Du 2021-09-16 au 2021-11-29	Non détectée	Non détectée	8
NL9	Terre-Neuve-et-Labrador	Du 2021-10-14 au 2021-11-30	Non détectée	Non détectée	7
NL10	Terre-Neuve-et-Labrador	Du 2021-07-22 au 2021-11-24	2021-08-30	2021-08-30	20
NL11	Terre-Neuve-et-Labrador	Du 2021-07-13 au 2021-11-29	2021-09-02	2021-10-07	39
NL12	Terre-Neuve-et-Labrador	Du 2021-10-04 au 2021-11-30	2021-10-25	2021-10-25	9
NL13	Terre-Neuve-et-Labrador	Du 2021-10-14 au 2021-11-30	Non détectée	Non détectée	7
NS1	Halifax (NS)	Du 2021-07-05 au 2021-12-01	2021-08-23	2021-10-18	42
NS2	Halifax (NS)	Du 2021-07-05 au 2021-12-01	2021-08-04	2021-09-06	42
NS3	Halifax (NS)	Du 2021-07-05 au 2021-12-01	2021-08-30	2021-10-13	42
NT1	Territoires du Nord-Ouest	Du 2021-11-03 au 2021-11-24	2021-11-04	2021-11-10	15
NT2	Territoires du Nord-Ouest	Du 2021-10-19 au 2021-11-17	2021-09-20	2021-09-20	11
NT3	Territoires du Nord-Ouest	Du 2021-08-16 au 2021-11-08	2021-08-16	2021-09-20	16
NT4	Territoires du Nord-Ouest	Du 2021-08-16 au 2021-11-01	2021-08-19	2021-08-30	12
NT5	Territoires du Nord-Ouest	Du 2021-06-30 au 2021-11-23	2021-08-12	2021-09-23	53
NT6	Territoires du Nord-Ouest	Du 2021-08-19 au 2021-11-16	2021-08-19	2021-08-26	23
NU1	Nunavut	Du 2021-07-14 au 2021-11-29	2021-09-10	2021-11-15	54
NU2	Nunavut	Du 2021-07-22 au 2021-11-29	2021-08-17	2021-09-08	56
ON1	Toronto (ON)	Du 2021-07-11 au 2021-11-30	2021-07-11	2021-08-29	38
ON2	Toronto (ON)	Du 2021-07-11 au 2021-11-28	2021-07-18	2021-07-27	37
ON3	Toronto (ON)	Du 2021-07-11 au 2021-11-30	2021-07-18	2021-08-15	37
ON4	Toronto (ON)	Du 2021-07-11 au 2021-11-30	2021-08-03	2021-09-14	38
QC1	Montréal (QC)	Du 2021-07-14 au 2021-12-01	2021-07-21	2021-09-08	36
QC2	Montréal (QC)	Du 2021-07-17 au 2021-12-01	2021-08-11	2021-10-16	36

Abréviations : AB, Alberta; BC, Colombie-Britannique; NL, Terre-Neuve-et-Labrador; NS, Nouvelle-Écosse; NT, Territoires du Nord-Ouest; NU, Nunavut; ON, Ontario; QC, Québec



# Infections liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales dans les hôpitaux de soins de courte durée au Canada, 2017 à 2021

Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales<sup>1\*</sup>

## Résumé

**Contexte :** Les infections associées aux soins de santé (IASS) représentent un fardeau important pour les soins de santé au Canada. Le Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales assure la surveillance nationale des infections nosocomiales dans les hôpitaux de soins de courte durée sentinelles. Cet article décrit l'épidémiologie des IASS liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales au Canada de 2017 à 2021.

**Méthodes :** Des données ont été recueillies auprès de plus de 60 hôpitaux de soins de courte durée sentinelles canadiens du 1<sup>er</sup> janvier 2017 au 31 décembre 2021 pour les infections du système sanguin associées aux cathéters centraux (ISSACC), les infections du site opératoire (ISO) de la hanche et du genou, les ISO des voies de dérivation du liquide céphalorachidien et les ISO cardiaques pédiatriques. Le nombre de cas, les taux, les caractéristiques des patients et des hôpitaux, les distributions des agents pathogènes et les données sur la résistance aux antimicrobiens sont présentés.

**Résultats :** De 2017 à 2021, 2 898 infections liées à des instruments médicaux et à des interventions chirurgicales ont été signalées, les infections du système sanguin associées aux cathéters centraux dans les unités de soins intensifs représentant 69 % (n = 2 002) de toutes les infections signalées faisant l'objet d'une surveillance. Des augmentations importantes des taux ont été observées dans les unités mixtes de soins intensifs pour adultes (1,08 à 2,11 infections par 1 000 jours-cathéters,  $p = 0,014$ ), tandis que des diminutions ont été observées dans les ISO suivant une arthroplastie du genou (0,34 à 0,27 infections par 100 chirurgies,  $p = 0,05$ ). Aucun changement de tendance n'a été observé pour les autres IASS signalées. Parmi les 3 089 agents pathogènes identifiés, la majorité était à Gram positif (66 %), suivie par les agents pathogènes à Gram négatifs (23 %) et les agents pathogènes fongiques (11 %). Les staphylocoques à coagulase négative (22 %) et les *Staphylococcus aureus* (17 %) étaient les agents pathogènes les plus fréquemment isolés.

**Conclusion :** Les tendances épidémiologiques et microbiologiques concernant certaines infections nosocomiales liées à des instruments médicaux et à des interventions chirurgicales sont essentielles pour comparer les taux d'infection à l'échelle nationale et internationale, relever tout changement dans les taux d'infection ou les schémas de résistance aux antimicrobiens et contribuer à informer les politiques et les programmes de prévention et de contrôle des infections hospitalières et de gestion des antimicrobiens.

**Citation proposée :** Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales. Infections liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales dans les hôpitaux de soins de courte durée au Canada, 2017 à 2021. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2023;49(5):247–62.  
<https://doi.org/10.14745/ccdr.v49i05a08f>

**Mots-clés :** infection associées aux soins de santé, soins de courte durée, surveillance, résistance aux antimicrobiens, infection liée à un dispositif, infection liée à une intervention chirurgicale, infection du site opératoire, infection du système sanguin associée aux cathéters centraux, infection sanguine associée à un cathéter central, infection du site opératoire suivant une arthroplastie de la hanche et du genou, infection du site opératoire de dérivation du liquide céphalorachidien, infection du site opératoire cardiaque pédiatrique, Canada

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



## Affiliation

<sup>1</sup> Centre de la lutte contre les maladies transmissibles et les infections, Agence de la santé publique du Canada, Ottawa, ON

## \*Correspondance :

[cnisp-pcsin@phac-aspc.gc.ca](mailto:cnisp-pcsin@phac-aspc.gc.ca)



## Introduction

Les infections associées aux soins de santé (IASS) contribuent à la morbidité et à la mortalité excessives des patients, entraînant une augmentation des coûts des soins de santé, des séjours hospitaliers plus longs et une augmentation de la résistance aux antimicrobiens (RAM) (1). Les infections nosocomiales peuvent survenir lors de l'utilisation d'instruments médicaux invasifs et à la suite d'interventions chirurgicales (2). Une étude de prévalence ponctuelle réalisée en 2017 dans des hôpitaux de courte durée sentinelles canadiens a révélé que les infections liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales représentaient 35,6 % de l'ensemble des IASS signalées (3). Les infections du système sanguin associées aux cathéters centraux représentaient 21,2 % des infections liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales, tandis que 19,4 % étaient associées aux implants prothétiques (3). Le risque d'infections liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales est associé aux caractéristiques démographiques et aux comorbidités du patient, ainsi qu'au type d'hôpital dans lequel le patient a été soigné (4–6).

Il est essentiel de comprendre l'épidémiologie des infections nosocomiales liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales pour obtenir des taux de référence au fil du temps, ce qui permet de mettre en place des mesures efficaces de gestion des antimicrobiens ainsi que de prévention et de contrôle des infections. En outre, la collecte et l'analyse des données relatives à la sensibilité aux antimicrobiens sont importantes pour contribuer à l'utilisation appropriée des antimicrobiens et contribuer à réduire la résistance aux antimicrobiens (7). Ce rapport présente un aperçu épidémiologique de certaines infections nosocomiales liées à des instruments médicaux et à des interventions chirurgicales de 2017 à 2021 dans plus de 60 hôpitaux participant au Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales (PCSIN).

## Méthodes

### Conception

Depuis sa création en 1994, le PCSIN a assuré une surveillance nationale des IASS dans des hôpitaux de soins de courte durée sentinelles à travers le Canada, en collaboration avec l'Agence de santé publique du Canada et l'Association pour la microbiologie médicale et l'infectiologie Canada. Les données sont présentées pour les IASS liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales suivantes : les infections du système sanguin associées aux cathéters centraux (ISSACC), les infections du site opératoire (ISO) suivant une arthroplastie de la hanche et du genou, les ISO des voies de dérivation du liquide céphalorachidien (LCR) et les ISO cardiaques pédiatriques.

### Définitions de cas

Les IASS liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales ont été définies selon des protocoles et des définitions de cas normalisés (voir l'**appendice**). Les infections complexes, définies comme une ISO par incision profonde et à un organe ou à un espace, ont été incluses dans la surveillance des ISO de la hanche et du genou, tandis que les ISSACC relevées dans les unités de soins intensifs (USI) ont été incluses dans la surveillance des ISSACC. Les USI mixtes pour adultes, les unités de soins intensifs de chirurgie cardiovasculaire (USICC) pour adultes, les unités de soins intensifs pédiatriques (USIP) et les unités de soins intensifs néonataux (USIN) ont été considérées comme des unités de soins intensifs admissibles. Les USI mixtes pour adultes comprenaient toutes les unités de soins intensifs pour adultes comprenant plusieurs types de patients (i.e. médicaux/chirurgicaux, chirurgicaux/trauma, brûlés/trauma, médicaux/neurochirurgicaux).

### Source des données

Les données épidémiologiques relatives aux infections liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales recensées du 1<sup>er</sup> janvier 2017 au 31 décembre 2021 (à l'aide de la date de l'intervention chirurgicale pour les infections du site opératoire et la date de l'hémoculture positive pour les infections du système sanguin associées aux cathéters centraux) ont été soumises par les hôpitaux participants à l'aide de formulaires de collecte de données normalisés. La transmission des données et le recensement des cas ont été soutenus par des séances de formation et des évaluations périodiques de la qualité des données.

### Analyse statistique

Pour calculer les taux d'ISO de la hanche et du genou, d'infections du site opératoire de dérivation du liquide céphalorachidien et d'infections du site opératoire cardiaques pédiatriques, le nombre de cas a été divisé par le nombre d'interventions chirurgicales réalisées (multiplié par 100). Pour calculer les taux d'infections du système sanguin associées aux cathéters centraux, le nombre de cas a été divisé par les dénominateurs jours-cathéters (multipliés par 1 000). Pour calculer les proportions d'agents pathogènes, le nombre d'agents pathogènes a été divisé par le nombre total d'agents pathogènes identifiés. Les dénominateurs peuvent varier, car les données manquantes et incomplètes ont été exclues des analyses. La médiane et les écarts interquartiles (EI) ont été calculés pour les variables continues. Les tendances dans le temps ont été mises à l'essai à l'aide du test de Mann-Kendall. Les tests de signification étaient bilatéraux et les différences étaient considérées comme importantes à une valeur  $p \leq 0,05$ . Les analyses ont été effectuées à l'aide de la version R 4.1.2 et de SAS 9.4.



## Résultats

Plus de 60 hôpitaux ont fourni au PCSIN des données sur les infections liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales entre 2017 et 2021 (tableau 1), les hôpitaux pour adultes de taille moyenne (201 à 499 lits) (n = 18 sites, 29 %) étant les plus nombreux (données non présentées). Au total, 2 898 infections liées à des instruments médicaux et à des interventions chirurgicales ont été signalées. Parmi toutes les IASS signalées, les ISSACC étaient les plus fréquentes, représentant 69 % (n = 2 002) de toutes les IASS liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales sous surveillance. Parmi toutes les infections du site opératoire signalées (N = 910), les infections de la hanche et du genou représentaient 71 % (n = 648) de ces types d'infections.

Au total, 3 089 agents pathogènes ont été identifiés dans des cas d'IASS liés à des instruments médicaux et à des interventions chirurgicales de 2017 à 2021. Parmi les agents pathogènes identifiés, 66 % étaient à Gram positifs, 23 % à Gram négatif et 11 % fongiques. Les staphylocoques à coagulase négative et les *Staphylococcus aureus* étaient les agents pathogènes les plus fréquemment signalés (tableau 2).

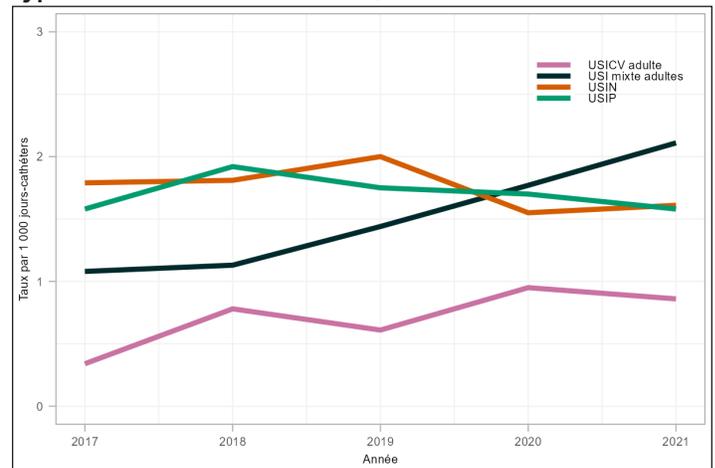
### Infections du système sanguin associées aux cathéters centraux

Au total, 2 002 cas d'ISSACC ont été signalées de 2017 à 2021, la majorité d'entre elles étant survenues dans des USI mixtes pour adultes (n = 1 184, 59,1 %) et dans des USIN (n = 468, 23,4 %). Dans l'ensemble, les USIN présentaient les taux les plus

élevés d'ISSACC de 2017 à 2021 (1,75 infection par 1 000 jours-cathéters), suivies par les USIP (1,71 par 1 000 jours-cathéters), les USI mixtes pour adultes (1,53 par 1 000 jours-cathéters) et les USICC pour adultes (0,68 par 1 000 jours-cathéters) (tableau A1).

De 2017 à 2021, les taux d'ISSACC ont varié dans les USIN et les USIP, tandis que les taux d'infections du système sanguin associées aux cathéters centraux dans les USI mixtes pour adultes ont presque doublé (1,08 à 2,11 infections par 1 000 jours-cathéters, p = 0,014) (figure 1).

Figure 1 : Taux d'infections du système sanguin associées aux cathéters centraux par 1 000 jours-cathéters, par type d'unité de soins intensifs, 2017 à 2021



Abréviations : USI, unité de soins intensifs; USICV, unité de soins intensifs en chirurgie cardiovasculaire; USIN, unité de soins intensifs néonatales; USIP, unité de soins intensifs pédiatriques

Tableau 1 : Caractéristiques des hôpitaux de soins de courte durée participant à la surveillance des infections liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales, 2021

Caractéristiques des hôpitaux	ISSACC-USI mixtes pour adultes	ISSACC-USICC pour adultes	ISSACC-USIP	ISSACC-USIN	ISO de dérivation du LCR	ISO cardiaque pédiatrique	ISO de la hanche et du genou	Nombre total d'hôpitaux uniques
Nombre total d'hôpitaux participants	38	7	12	16	14	6	28	62
<b>Type d'hôpital</b>								
Adultes	29	6	s.o.	3 <sup>a</sup>	4	s.o.	14	32
Mixte	9	1	4	6	2	s.o.	14	21
Pédiatrique	s.o.	s.o.	8	7	8	6	s.o.	9
<b>Taille de l'hôpital</b>								
Petite (1 à 200 lits)	2	1	8	8	6	3	4	17
Moyenne (201 à 499 lits)	24	3	3	5	5	3	16	31
Grande (500 lits et plus)	12	3	1	3	3	s.o.	8	14

Abréviations : ISO, infection du site opératoire; ISSACC, infections du système sanguin associées aux cathéters centraux; LCR, liquide céphalorachidien; s.o., sans objet; USI, unité de soins intensifs; USICC, unité de soins intensifs en chirurgie cardiovasculaire; USIN, unité de soins intensifs néonatales; USIP, unité de soins intensifs pédiatriques

<sup>a</sup> Trois hôpitaux classés pour « Adultes » avaient également une USIN



Tableau 2 : Répartition et rang des cinq agents pathogènes à Gram négatif, à Gram positif et fongiques les plus fréquemment signalés, 2017 à 2021<sup>a</sup>

Catégorie d'agent pathogène	Rang	Agent pathogène	ISSACC N = 2 002		Hanche et genou N = 599		Dérivation du LCR N = 126		Cardiaque pédiatrique N = 171		Total des agents pathogènes	
			n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
Gram positif	1	Staphylocoques à coagulase négative <sup>b</sup>	481	22,1	120	18,5	52	39,4	21	16,2	674	21,8
	2	<i>Staphylococcus aureus</i> <sup>c</sup>	198	9,1	213	32,9	32	24,2	67	51,5	510	16,5
	3	<i>Enterococcus</i> spp.	396	18,2	39	6,0	6	4,5	1	0,8	442	14,3
	4	<i>Streptococcus</i> spp.	37	1,7	63	9,7	4	3,0	8	6,2	112	3,6
	5	<i>S. aureus</i> résistant à la méthicilline	39	1,8	35	5,4	4	3,0	4	3,1	82	2,7
		Autres bactéries à Gram positif <sup>d</sup>	145	6,7	45	6,9	11	8,3	1	0,8	202	6,5
		Total à Gram positif	1 296	59,5	515	79,5	109	82,6	102	78,5	2 022	65,5
Gram négatif	1	<i>Klebsiella</i> spp.	126	5,8	10	1,5	5	3,8	3	2,3	144	4,7
	2	<i>Escherichia coli</i>	112	5,1	20	3,1	7	5,3	1	0,8	140	4,5
	3	<i>Enterobacter</i> spp.	93	4,3	27	4,2	1	0,8	5	3,8	126	4,1
	4	<i>Pseudomonas</i> spp.	54	2,5	25	3,9	3	2,3	4	3,1	86	2,8
	5	<i>Serratia</i> spp.	50	2,3	13	2,0	2	1,5	0	0,0	65	2,1
		Autre à Gram négatif <sup>e</sup>	121	5,6	35	5,4	2	1,5	5	3,8	163	5,3
		Total à Gram négatif	556	25,5	130	20,1	20	15,2	19	14,6	724	23,4
Fongiques	1	<i>Candida albicans</i>	148	6,8	0	0,0	1	0,8	0	0,0	149	4,8
	2	Autres <i>Candida</i> spp. <sup>f</sup>	166	7,6	3	0,5	1	0,8	9	6,9	179	5,8
		Autres fongiques <sup>g</sup>	13	0,6	0	0,0	1	0,8	1	0,8	15	0,5
		Total fongiques	327	15,0	3	0,5	3	2,3	10	7,7	343	11,1
Total			2 179	s.o.	648	s.o.	132	s.o.	130	s.o.	3 089 <sup>h</sup>	s.o.

Abbreviations : ISSACC, infections du système sanguin associées aux cathéters centraux; LCR, liquide céphalorachidien; *S. aureus*, *Staphylococcus aureus*; s.o., sans objet

<sup>a</sup> Pourcentage de la répartition de fréquence arrondi à la dixième décimale la plus près

<sup>b</sup> Les staphylocoques à coagulase négative comprenaient *S. lugdunensis*, *S. haemolyticus*, *S. epidermidis*, *S. capitis*, *S. hominis* et *S. warneri*

<sup>c</sup> *Staphylococcus aureus* comprend le *S. aureus* sensible à la méthicilline et le *S. aureus* non spécifié

<sup>d</sup> Les autres agents pathogènes à Gram positif comprenaient des cocci anaérobies à Gram positif, *Finexgoldia magna*, *Clostridioides* spp., *Lactobacillus* spp. et d'autres

<sup>e</sup> Les autres agents pathogènes à Gram négatif comprenaient *Stenotrophomonas* spp., *Morganella morganii*, *Proteus mirabilis*, *Pantoea* spp., *Prevotella* spp., *Bacteroides fragilis* et d'autres

<sup>f</sup> Les autres *Candida* spp. comprenaient *C. dubliniensis*, *C. glabrata*, *C. krusei*, *C. lusitanae*, *C. parapsilosis* et *C. tropicalis*

<sup>g</sup> Les autres fongiques comprennent *Aspergillus* spp., *Trichophyton tonsurans* et des fongiques non spécifiés

<sup>h</sup> Jusqu'à trois agents pathogènes par dispositif et par infection liée à une intervention chirurgicale ont été inclus dans l'analyse et ont dépassé le nombre total d'infections signalées

Bien que les taux d'ISSACC dans les USICC pour adultes soient globalement faibles, les taux d'ISSACC dans les USICC pour adultes ont augmenté de 179 % de 2017 à 2020 (0,34 à 0,95 infections par 1 000 jours-cathéters), avant de diminuer de 10 % pour atteindre 0,86 infection par 1 000 jours-cathéters en 2021.

Pendant la pandémie de maladie à coronavirus 2019 (COVID-19), les tendances à l'égard des taux d'ISSACC ont varié parmi les différentes USI. Les ISSACC dans les USI mixtes pour adultes ont continué à augmenter en 2020 et en 2021, tandis que les ISSACC dans les USIP et les USIN ont diminué en 2020 et étaient globalement plus faibles en 2020 et en 2021 par rapport aux années précédant la pandémie.

Parmi les ISSACC identifiées dans les USI mixtes pour adultes, l'âge médian était de 60 ans (EI = 48–69 ans) et les hommes représentaient la majorité des cas (66 %). Dans les 30 jours suivant la première culture positive, la mortalité toutes causes confondues des patients des USI mixtes pour adultes ayant contracté une infection du système sanguin associée aux cathéters centraux était de 31,6 % (n = 374/1 183). Parmi les ISSACC identifiées dans les USICC pour adultes, l'âge médian était de 65 ans (EI = 50–72 ans) et les hommes représentaient 71 % des cas. Dans les 30 jours suivant la première culture positive, la mortalité toutes causes confondues des patients des USICC pour adultes ayant contracté une ISSACC était de 29,6 % (n = 32/108). Parmi les ISSACC identifiées dans les USIP, l'âge médian était de sept mois (EI = 3–29 mois) et les hommes représentaient 60 % des cas. Dans les 30 jours suivant la



première culture positive, la mortalité toutes causes confondues des patients des USIP ayant contracté une ISSACC était de 10,4 % (n = 25/243). Parmi les ISSACC identifiées dans les USIN, l'âge médian lors de la première culture positive était de 17 jours (EI = 9–38 jours). Les hommes représentaient 59 % des cas de USIN et la mortalité toutes causes confondues dans les 30 jours suivant une culture positive était de 13 % (n = 61/468).

Les agents pathogènes les plus fréquemment identifiés parmi les ISSACC identifiées en général étaient les staphylocoques à coagulase négative et les *Enterococcus* spp. (22,1 % et 18,2 %, respectivement), ce qui correspond aux agents pathogènes les plus fréquemment identifiés dans les USIP, les USI mixtes pour adultes et les USICC pour adultes. Parmi les ISSACC dans les USIN, les staphylocoques à coagulase négative et les *S. aureus* étaient les agents pathogènes les plus fréquemment identifiés.

### Infections du site opératoire de la hanche et du genou

Au total, 599 ISO complexes de la hanche et du genou ont été signalées de 2017 à 2021, dont la majorité concernait des arthroplasties de la hanche (n = 400, 67 %). Parmi les ISO de la hanche et du genou, 53 % (n = 318) étaient des infections associées à un organe ou à un espace et 47 % (n = 281) des infections par incision profonde et l'espace des organes (tableau 3). De 2017 à 2021, les taux d'ISO du genou ont diminué de manière significative (20,6 %, 0,34 à 0,27 infection par 100 chirurgies, p = 0,05) tandis que les taux d'ISO de la hanche ont varié entre 0,46 et 0,88 infection par 100 chirurgies (p = 0,33) (figure 2). Pendant la pandémie de COVID-19 en 2020, les taux d'ISO du genou sont restés stables par rapport à 2019, tandis que les taux d'ISO de la hanche ont diminué de 41 %. En 2021, les taux d'ISO de la hanche ont augmenté de 30 % pour atteindre 0,60 infection par 100 chirurgies, revenant partiellement aux taux observés avant la pandémie (figure 2 et tableau A2).

L'âge médian des patients était de 67 ans (EI = 58–75 ans) pour les ISO de la hanche et de 66 ans (EI = 59–73 ans) pour les ISO du genou. Le délai médian entre l'intervention et l'infection de la hanche et du genou était respectivement de 20 jours (EI = 14–31 jours) et de 23 jours (EI = 15–35 jours). Pour les données collectées de 2018 à 2021, la durée médiane de séjour était de 3 jours (EI = 2–6 jours) pour les ISO complexes suivant des arthroplasties de la hanche et du genou. La plupart des patients (86 %, n = 410/475) ayant contracté une ISO suivant une arthroplastie de la hanche ou du genou ont été réadmis et 64 % (n = 296/465) ont dû subir une réintervention. Dans les 30 jours suivant la première culture positive, cinq décès toutes causes confondues (1,6 %, n = 5/309) ont été rapportés parmi les patients ayant contracté une ISO complexe suivant une arthroplastie de la hanche, tandis qu'aucun décès toutes causes confondues n'a été rapporté parmi les patients ayant contracté une ISO suivant une arthroplastie du genou. Parmi les cas d'ISO

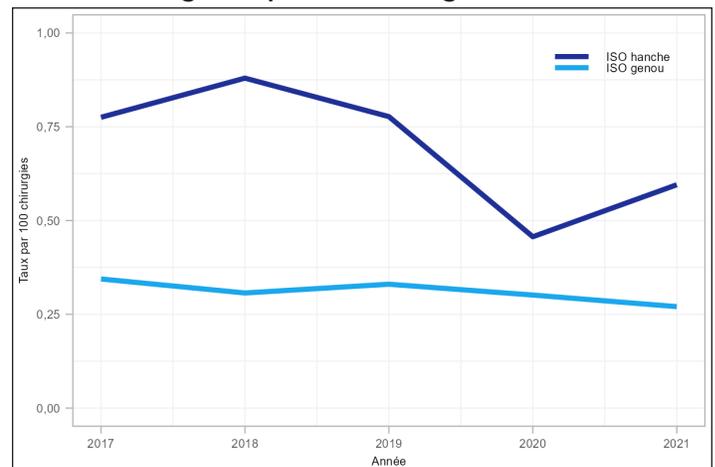
de la hanche et du genou, les *S. aureus* et les staphylocoques à coagulase négative étaient les agents pathogènes les plus fréquemment identifiés à 33 % et à 19 % respectivement, et ne différaient pas selon le type d'infection profonde ou associée à un organe ou à un espace (données non montrées).

Tableau 3 : Fréquence des infections du site opératoire de la hanche et du genou par année et par type d'infection, 2017 à 2021

Année	ISO par incision profonde		ISO d'organe/ espace		Tous les cas
	n	%	n	%	n
<b>Arthroplastie de la hanche</b>					
2017	47	58,0	34	42,0	81
2018	64	65,3	34	34,7	98
2019	52	50,5	51	49,5	103
2020	25	53,2	22	46,8	47
2021	33	47,1	38	52,9	71
Global	221	55,3	179	44,8	400
<b>Arthroplastie du genou</b>					
2017	23	56,1	18	43,9	41
2018	18	45,0	22	55,0	40
2019	25	48,1	27	51,9	52
2020	19	57,6	14	42,4	33
2021	12	38,7	21	61,3	33
Global	97	48,7	102	51,3	199

Abréviation : ISO, infection du site opératoire

Figure 2 : Taux d'infections du site opératoire de la hanche et du genou par 100 chirurgies, 2017 à 2021



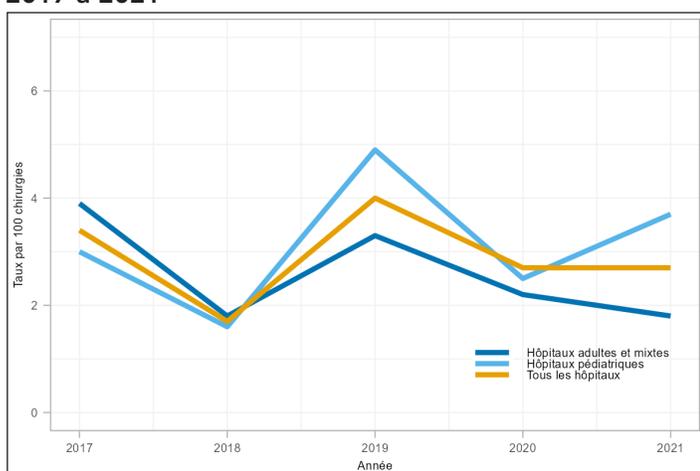
Abréviation : ISO, infection du site opératoire



## Infections du site opératoire des voies de dérivation du liquide céphalorachidien

De 2017 à 2021, 126 ISO des voies de dérivation du LCR ont été signalées, avec un taux global de 2,9 infections par 100 chirurgies (intervalle : 1,7 à 3,4 infections par 100 chirurgies, **tableau A3**). Les taux d'infection dans les hôpitaux pédiatriques et mixtes ou pour adultes n'étaient pas considérablement différents, avec respectivement 3,2 et 2,5 infections par 100 chirurgies ( $p = 0,17$ ). Les taux d'ISO des voies de dérivation du LCR dans les hôpitaux pour adultes et les hôpitaux mixtes ont diminué tout au long de la pandémie de COVID-19 en 2020 et 2021 (**figure 3**), tandis que les taux d'ISO des voies de dérivation du LCR dans les hôpitaux pédiatriques ont d'abord diminué de 49 % en 2020 avant d'augmenter pour atteindre 3,7 infections par 100 chirurgies en 2021, conformément à la tendance fluctuante des taux observée depuis 2011 (données non montrées).

**Figure 3 : Taux d'infection du site opératoire des voies de dérivation du liquide céphalorachidien par 100 interventions chirurgicales, par type d'hôpital<sup>a</sup>, 2017 à 2021**



<sup>a</sup> Tous les hôpitaux comprennent les hôpitaux pour adultes, mixtes et pédiatriques participant à la surveillance des infections du site opératoire des voies de dérivation du liquide céphalorachidien

Plus de la moitié des ISO des voies de dérivation du LCR (53,6 %,  $n = 67/125$ ) ont été identifiées lors de nouvelles interventions chirurgicales, tandis que 46,4 % ( $n = 58/125$ ) l'ont été lors de réinterventions. L'âge médian était de 44 ans (EI = 36–60 ans) pour les patients adultes et de deux ans (EI = 0,3–7 ans) pour les patients pédiatriques. Les femmes représentaient 56 % ( $n = 70/125$ ) des cas et le délai médian entre l'intervention chirurgicale et l'infection était de 19 jours (EI = 10–39 jours). Les agents pathogènes les plus fréquemment identifiés dans les ISO des voies de dérivation du LCR étaient les staphylocoques à coagulase négative et les *S. aureus* (40 % et 24 % des agents pathogènes identifiés, respectivement). Les données sur les résultats n'ont pas été collectées pour la surveillance des ISO des voies de dérivation du LCR.

## Infections du site opératoire cardiaques pédiatriques

Au total, 171 ISO cardiaques pédiatriques ont été signalées de 2017 à 2021 (**tableau 4**), la plupart étant des infections superficielles (62 %). Les infections associées à un organe ou à un espace représentaient 29 % de ces ISO. Globalement, le taux moyen d'ISO cardiaques pédiatriques était de 4,4 infections par 100 chirurgies (**tableau A4**). Bien que les taux soient restés généralement constants au cours de la période de surveillance, une augmentation importante a été observée en 2018 (7,5 infections par 100 chirurgies,  $p < 0,001$ ) par rapport au taux de 2017 (4,4 infections par 100 chirurgies) (**figure 4**). Cette augmentation est due à des cas aberrants attribuables à deux hôpitaux. Depuis 2018, le taux a diminué de 56 %, passant de 7,5 à 3,3 infections par 100 chirurgies en 2021, revenant ainsi aux taux observés avant 2018.

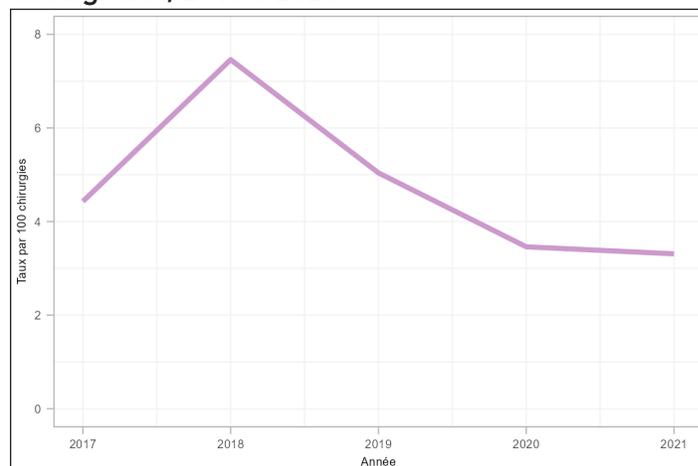
**Tableau 4 : Taux d'infections du site opératoire cardiaques pédiatriques par année et par type d'infection, 2017 à 2021**

Année	Cas ISO par incision superficielle		Cas ISO organe/espace		Cas ISO par incision profonde		Tous les cas <sup>a</sup>
	n	%	n	%	n	%	
2017	17	70,8	5	20,8	2	8,3	24
2018	18	46,2	15	38,5	6	15,4	40
2019	19	54,3	14	40,0	2	5,7	35
2020	29	78,4	6	16,2	2	5,4	37
2021	23	65,7	9	25,7	3	8,6	35
Global	106	62	49	29	15	9	171

Abréviation : ISO, infection du site opératoire

<sup>a</sup> Exclut les cas pour lesquels l'information sur le type d'infection est manquante

**Figure 4 : Taux d'infections du site opératoire cardiaques pédiatriques par 100 interventions chirurgicales, 2017 à 2021**





L'âge médian des patients atteints d'une ISO cardiaque pédiatrique était de 38 jours (EI = 7–259 jours), et le délai médian entre l'intervention chirurgicale et la date d'apparition de l'infection était de 9 jours (EI = 3–19 jours). Parmi les trois décès signalés dans les 30 jours suivant l'apparition de l'infection (1,8 % des cas), un décès n'était pas lié à l'ISO cardiaque pédiatrique, tandis que deux décès étaient attribuables à l'ISO cardiaque pédiatrique. Les *S. aureus* et les staphylocoques à coagulase négative étaient les agents pathogènes les plus fréquemment identifiés dans les ISO cardiaques pédiatriques (55 % et 17 % des agents pathogènes identifiés, respectivement) et ne différaient pas selon le type d'infection superficielle, profonde ou associée à un organe ou à un espace (données non montrées).

## Antibiogramme

Les résultats des tests de sensibilité aux antimicrobiens pour les agents pathogènes à Gram positif, à Gram négatif et fongiques les plus fréquemment identifiés dans les IASS liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales sont énumérés dans le **tableau 5** et le **tableau 6**. Les isolats de *S. aureus* étaient résistants à la cloxacilline et à l'oxacilline (*S. aureus* résistant à la méthicilline [SARM]) dans 17 % (n = 31/179) des ISSACC et dans 11 % (n = 34/300) des ISO. La résistance au méropénème était comprise entre 2 % et 8 % chez les agents pathogènes à Gram négatif identifiés dans les ISSACC. Aucune résistance au méropénème n'a été observée parmi les agents pathogènes isolés des ISO. Cinquante-sept entérocoques résistants à la vancomycine ont été identifiés parmi les ISSACC (19 %).

**Tableau 5 : Résultats de l'antibiogramme<sup>a</sup> des agents pathogènes identifiés dans les infections du système sanguin associées aux cathéters centraux, 2017 à 2021**

Antibiotique	Nombre de résistants/nombre de tests et %															
	Gram positif						Gram négatif						Fongiques			
	Staphylocoques à coagulase négative <sup>b</sup>		<i>S. aureus</i> <sup>c</sup>		<i>Enterococcus</i> spp.		<i>Klebsiella</i> spp.		<i>E. coli</i>		<i>Enterobacter</i> spp.		<i>C. albicans</i>		<i>Candida</i> spp. autres <sup>d</sup>	
	Nombre de résistants /nombre de tests	%	Nombre de résistants /nombre de tests	%	Nombre de résistants /nombre de tests	%	Nombre de résistants /nombre de tests	%	Nombre de résistants /nombre de tests	%	Nombre de résistants /nombre de tests	%	Nombre de résistants /nombre de tests	%	Nombre de résistants /nombre de tests	%
Ampicilline	16/17	94	s.o.	s.o.	130/350	37	99/99	100	67/95	71	55/59	93	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Céfazoline	147/176	84	18/119	15	s.o.	s.o.	33/81	41	27/79	34	48/48	100	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Ceftriaxone	9/10	90	3/6	50	s.o.	s.o.	19/86	22	18/78	23	33/59	56	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Clindamycine	108/146	74	33/116	28	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.								
Ciprofloxacine	4/11	36	s.o.	s.o.	10/19	53	10/85	12	27/66	41	1/74	1	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Cloxacilline/oxacilline	222/259	86	31/179	17	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.								
Érythromycine	62/71	87	21/79	27	14/14	100	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Gentamicine <sup>e</sup>	16/33	48	1/33	3	21/155	14	14/102	14	11/98	11	6/74	8	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Méropénème	8/9	89	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	4/52	8	2/41	5	1/55	2	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Pipéracilline-tazobactame	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	3/11	22	12/80	15	16/82	20	21/60	35	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Pénicilline	56/57	98	41/48	85	19/40	48	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Rifampicine	3/71	4	0/26	0	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.								
Triméthoprime-sulfaméthoxazole	95/170	56	5/106	5	s.o.	s.o.	13/94	14	39/83	47	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Tobramycine	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	8/81	10	8/80	10	3/60	5	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Vancomycine	1/274	0	1/98	1	57/295	19	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Amphotéricine B	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	0/25	0	0/20	0
Caspofungine	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	0/36	0	1/52	2
Fluconazole	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	1/99	1	19/89	21

Abréviations : *C. albicans*, *Candida albicans*; *E. coli*, *Escherichia coli*; *S. aureus*, *Staphylococcus aureus*; s.o., sans objet

<sup>a</sup> Les combinaisons antibiotique/organisme ayant fait l'objet de moins de six tests ont été exclues

<sup>b</sup> Les staphylocoques à coagulase négative comprenaient *S. lugdunensis*, *S. haemolyticus*, *S. epidermidis*, *S. capitis*, *S. hominis* et *S. warneri*

<sup>c</sup> Comprend les *S. aureus* sensibles à la méthicilline et les *S. aureus* résistants à la méthicilline (SARM)

<sup>d</sup> Les autres *Candida* spp. comprenaient *C. dubliniensis*, *C. glabrata*, *C. krusei*, *C. lusitanae*, *C. parapsilosis* et *C. tropicalis*

<sup>e</sup> Synergie de la gentamicine pour les organismes à Gram positif



**Tableau 6 : Résultats de l'antibiogramme<sup>a</sup> des agents pathogènes identifiés dans les infections du site opératoire de la hanche et du genou, les infections du site opératoire des voies de dérivation du liquide céphalorachidien et du site opératoire cardiaque pédiatrique, 2017 à 2021**

Antibiotique	Nombre de résistants/nombre de tests et %															
	Gram positif						Gram négatif						Fongiques			
	Staphylocoques à coagulase négative <sup>b</sup>		<i>S. aureus</i> <sup>c</sup>		<i>Enterococcus</i> spp.		<i>Klebsiella</i> spp.		<i>E. coli</i>		<i>Enterobacter</i> spp.		<i>C. albicans</i>		<i>Candida</i> spp. autres <sup>d</sup>	
	Nombre de résistants / nombre de tests	%	Nombre de résistants / nombre de tests	%	Nombre de résistants / nombre de tests	%	Nombre de résistants / nombre de tests	%	Nombre de résistants / nombre de tests	%	Nombre de résistants / nombre de tests	%	Nombre de résistants / nombre de tests	%	Nombre de résistants / nombre de tests	%
Ampicilline	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	1/37	3	15/15	100	9/20	45	18/21	86	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Céfazoline	49/73	67	17/171	10	s.o.	s.o.	4/9	44	3/17	18	20/20	100	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Ceftriaxone	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	0/13	0	2/10	20	8/16	50	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Clindamycine	16/79	20	46/220	21	0/7	0	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Ciprofloxacine	2/8	25	4/26	15	s.o.	s.o.	0/11	0	5/17	29	0/24	0	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Cloxacilline/oxacilline	93/148	63	34/300	11	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.								
Érythromycine	16/41	39	30/94	32	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.								
Gentamicine <sup>e</sup>	s.o.	s.o.	1/15	7	4/10	40	1/17	6	2/20	10	1/28	4	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Méropénème	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	0/6	0	0/8	0	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Pipéracilline-tazobactame	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	0/6	0	7/14	50	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Pénicilline	16/18	89	42/45	93	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.								
Rifampicine	0/33	0	0/50	0	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.								
Triméthoprime-sulfaméthoxazole	22/72	31	2/203	1	s.o.	s.o.	0/12	s.o.	2/15	s.o.	1/20	5	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Tobramycine	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	1/14	s.o.	0/16	s.o.	1/26	4	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Vancomycine	0/79	0	1/101	1	0/22	0	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	0/6	0	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Amphotéricine B	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Caspofungine	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Fluconazole	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.

Abbreviations : *C. albicans*, *Candida albicans*; *E. coli*, *Escherichia coli*; *S. aureus*, *Staphylococcus aureus*; s.o., sans objet

<sup>a</sup> Les combinaisons antibiotique/organisme ayant fait l'objet de moins de six tests ont été exclues

<sup>b</sup> Les staphylocoques à coagulase négative comprenaient *S. lugdunensis*, *S. haemolyticus*, *S. epidermidis*, *S. capitis*, *S. hominis* et *S. warneri*

<sup>c</sup> Comprend les *S. aureus* sensibles à la méthicilline et les *S. aureus* résistants à la méthicilline (SARM)

<sup>d</sup> Les autres *Candida* spp. comprenaient *C. dubliniensis*, *C. glabrata*, *C. krusei*, *C. lusitanae*, *C. parapsilosis* et *C. tropicalis*

<sup>e</sup> Synergie de la gentamicine pour les organismes à Gram positif

## Discussion

Ce rapport résume 2 898 IASS liées à des instruments médicaux et à des interventions chirurgicales recensées au cours de cinq années de surveillance (2017 à 2021) dans 62 hôpitaux du pays. Les taux d'IASS liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales ont presque doublé dans les USI mixtes pour adultes ayant contracté des ISSACC, tandis que les taux d'IASS du genou ont considérablement diminué. La pandémie de maladie à COVID-19 a eu une incidence variable sur les taux d'IASS liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales (8). Au Canada, des enquêtes

préliminaires suggèrent que la pandémie de COVID-19 a eu une incidence immédiate, mais non durable sur les tendances des taux d'IASS (9). Les taux d'ISO dans le réseau du PCSIN ont d'abord diminué en 2020, pendant la pandémie de COVID-19, lorsque les interventions chirurgicales non urgentes ont été reportées, avant de remonter vers les niveaux préalables à la pandémie en 2021. Des enquêtes sont en cours pour évaluer l'influence des facteurs liés à la pandémie, tels que les changements apportés aux pratiques de contrôle des infections, le dépistage, les tests de laboratoire et la gestion des antimicrobiens, sur les taux observés d'IASS.



## Infections du système sanguin associées aux cathéters centraux

Lorsque des données comparables étaient disponibles, les taux d'ISSACC dans les USI pour adultes (taux global : 0,7 et 1,5 infection par 1 000 jours-cathéters pour les USICC et les USI mixtes, respectivement) étaient inférieures à celles du Royaume-Uni, mais supérieures à celles de l'Australie-Occidentale (10,11). Au Royaume-Uni, les taux de 2020-2021 d'ISSACC dans les USI pour adultes et USIC étaient respectivement de 4,4 et 5,5 infections par 1 000 jours-cathéters (10). En Australie-Occidentale, les taux d'ISSACC dans les USI pour adultes ont varié de 0,0 à 0,8 infection par 1 000 jours-cathéters de 2016 à 2020, et pourraient être inférieurs aux niveaux du Canada en raison de différences dans les méthodologies de surveillance, y compris le nombre et le type d'hôpitaux sous surveillance (11).

Les taux d'ISSACC dans les USIN et les USIP ont varié de 2017 à 2021, mais étaient globalement plus élevés (1,75 et 1,71 infection par 1 000 jours-cathéters, respectivement) que les taux d'ISSACC dans les USI mixtes pour adultes et les USICC pour adultes (1,53 et 0,68 infection par 1 000 jours-cathéters, respectivement). Les données disponibles aux États-Unis de 2017 à 2021 indiquent que les ratios d'incidence normalisés (définis comme le ratio du nombre observé d'infections par rapport à la base de référence de 2015) ont enregistré des tendances variables similaires (12–16). Des taux plus élevés d'ISSACC ont été observés dans d'autres contextes à ressources limitées par rapport à ceux observés dans le réseau du PCSIN; une vaste étude de surveillance des USI dans 45 pays d'Amérique latine, d'Europe, de Méditerranée orientale, d'Asie du Sud-Est et du Pacifique occidental de l'Organisation mondiale de la santé a rapporté des taux moyens groupés d'ISSACC de 11,2 pour 1 000 jours-cathéters dans les USIP et de 4,45 dans les USI médicaux/chirurgicaux pour adultes (de janvier 2013 à décembre 2018) (17).

## Infections du site opératoire

Parmi les ISO incluses dans ce rapport de surveillance, les ISO de la hanche et du genou étaient les plus fréquentes. Les taux d'ISO de la hanche ont varié parmi les années de déclaration, tandis que les taux d'ISO du genou ont diminué de manière significative. La surveillance exercée au Royaume-Uni indique des tendances similaires : les taux d'ISO de la hanche ont varié et les taux d'ISO du genou ont diminué entre 2016–2017 et 2020–2021 (18). Par rapport aux données du PCSIN, les taux d'ISO de la hanche et du genou rapportés en Australie-Occidentale étaient globalement plus élevés; les taux d'ISO de la hanche ont augmenté de 2017 à 2020 (1,32 à 1,91 infection par 100 chirurgies), tandis que les taux d'ISO du genou ont diminué de 26 % (0,91 à 0,67 infection par 100 chirurgies) au cours de la même période. Conformément aux résultats obtenus dans d'autres régions, les agents pathogènes les plus courants dans les ISO de la hanche et du genou étaient les *S. aureus* et les staphylocoques à coagulase négative, probablement en

raison de la contamination des implants par la flore cutanée endogène du patient (7,18,19). L'âge médian plus élevé des ISO de la hanche et du genou est lié à l'âge plus avancé des patients nécessitant une arthroplastie et à la probabilité accrue de complications chirurgicales (20). Nos données indiquent que des réadmissions et des réinterventions fréquentes sont nécessaires pour les ISO, ce qui représente un lourd fardeau en termes d'économie et de ressources pour le système de santé canadien (21).

Le taux global d'ISO des voies de dérivation du LCR était de 2,9 par 100 chirurgies de 2017 à 2021. La stratification des données sur les ISO des voies de dérivation du LCR par hôpitaux pédiatriques et pour adultes ou mixtes a montré que de 2017 à 2021, les taux d'adultes (2,5 infections par 100 chirurgies) et les taux pédiatriques (3,2 infections par 100 chirurgies) n'étaient pas considérablement différents. Les données d'une précédente surveillance du PCSIN ont indiqué une tendance variable des taux d'ISO des voies de dérivation du LCR de 2011 à 2020 (22). Par rapport aux données historiques, les taux d'ISO des voies de dérivation du LCR chez les patients pédiatriques de 2017 à 2021 (3,0 %) étaient inférieurs à ceux de 2000 à 2002 (4,9 %), ce qui signifie une diminution des taux d'ISO dans les populations pédiatriques (23). Par ailleurs, le taux d'ISO des voies de dérivation du LCR chez les patients adultes de 2017 à 2021 (2,8 %) est resté relativement inchangé par rapport à la période de 2000 à 2002 (3,2 %) (23).

Le taux global d'ISO cardiaques pédiatriques de 2017 à 2021 était de 4,4 pour 100 interventions chirurgicales. Le taux d'ISO cardiaques pédiatriques de 2018 doit être interprété avec prudence, car les taux peuvent varier en raison du nombre limité de cas annuels. La littérature concernant les taux d'ISO cardiaques pédiatriques est limitée; cependant, une étude préalable et postérieure aux interventions de 2013 à 2017 a rapporté une réduction réussie des taux d'ISO cardiaques pédiatriques de 3,4 à 0,9 pour 100 chirurgies dans un centre universitaire pédiatrique quaternaire en Californie suite à la mise en œuvre d'un ensemble de soins postopératoires pour la réduction des ISO (24).

## Antibiogramme

Le pourcentage d'isolats de *S. aureus* qui étaient des SARM parmi les ISO (11 %) et les ISSACC (17 %) (tableau 5 et tableau 6) était plus faible dans le réseau du PCSIN que les données rapportées par les Centres de contrôle et de prévention des maladies, où 45 % et 38 % des isolats de *S. aureus* étaient des SARM pour les ISSACC et les ISO, respectivement (25).

Parmi les *Enterococcus* spp. identifiés dans les ISSACC, 19 % étaient des entérocoques résistants à la vancomycine, ce qui est inférieur aux 30,9 % identifiés comme résistants dans les USI en Pologne (26). D'après la surveillance du Réseau national de sécurité des soins de santé aux États-Unis, 73 % des agents pathogènes *Enterococcus faecium* et 4 % des agents pathogènes



*Enterococcus faecalis* identifiés lors d'ISSACC dans les USI étaient des entérocoques résistants à la vancomycine en 2020 (27). La résistance au méropénème était faible chez les agents pathogènes à Gram négatif identifiés parmi les ISSACC et les ISO (0 % à 8 %) dans le réseau PCSIN, et similaire aux niveaux de résistance aux carbapénèmes rapportés aux États-Unis en 2020 (1,7 % à 7,5 % parmi *Klebsiella* spp.; 4,4 % à 6,6 % parmi *Enterobacter* spp., et 0,6 % à 2,1 % parmi les isolats d'*E. coli* testés) (27). Dans l'ensemble, les profils d'antibiogrammes observés dans le réseau du PCSIN peuvent différer de ceux d'autres pays en raison de différences dans les méthodologies de surveillance, les pratiques de gestion des antimicrobiens, les types d'hôpitaux ou de populations de patients sous surveillance et les différences dans les types de souches moléculaires circulantes.

## Forces et limites

La principale force de la surveillance du PCSIN est la collecte normalisée de données épidémiologiques et moléculaires détaillées provenant d'un vaste réseau d'hôpitaux sentinelles à travers le Canada. Des efforts continus ont été déployés pour accroître la représentativité du PCSIN, en particulier parmi les populations nordiques, communautaires, rurales et autochtones. De 2017 à 2021, la couverture des lits de soins de courte durée canadiens par le PCSIN est passée de 32 % à 35 %. Pour améliorer encore la représentativité, le PCSIN et l'Association pour la microbiologie médicale et l'infectiologie Canada ont lancé un ensemble de données simplifié accessible à tous les hôpitaux de soins de courte durée du Canada pour collecter et visualiser les données annuelles sur les taux d'IASS. Le nombre d'hôpitaux participant à chaque projet de surveillance des IASS était différent et les données épidémiologiques recueillies se limitaient aux informations disponibles dans les dossiers des patients. En ce qui concerne la surveillance des ISSACC, les données étaient limitées aux infections survenant dans les USI et, de ce fait, ne représentent qu'un sous-ensemble des ISSACC contractées dans l'hôpital. En outre, les différences dans les protocoles de surveillance et les définitions de cas limitent la comparaison avec les données d'autres pays. Le PCSIN continue de soutenir la réponse nationale de santé publique à la pandémie de COVID-19. Des études sont en cours pour évaluer l'incidence de la pandémie de COVID-19 sur les IASS et la résistance aux antimicrobiens liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales.

## Conclusion

Ce rapport présente un résumé actualisé des taux, de la répartition des agents pathogènes et des schémas de résistance aux antimicrobiens parmi les IASS liées à certains instruments médicaux et interventions chirurgicales ainsi que les agents pathogènes pertinents. La collecte et l'analyse des données de surveillance nationales sont importantes pour comprendre et réduire le fardeau des IASS liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales. Ces données fournissent des taux de référence pour les comparaisons à l'échelle nationale

et internationale et permettent de contribuer aux programmes et aux politiques de gestion des antimicrobiens ainsi que de prévention et de contrôle des infections.

## Déclaration des auteurs

Les hôpitaux du Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales ont apporté leur expertise dans l'élaboration de protocoles ainsi que dans la collecte et la présentation de données épidémiologiques et microbiologiques. Des épidémiologistes de l'Agence de santé publique du Canada ont été chargés de la conception, de l'analyse, de l'interprétation, de la rédaction et de la révision de l'article.

## Intérêts concurrents

Aucun.

## Remerciements

Nous remercions les médecins, les épidémiologistes, les spécialistes de la lutte contre les infections et le personnel de laboratoire de chaque hôpital participant pour leur contribution : Vancouver General Hospital (VGH), Vancouver, Colombie-Britannique (C.-B.); Richmond General Hospital, Richmond, C.-B.; UBC Hospital, Vancouver, C.-B.; Lion's Gate, North Vancouver, C.-B.; Powell River General Hospital, Powell River, C.-B.; Sechelt Hospital (anciennement St. Mary's), Sechelt, C.-B.; Squamish General Hospital, Squamish, C.-B.; Victoria General Hospital, Victoria, C.-B.; Royal Jubilee Hospital, Victoria, C.-B.; Nanaimo Regional General Hospital, Nanaimo, C.-B.; BC Women's Hospital, Vancouver, C.-B.; BC Children's Hospital, Vancouver, C.-B.; Kelowna General Hospital, Kelowna, C.-B.; Penticton Regional Hospital, Penticton, C.-B.; University Hospital of Northern BC, Prince George, C.-B.; Peter Lougheed Centre, Calgary, Alberta (Alb.); Rockyview General Hospital, Calgary, Alb.; South Health Campus, Calgary, Alb.; Foothills Medical Centre, Calgary, Alb.; Alberta Children's Hospital, Calgary, Alb.; University of Alberta Hospital, Edmonton, Alb.; Stollery Children's Hospital, Edmonton, Alb.; Royal University Hospital, Saskatoon, Saskatchewan (Saks.); Regina General Hospital, Regina, Saks.; Pasqua Hospital, Regina, Saks.; Moose Jaw Hospital, Saks.; St. Paul's Hospital, Saskatoon, Saks.; Health Sciences Centre-Winnipeg, Winnipeg, Manitoba (Man.); University of Manitoba Children's Hospital, Winnipeg, (Man.); Children's Hospital of Western Ontario, London, Ontario (Ont.); St. Michael's Hospital, Toronto, Ont.; Victoria Hospital, London, Ont.; University Hospital, London, Ont.; Toronto General Hospital, Toronto, Ont.; Toronto Western Hospital, Toronto, Ont.; Princess Margaret, Toronto, Ont.; Mount Sinai Hospital, Toronto, Ont.; Bridgepoint Active Healthcare, Toronto, Ont.; Sunnybrook Hospital, Toronto, Ont.; Kingston General Hospital, Kingston, Ont.; The Hospital for Sick Children, Toronto, Ont.; McMaster Children's Hospital, Hamilton, Ont.; St Joseph's Healthcare, Hamilton, Ont.; Jurvinski Hospital and Cancer Center, Hamilton, Ont.; Hamilton Health Sciences General Site, Hamilton, Ont.; The Ottawa Hospital Civic Campus, Ottawa, Ont.; The Ottawa



Hospital General Campus, Ottawa, Ont.; University of Ottawa Heart Institute, Ottawa, Ont.; Children's Hospital of Eastern Ontario (CHEO), Ottawa, Ont.; North York General Hospital, Toronto, Ont.; Hôpital régional de Sudbury, Sudbury, Ont.; Hôpital Temiskaming, Temiskaming Shores, Ont.; SMBD - Hôpital général juif, Montréal, Québec (Qc); Hôpital général de Lachine, Lachine, Qc; Hôpital de Montréal pour enfants, Montréal, Qc; Hôpital Maisonneuve-Rosemont, Montréal, Qc; Hôtel-Dieu de Québec, Québec, Qc; Centre hospitalier de l'Université de Montréal, Montréal, Qc; Hôpital général de Montréal, Montréal, Qc; Centre hospitalier universitaire Sainte-Justine, Montréal, Qc; Hôpital Royal Victoria, Montréal, Qc; Institut neurologique de Montréal, Montréal, Qc; Hôpital de Moncton, Moncton, Nouveau-Brunswick (N.-B.); Halifax Infirmary, Halifax, Nouvelle-Écosse (N.-É.); Victoria General, Halifax, N.-É.; Rehabilitation Centre, Halifax, N.-É.; Veterans Memorial Building, Halifax, N.-É.; Dartmouth General Hospital, Halifax, N.-É.; IWK Health Centre, Halifax, N.-É.; General Hospital & Miller Centre, St. John's, Terre-Neuve et Labrador (T.-N.-L.); Burin Peninsula Health Care Centre, Burin, T.-N.-L.; Carbonear General Hospital, Carbonear, T.-N.-L.; Dr. Cross Memorial Hospital, Clarendville, T.-N.-L.; Janeway Children's Hospital and Rehabilitation Centre, St. John's, T.-N.-L.; St. Clare's Mercy Hospital, St. John's, T.-N.-L.; Sir Thomas Roddick Hospital, Stephenville, T.-N.-L.; Western Memorial Regional Hospital, Corner Brook, T.-N.-L.; Central Newfoundland Regional Health Centre, Grand Falls-Windsor, T.-N.-L.; James Paton Memorial Hospital, Gander, T.-N.-L.; Dr. Jeon Kittiwake Health Centre, New-Wes-Valley, T.-N.-L.; Fogo Island Health Centre, Fogo, T.-N.-L.; Notre Dame Bay Memorial Health Centre, Twillingate, T.-N.-L.; Connaigre Peninsula Health Centre, Harbour Breton, T.-N.-L.; A.M. Guy Health Centre, Buchans, T.-N.-L.; Green Bay Health Centre, Springdale, T.-N.-L.; Baie Verte Peninsula Health Centre, Baie Verte, T.-N.-L.; Queen Elizabeth Hospital, Charlottetown, Île-du-Prince-Édouard (Î.-P.-É.); Prince County Hospital, Summerside, Î.-P.-É.; Qikiqtani General Hospital, Nunavut.

Nous remercions le personnel de l'Agence de la santé publique du Canada au Centre de la lutte contre les maladies transmissibles et les infections, Ottawa, Ont. (O. Varsaneux, L. Pelude, R. Mitchell, W. Rudnick, K. B. Choi, A. Silva, J. Cayen, C. McClellan, D. Lee, J. Bartoszko, N. Papayiannakis, M. Spagnuolo et J. Xu) et le Laboratoire national de microbiologie, Winnipeg, Man. (G. Golding, M. Mulvey, J. Campbell, T. Du, M. McCracken, L. Mataseje, A. Bharat, R. Edirmanasinghe, R. Hizon, S. Ahmed, K. Fakhruddin, D. Spreitzer et D. Boyd).

## Financement

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

## Références

1. World Health Organization. The burden of health care-associated infection worldwide. Geneva (CH): WHO; 2010. <https://www.who.int/news-room/feature-stories/detail/the-burden-of-health-care-associated-infection-worldwide>
2. Al-Tawfiq JA, Tambyah PA. Healthcare associated infections (HAI) perspectives. *J Infect Public Health* 2014;7(4):339-44. [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. Moriyama K, Ando T, Kotani M, Tokumine J, Nakazawa H, Motoyasu A, Yorozu T. Risk factors associated with increased incidences of catheter-related bloodstream infection. *Medicine (Baltimore)* 2022;101(42):e31160. [DOI PubMed](#)
5. Simon S, Hollenbeck B. Risk factors for surgical site infections in knee and hip arthroplasty patients. *Am J Infect Control* 2022;50(2):214-6. [DOI PubMed](#)
6. Simon TD, Butler J, Whitlock KB, Browd SR, Holubkov R, Kestle JR, Kulkarni AV, Langley M, Limbrick DD Jr, Mayer-Hamblett N, Tamber M, Wellons JC 3rd, Whitehead WE, Riva-Cambrin J; Hydrocephalus Clinical Research Network. Risk factors for first cerebrospinal fluid shunt infection: findings from a multi-center prospective cohort study. *J Pediatr* 2014;164(6):1462-8.e2. [DOI PubMed](#)
7. Weiner-Lastinger LM, Abner S, Edwards JR, Kallen AJ, Karlsson M, Magill SS, Pollock D, See I, Soe MM, Walters MS, Dudeck MA. Antimicrobial-resistant pathogens associated with adult healthcare-associated infections: Summary of data reported to the National Healthcare Safety Network, 2015-2017. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2020;41(1):1-18. [DOI PubMed](#)
8. Weiner-Lastinger LM, Pattabiraman V, Konnor RY, Patel PR, Wong E, Xu SY, Smith B, Edwards JR, Dudeck MA. The impact of coronavirus disease 2019 (COVID-19) on healthcare-associated infections in 2020: A summary of data reported to the National Healthcare Safety Network. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2022;43(1):12-25. [DOI PubMed](#)



9. Silva A, Bartoszko J, Cayen J, Choi KB, Mitchell R, Pelude L, Comeau JL, Hota SS, Johnstone J, Katz KC, Smith SW, Suh KN, Srigley JA on behalf of the Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program. Impact of COVID-19 on Healthcare-Associated Infections in Canadian Acute Care Hospitals: Interrupted Time Series (2018-2021). Antimicrobial Stewardship and Healthcare Epidemiology Journal. The Society of Healthcare Epidemiology of America. Ottawa, ON: 2023. [À venir].
10. Oxford University Hospitals. Infection Prevention and Control Annual Report 2020/2021. Oxford (UK): OUH; 2021. <https://www.ouh.nhs.uk/about/trust-board/2020/september/documents/TB2020.79-ipc-annual-report-2020.pdf>
11. Government of Western Australia Department of Health. Healthcare Infection Surveillance Western Australia (HISWA) Quarterly Aggregate Report. Perth (AU): HISWA; 2022. [https://www.health.wa.gov.au/~media/Corp/Documents/Health-for/Infectious-disease/HISWA/HISWA\\_Agg\\_Report\\_Q4-Apr\\_Jun\\_2021-22.pdf](https://www.health.wa.gov.au/~media/Corp/Documents/Health-for/Infectious-disease/HISWA/HISWA_Agg_Report_Q4-Apr_Jun_2021-22.pdf)
12. Centers for Disease Control and Prevention. 2017 National and State Healthcare-Associated Infections Progress Report. Atlanta, GA; CDC; 2018. [Consulté le 10 décembre 2021]. <https://www.cdc.gov/hai/data/archive/2017-HAI-progress-report.html>
13. Centers for Disease Control and Prevention. 2018 National and State Healthcare-Associated Infections Progress Report. Atlanta, GA: CDC; 2019. [Consulté le 4 mai 2021]. <https://www.cdc.gov/hai/data/archive/2018-HAI-progress-report.html>
14. Centers for Disease Control and Prevention. 2019 National and State Healthcare-Associated Infections Progress Report. Atlanta, GA: CDC; 2020. [Consulté le 4 mai 2021]. <https://www.cdc.gov/hai/data/portal/progress-report.html>
15. Centers for Disease Control and Prevention. 2020 National and State Healthcare-Associated Infections Progress Report. Atlanta, GA: CDC; 2021. [Consulté le 10 décembre 2021]. <https://arpsp.cdc.gov/profile/national-progress/united-states>
16. Centers for Disease Control and Prevention. Current HAI Progress Report. Atlanta, GA: CDC; 2019. [Consulté le 20 décembre 2022]. <https://www.cdc.gov/hai/data/portal/progress-report.html>
17. Rosenthal VD, Duszynska W, Ider BE, Gurskis V, Al-Ruzzieh MA, Myatra SN, Gupta D, Belkebir S, Upadhyay N, Zand F, Todi SK, Kharbanda M, Nair PK, Mishra S, Chaparro G, Mehta Y, Zala D, Janc J, Aguirre-Avalos G, Aguilar-De-Morós D, Hernandez-Chena BE, Gün E, Oztoprak-Cuvalci N, Yildizdas D, Abdelhalim MM, Ozturk-Deniz SS, Gan CS, Hung NV, Joudi H, Omar AA, Gikas A, El-Kholy AA, Barkat A, Koirala A, Cerero-Gudiño A, Bouziri A, Gomez-Nieto K, Fisher D, Medeiros EA, Salgado-Yeppez E, Horhat F, Agha HM, Vimercati JC, Villanueva V, Jayatilleke K, Nguyet LT, Raka L, Miranda-Novales MG, Petrov MM, Apisarnthanarak A, Tayyab N, Elahi N, Mejia N, Morfin-Otero R, Al-Khawaja S, Anguseva T, Gupta U, Belskii VA, Mat WR, Chapeta-Parada EG, Guanache-Garcell H, Barahona-Guzmán N, Mathew A, Raja K, Pattnaik SK, Pandya N, Poojary AA, Chawla R, Mahfouz T, Kanj SS, Mioljevic V, Hlinkova S, Mrazova M, Al-Abdely HM, Guclu E, Ozgultekin A, Baytas V, Tekin R, Yalçin AN, Erben N. International Nosocomial Infection Control Consortium (INICC) report, data summary of 45 countries for 2013-2018, Adult and Pediatric Units, Device-associated Module. Am J Infect Control 2021;49(10):1267-74. DOI PubMed
18. Public Health England. UK Health Security Agency. Surveillance of surgical site infections in NHS hospitals in England, April 2019 to March 2020. London (UK): PHE; 2020. [Consulté le 4 mai 2021]. [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/945712/SSI\\_Annual\\_Report\\_2019\\_20.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/945712/SSI_Annual_Report_2019_20.pdf)
19. European Centre for Disease Prevention and Control. Healthcare-associated infections: surgical site infections - Annual Epidemiological Report for 2017. Solna (SE): ECDC; 2019. [Consulté le 4 mai 2021]. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/healthcare-associated-infections-surgical-site-infections-annual-1>
20. Kandel CE, Jenkinson R, Daneman N, Backstein D, Hansen BE, Muller MP, Katz KC, Widdifield J, Bogoch E, Ward S, Sajja A, Jeldes FG, McGeer A. Predictors of Treatment Failure for Hip and Knee Prosthetic Joint Infections in the Setting of 1- and 2-Stage Exchange Arthroplasty: A Multicenter Retrospective Cohort. Open Forum Infect Dis 2019;6(11):ofz452. DOI PubMed
21. Springer BD, Cahue S, Etkin CD, Lewallen DG, McGrory BJ. Infection burden in total hip and knee arthroplasties: an international registry-based perspective. Arthroplast Today 2017;3(2):137-40. DOI PubMed
22. Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales. Infections liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales dans les hôpitaux de soins aigus du Canada de 2011 à 2020. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2022;48(7/8):357-72. DOI



23. Langley JM, Gravel D, Moore D, Matlow A, Embree J, MacKinnon-Cameron D, Conly J; Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program. Study of cerebrospinal fluid shunt-associated infections in the first year following placement, by the Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2009;30(3):285–8. [DOI PubMed](#)
24. Caruso TJ, Wang EY, Schwenk H, Marquez JL, Cahn J, Loh L, Shaffer J, Chen K, Wood M, Sharek PJ. A Postoperative Care Bundle Reduces Surgical Site Infections in Pediatric Patients Undergoing Cardiac Surgeries. *Jt Comm J Qual Patient Saf* 2019;45(3):156–63. [DOI PubMed](#)
25. Centers for Disease Control and Prevention. Antibiotic Resistance & Patient Safety Portal. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. Atlanta, GA: CDC. [Consulté le 5 janvier 2023]. <https://arpsp.cdc.gov/profile/antibiotic-resistance/methicillin-resistant-staphylococcus-aureus?hai-select-changes-over-time-topic=hai34&tabsection-12=0#infectious-event-type>
26. Litwin A, Fedorowicz O, Duszynska W. Characteristics of microbial factors of healthcare-associated infections including multidrug-resistant pathogens and antibiotic consumption at the University Intensive Care Unit in Poland in the years 2011–2018. *Int J Environ Res Public Health* 2020;17(19):6943. [DOI PubMed](#)
27. Centers for Disease Control and Prevention. Antibiotic Resistance & Patient Safety Portal. Vancomycin-resistant *Enterococcus faecium*. Atlanta, GA: CDC. [Consulté le 5 janvier 2023]. <https://arpsp.cdc.gov/profile/antibiotic-resistance/vancomycin-resistant-enterococcus-faecium#infectious-event-type>



## Appendice : Définitions de cas

### Infection du système sanguin associée aux cathéters centraux

Seules les infections du système sanguin associées aux cathéters centraux liées à une admission à une unité de soins intensifs ont été incluses dans le cadre de la surveillance.

#### Définition de cas d'infections du système sanguin :

Les infections du système sanguin ne sont **PAS** liées à une infection à un autre site et répondent à l'un des critères suivants :

**Critère 1** : Agent pathogène reconnu, cultivé à partir d'au moins une hémoculture, sans lien avec une infection sur un autre site.

**OU**

**Critère 2** : Au moins un des symptômes suivants : fièvre (plus de 38 °C température centrale), frissons, hypotension (si patient âgé de plus de 1 an : fièvre [plus de 38 °C température centrale], hypothermie [moins de 36 °C température centrale], apnée ou bradycardie) **ET** contaminant cutané courant (voir la liste ci-dessous) cultivé à partir d'au moins deux échantillons de sang prélevés lors de deux occasions distinctes ou à des sites différents sans rapport avec une infection à un autre site. Les différents sites peuvent comprendre des veines périphériques, des cathéters de voie centrale ou les lumières séparées d'un cathéter multilumière. Les différents moments comprennent deux hémocultures prélevées le même jour ou des jours civils consécutifs par des ponctions veineuses ou des entrées de cathéter séparées. La date de prélèvement de la première culture sanguine positive est la date utilisée pour identifier la date de la culture positive. Deux flacons d'hémoculture positive remplis à la même entrée de ponction veineuse ou de cathéter ne constituent qu'une seule hémoculture positive.

#### Définition de cas d'infection du système sanguin associée aux cathéters centraux :

Une infection du système sanguin associée aux cathéters centraux doit répondre à l'un des critères suivants :

**Critère 1** : Une infection du système sanguin confirmée en laboratoire pour laquelle un cathéter de voie centrale ou un cathéter ombilical était en place depuis plus de deux jours civils à la date de l'hémoculture positive, le jour du placement du dispositif étant le premier jour.

**OU**

**Critère 2** : Une infection du système sanguin associée aux cathéters centraux où le cathéter de voie centrale ou cathéter ombilical était en place depuis plus de deux jours civils, puis retiré le jour ou un jour avant le prélèvement d'une culture sanguine positive.

### Définition de cas d'une infection du système sanguin associée aux cathéters centraux dans une unité de soins intensifs :

Une infection du système sanguin est associée aux cathéters centraux liée à une USI si elle répond à l'un des critères suivants :

**Critère 1** : Infections du système sanguin associées aux cathéters centraux apparaissant après deux jours de séjour à l'USI.

**OU**

**Critère 2** : Si le patient sort de l'USI ou y est transféré, l'infection du système sanguin associée aux cathéters centraux est imputable à l'USI si elle s'est produite le jour du transfert ou le jour civil suivant le transfert hors de l'USI.

Remarque : Si le patient est transféré dans l'USI avec le cathéter de voie centrale et que la culture sanguine est positive le jour du transfert ou le jour civil suivant, l'infection du système sanguin associée aux cathéters centraux est attribuée à l'unité où le CVC a été inséré.

#### Contaminants cutanés courants :

Diptéroïdes, *Corynebacterium* spp., *Bacillus* spp., *Propionibacterium* spp., staphylocoques à coagulase négative (y compris *S. epidermidis*), streptocoques du groupe viridans, *Aerococcus* spp., *Micrococcus* spp. et *Rhodococcus* spp.

### Infection du site opératoire de la hanche et du genou

Seules les infections complexes du site opératoire (infection du site opératoire profonde associée à une incision ou organe/espace) suivant une arthroplastie de la hanche et du genou ont été incluses dans la surveillance.

#### Une infection du site opératoire profonde associée à une incision doit répondre au critère suivant :

L'infection survient dans les 90 jours suivant l'intervention chirurgicale et l'infection semble être liée à l'intervention chirurgicale et touche les tissus mous profonds (e.g. couches faciales et musculaires) de l'incision, et le patient a au moins **UN** des symptômes suivants :

- Drainage purulent de l'incision profonde, mais pas de l'organe/espace composant le site chirurgical
- L'incision profonde est spontanément déhiscente ou est délibérément ouverte par le chirurgien et est culture positive ou non-cultivée et le patient présente au moins un des signes ou symptômes suivants : fièvre (plus de 38 °C), ou douleur ou sensibilité localisée. Un résultat de culture négative ne répond pas à ce critère



- Un abcès ou autre preuve d'infection impliquant l'incision profonde est trouvé lors d'un examen direct, lors d'une réopération ou par un examen histopathologique ou radiologique
- Diagnostic d'une incision profonde par un chirurgien ou un médecin traitant

## Une infection du site opératoire d'organe/espace doit répondre au critère suivant :

L'infection survient dans les 90 jours suivant la procédure opératoire et semble être liée à la procédure opératoire et l'infection concerne toute partie du corps, à l'exception de l'incision cutanée, du fascia ou des couches musculaires, qui est ouverte ou manipulée pendant la procédure opératoire et dont le patient présente au moins **UN** des éléments suivants :

- Drainage purulent d'un drain placé dans l'organe/espace à travers une plaie
- Organismes isolés à partir d'une culture de fluide ou de tissu dans l'organe/espace à des fins de diagnostic ou de traitement clinique
- Un abcès ou autre preuve d'infection impliquant l'organe/espace qui est trouvé lors d'un examen direct, pendant une réopération ou par un examen histopathologique ou radiologique
- Diagnostic d'une infection du site opératoire de l'organe/espace par un chirurgien ou un médecin traitant

## Infection du site opératoire des voies de dérivation du liquide céphalorachidien

Seuls les patients qui ont subi une mise en place ou une révision d'un instrument d'aiguillage de liquide céphalorachidien et dont l'infection s'est produite dans l'année suivant l'intervention chirurgicale ont été inclus dans la surveillance.

### Définition de cas d'infection du site opératoire des voies de dérivation du liquide céphalorachidien :

Un dispositif de dérivation du liquide céphalorachidien internalisé est en place **ET** un ou des agents pathogènes bactériens ou fongiques sont identifiés dans le liquide céphalorachidien **ET** sont associés à au moins **UN** des éléments suivants :

- Fièvre (température d'au moins 38 °C)
- Signes ou symptômes neurologiques
- Signes ou symptômes abdominaux
- Signes ou symptômes d'une défaillance ou d'une obstruction du dispositif de dérivation

## Infection du site opératoire après une opération cardiaque pédiatrique

Seules les infections du site opératoire après une opération à cœur ouvert avec pontage cardiopulmonaire chez les patients pédiatriques (plus de 18 ans) ont été incluses dans le cadre de la surveillance.

### Une infection du site opératoire profonde associée à une incision doit répondre au critère suivant :

L'infection se produit dans les 30 jours suivant l'intervention chirurgicale et ne concerne que la peau et le tissu sous-cutané de l'incision et répond à au moins **UN** des critères suivants :

- Drainage purulent de l'incision superficielle
- Organismes isolés à partir d'une culture de liquide ou de tissu provenant de l'incision superficielle
- Le patient présente au moins **UN** des signes ou symptômes d'infection suivants :
  - Douleur ou sensibilité localisée; gonflement localisé; érythème; ou chaleur et incision superficielle délibérément ouverte par un chirurgien, et l'incision superficielle ou les tissus sous-cutanés sont culture positive ou non cultivée (un résultat de culture négative ne répond pas à ce critère)
  - Diagnostic d'une lésion superficielle par incision par le chirurgien ou le médecin traitant

### Une infection du site opératoire profonde associée à une incision doit répondre au critère suivant :

L'infection se produit dans les 90 jours suivant l'intervention chirurgicale et l'infection semble être liée à l'intervention chirurgicale **ET** concerne les tissus mous profonds (e.g. les couches du visage et des muscles) de l'incision **ET** le patient présente au moins **UN** des éléments suivants :

- Drainage purulent de l'incision profonde, mais pas de l'organe/espace composant le site chirurgical
- L'incision profonde est spontanément déhiscence ou est délibérément ouverte par le chirurgien, et est culture positive ou non-cultivée et le patient présente au moins un des signes ou symptômes suivants : fièvre (plus de 38 °C), douleur ou sensibilité localisée. Un résultat de culture négative ne répond pas à ce critère
- Un abcès ou autre preuve d'infection impliquant l'incision profonde est trouvé lors d'un examen direct, lors d'une réopération ou par un examen histopathologique ou radiologique
- Diagnostic d'une incision profonde par un chirurgien ou un médecin traitant



**Une infection du site opératoire d'organe/espace doit répondre au critère suivant :**

L'infection se produit dans les 90 jours après l'intervention chirurgicale et l'infection semble être liée à l'intervention chirurgicale **ET** l'infection concerne toute partie du corps plus profonde que les couches faciales/musculaires qui est ouverte ou manipulée pendant l'intervention chirurgicale **ET** le patient présente au moins **UN** des éléments suivants :

- Drainage purulent d'un drain placé dans l'organe/espace à travers une plaie
- Organismes isolés à partir d'une culture de fluide ou de tissu dans l'organe/espace à des fins de diagnostic ou de traitement clinique
- Un abcès ou autre preuve d'infection impliquant l'organe/espace qui est trouvé lors d'un examen direct, pendant une réopération ou par un examen histopathologique ou radiologique

**Tableau A1 : Taux d'infections du système sanguin associées aux cathéters centraux par 1 000 jours de cathéters, par type d'unité de soins intensifs, 2017 à 2021**

Année	USI mixte pour adultes	USICC pour adultes	USIN	USIP
2017	1,08	0,34	1,79	1,58
2018	1,13	0,78	1,81	1,92
2019	1,44	0,61	2,00	1,75
2020	1,77	0,95	1,55	1,70
2021	2,11	0,86	1,61	1,58
Global	1,53	0,68	1,75	1,71

Abréviations : USI, unité de soins intensifs; USICC, unité de soins intensifs en chirurgie cardiovasculaire; USIN, unité de soins intensifs néonatales; USIP, unité de soins intensifs pédiatriques

**Tableau A2 : Taux d'infections du site opératoire de la hanche et du genou par 100 interventions chirurgicales, 2017 à 2021**

Année	Hanche	Genou
2017	0,78	0,34
2018	0,88	0,31
2019	0,78	0,33
2020	0,46	0,30
2021	0,60	0,27
Global	0,70	0,31

**Tableau A3 : Taux d'infection du site opératoire des voies de dérivation du liquide céphalorachidien par 100 interventions chirurgicales, par type d'hôpital, 2017 à 2021**

Année	Hôpitaux mixtes et pour adultes	Hôpitaux pédiatriques	Tous les hôpitaux <sup>a</sup>
2017	3,9	3	3,4
2018	1,8	1,6	1,7
2019	3,3	4,9	4
2020	2,2	2,5	2,7
2021	1,8	3,7	2,7
Global	2,5	3,2	2,9

<sup>a</sup> Tous les hôpitaux comprennent les hôpitaux pour adultes, mixtes et pédiatriques participant à la surveillance des infections du site opératoire des voies de dérivation du liquide céphalorachidien

**Tableau A4 : Taux d'infections du site opératoire cardiaques pédiatriques par 100 interventions chirurgicales, 2017 à 2021**

Année	Taux
2017	4,43
2018	7,46
2019	5,04
2020	3,46
2021	3,31
Global	4,39



# Infections associées aux soins de santé et résistance aux antimicrobiens dans les hôpitaux canadiens de soins de courte durée, 2017 à 2021

Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales<sup>1\*</sup>

## Résumé

**Contexte :** Les infections associées aux soins de santé (IASS) et la résistance aux antimicrobiens (RAM) continuent de contribuer à la morbidité et à la mortalité excessives parmi les Canadiens. Ce rapport décrit les caractéristiques épidémiologiques et de laboratoire ainsi que les tendances des IASS et de la RAM de 2017 à 2021 (*Candida auris* 2012 à 2021) en utilisant les données de surveillance et de laboratoire soumises par les hôpitaux au Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales (PCSIN) et par les laboratoires provinciaux au Laboratoire national de microbiologie (LNM).

**Méthodes :** Données recueillies auprès de 88 hôpitaux sentinelles canadiens de soins de courte durée entre le 1<sup>er</sup> janvier 2017 et le 31 décembre 2021 pour les infections à *Clostridioides difficile* (ICD), les entérobactéries productrices de carbapénémase (EPC), les infections du sang (IS) à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SARM) et les IS à *Enterococcus* résistant à la vancomycine (ERV). La surveillance de *Candida auris* (*C. auris*) a été initiée en 2019 par le PCSIN et en 2012 par le LNM. Le nombre de cas, les taux, les résultats, la caractérisation moléculaire et les profils de résistance aux antimicrobiens sont présentés.

**Résultats :** De 2017 à 2021, une augmentation des taux pour 10 000 jours-patients a été observée pour les IS à SARM (35 %; 0,84–1,13), les IS à ERV (43 %; 0,23–0,33) et les infections à EPC (166 %; 0,03–0,08). Les taux d'ICD ont diminué de 11 % (5,68–5,05). Trente et un isolats de *C. auris* ont été identifiés au Canada entre 2012 et 2021, la majorité provenant de l'Ouest canadien (68 %).

**Conclusion :** De 2017 à 2021, l'incidence des IS à SARM et à ERV et des infections à EPC a augmenté dans les hôpitaux canadiens de soins de courte durée participant à un réseau sentinelle national (PCSIN), tandis que les ICD ont diminué. Peu d'isolats de *C. auris* ont été identifiés entre 2012 et 2021. La communication de données de surveillance normalisées et l'application cohérente de pratiques de prévention et de contrôle des infections dans les hôpitaux de soins de courte durée sont essentielles pour contribuer à réduire le fardeau des IASS et de la RAM au Canada.

**Citation proposée :** Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales. Infections associées aux soins de santé et résistance aux antimicrobiens dans les hôpitaux canadiens de soins de courte durée, 2017 à 2021. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2023;49(5):263–81.

<https://doi.org/10.14745/ccdr.v49i05a09f>

**Mots-clés :** infections nosocomiales, infections associées à la communauté, résistance aux antimicrobiens, surveillance, infection à *Clostridioides difficile*, *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline, *Enterococcus* résistant à la vancomycine, entérobactéries productrices de carbapénémases, *Escherichia coli*, *Candida auris*, Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales

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



## Affiliation

<sup>1</sup> Centre de la lutte contre les maladies transmissibles et les infections, Agence de la santé publique du Canada, Ottawa, ON

## \*Correspondance :

[cnisp-pcsine@phac-aspc.gc.ca](mailto:cnisp-pcsine@phac-aspc.gc.ca)



## Introduction

Les infections associées aux soins de santé (IASS), y compris les organismes résistants aux antimicrobiens, continuent de peser lourdement sur le système de santé canadien et sont à l'origine d'une morbidité et d'une mortalité excessives (1–5). Des études de prévalence ponctuelle menées au Canada et en Europe en 2017 ont estimé que 6,5 % à 7,9 % des patients dans les établissements de soins de courte durée présentaient au moins une IASS (6,7). Les Centres pour le contrôle et la prévention des maladies des États-Unis ont estimé qu'un patient hospitalisé sur 31 était infecté par une IASS, ce qui correspond à 687 000 infections et 72 000 décès par an (8).

La résistance aux antimicrobiens (RAM) menace le traitement des IASS et a été identifiée comme une menace sanitaire mondiale par l'Organisation mondiale de la Santé (9). Une étude sur la charge mondiale a estimé que 1,27 million de décès étaient imputables à la RAM bactérienne en 2019 (10). Au Canada, on estime que 14 000 décès ont été associés à la RAM en 2018, avec un coût estimé à 1,4 milliard de dollars par an pour le secteur des soins de santé, qui devrait atteindre 7,6 milliards de dollars par an d'ici à 2050 (11). Au cours de la pandémie de la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) déclarée le 11 mars 2020 (12), les changements dans les efforts de prévention et de contrôle des infections hospitalières et de gestion des antimicrobiens ont eu des effets variés sur les taux d'IASS et de RAM (13,14). Une action coordonnée de santé publique au niveau mondial, une meilleure gestion des antibiotiques et une meilleure sensibilisation du public sont essentielles pour identifier les schémas de résistance aux antimicrobiens et pour prévenir et contrôler les infections émergentes.

Au Canada, l'Agence de la santé publique du Canada recueille des données nationales sur diverses IASS et sur la RAM dans le cadre du Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales (PCSIN). Créé en 1994, le PCSIN est le fruit d'une collaboration entre l'Agence de la santé publique du Canada, l'Association pour la microbiologie médicale et l'infectiologie Canada et des hôpitaux sentinelles de tout le pays. L'objectif du PCSIN est de faciliter et d'informer la prévention, le contrôle et la réduction des IASS et des organismes résistants aux antimicrobiens dans les hôpitaux de soins de courte durée au Canada par le biais d'une surveillance active et de rapports.

Conformément aux éléments fondamentaux de l'Organisation mondiale de la Santé en matière de prévention et de contrôle des infections (14), le PCSIN exerce une surveillance cohérente et normalisée afin d'estimer de manière fiable la charge des IASS, d'établir des taux de référence à des fins de comparaison nationale et internationale, d'identifier les facteurs de risque potentiels et d'évaluer et d'informer les interventions spécifiques visant à améliorer les résultats pour la santé des patients. Les données fournies par le PCSIN soutiennent directement

les objectifs de collaboration décrits dans le Cadre d'action pancanadien de 2017 pour lutter contre la RAM et l'utilisation des antimicrobiens (9).

Dans ce rapport, nous décrivons les données de surveillance des IASS et de la RAM les plus récentes recueillies auprès des hôpitaux participant au PCSIN entre 2017 et 2021. De plus, pour la première fois, nous fournissons un résumé épidémiologique des isolats de *Candida auris* (*C. auris*) identifiés de 2012 à 2021 afin de mettre en contexte ce pathogène émergent au Canada.

## Méthodes

### Conception

Le PCSIN effectue une surveillance prospective et sentinelle des IASS (y compris des organismes résistants aux antimicrobiens).

### Définitions de cas

Des définitions de cas normalisées pour les infections associées aux soins de santé (AS) et les infections associées à la communauté (AC) ont été utilisées. Voir l'**appendice** pour les définitions complètes des cas.

### Sources de données

Entre le 1<sup>er</sup> janvier 2017 et le 31 décembre 2021, les hôpitaux participants ont soumis des données épidémiologiques et des isolats pour les cas répondant aux définitions de cas respectives pour les infections à *Clostridioides difficile* (ICD), les infections du sang à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SARM), les infections du sang à *Enterococcus* résistant à la vancomycine (ERV) et les infections à *Enterobacterales* productrices de carbapénémases (EPC). Les isolats de *C. auris* admissibles (infections ou colonisations) ont été identifiés par les laboratoires provinciaux et les laboratoires des hôpitaux participants entre le 1<sup>er</sup> janvier 2012 et le 31 décembre 2021, tandis que la surveillance de *C. auris* par le PCSIN a débuté le 1<sup>er</sup> janvier 2019. En 2021, 88 hôpitaux dans 10 provinces et un territoire ont participé à la surveillance des IASS et sont décrits plus en détail dans le **tableau 1** et la **figure S1** du **matériel supplémentaire**. En 2021, les admissions de patients saisies dans le cadre de la surveillance des IASS du PCSIN étaient réparties dans des hôpitaux classés comme petits (1 à 200 lits, n = 38 sites, 43 %), moyens (201 à 499 lits, n = 36 sites, 41 %) et grands (plus de 500 lits, n = 14 sites, 16 %) (tableau 1).

**Tableau 1 : Résumé des hôpitaux participant au Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales, par région, 2021**

Détails des hôpitaux participants	Ouest <sup>a</sup>	Centre <sup>b</sup>	Est <sup>c</sup>	Nord <sup>d</sup>	Total
Nombre total d'hôpitaux	29	32	26	1	88
<b>Type d'hôpital</b>					
Adulte <sup>e</sup>	12	21	16	0	49
Mixte	13	7	9	1	30
Pédiatrique	4	4	1	0	9
<b>Taille de l'hôpital</b>					
Petit (1 à 200 lits)	11	8	18	1	38
Moyen (201 à 499 lits)	10	18	8	0	36
Grand (plus de 500 lits)	8	6	0	0	14
<b>Admissions et congés</b>					
Nombre total de lits	9 707	12 155	3 302	22	25 186
Nombre total d'admissions	435 550	522 198	104 531	2 272	1 064 551
Nombre total de jours-patients	3 281 963	3 860 904	952 460	6 084	8 101 411

<sup>a</sup> Par « Ouest », on désigne la Colombie-Britannique, l'Alberta, la Saskatchewan et le Manitoba

<sup>b</sup> Par « Centre », on désigne l'Ontario et le Québec

<sup>c</sup> Par « Est », on désigne la Nouvelle-Écosse, le Nouveau-Brunswick, l'Île-du-Prince-Édouard et Terre-Neuve-et-Labrador

<sup>d</sup> Par « Nord », on désigne le Nunavut

<sup>e</sup> Sept hôpitaux classés pour « adultes » disposaient d'une unité de soins intensifs néonataux

Les données épidémiologiques (démographiques, cliniques et de résultats) et les données de dénominateur (jours-patients et admissions de patients) ont été collectées et soumises par les hôpitaux participants par l'intermédiaire du Réseau canadien de renseignements sur la santé publique, soit une plateforme de données en ligne sécurisée.

Des groupes de travail composés d'experts en maladies infectieuses ont examiné chaque année les protocoles normalisés et les définitions de cas; le personnel des hôpitaux participant au PCSIN a reçu une formation sur la transmission des données, selon les besoins. La qualité des données des projets de surveillance a été évaluée périodiquement; la méthodologie a été publiée précédemment (15,16).

## Données de laboratoire

Les isolats de laboratoire liés aux patients (échantillons de selles pour les cas d'ICD) ont été envoyés au Laboratoire national de microbiologie (LNM) de l'Agence de la santé publique du Canada pour une caractérisation moléculaire et des épreuves de sensibilité. Les isolats des infections du sang à SARM, des infections du sang à ERV, d'EPC, de *C. auris* (de 2019 à 2021) et d'ICD pédiatrique ont été soumis tout au long de l'année. Les isolats d'ICD adultes ont été soumis chaque année au cours d'une période ciblée de deux mois (du 1<sup>er</sup> mars au 30 avril). Les laboratoires provinciaux soumettent des isolats de *C. auris* au LNM depuis 2012.

## Analyse statistique

Les taux d'IASS ont été calculés en divisant le nombre total de cas identifiés chez les patients admis dans les hôpitaux participant au PCSIN par le nombre total d'admissions de patients (multiplié par 1 000) ou de jours-patients (multiplié par

10 000). Les taux d'IASS sont rapportés au niveau national et par région (Ouest : Colombie-Britannique, Alberta, Saskatchewan et Manitoba; Centre : Ontario et Québec; Est : Nouvelle-Écosse, Nouveau-Brunswick, Île-du-Prince-Édouard et Terre-Neuve-et-Labrador; Nord : Nunavut). Les sites qui n'ont pas été en mesure de fournir des données sur les cas ont été exclus du calcul des taux et les données manquantes du dénominateur ont été estimées à l'aide des données rapportées l'année précédente, le cas échéant. Les données épidémiologiques et moléculaires manquantes ont été exclues de l'analyse. Le test de Mann-Kendall a été utilisé pour évaluer les tendances. Les tests de signification étaient bilatéraux et les différences étaient considérées comme significatives à  $p \leq 0,05$ .

Lorsqu'elle était disponible, la mortalité attribuable et la mortalité toutes causes confondues ont été rapportées pour les IASS. Le taux de mortalité attribuable a été défini comme le nombre de décès pour 100 cas d'IASS où l'infection a été la cause directe du décès ou a contribué au décès dans les 30 jours suivant la culture positive ou l'échantillon histopathologique, tel que déterminé par l'examen du médecin. Le taux de mortalité toutes causes confondues a été défini comme le nombre de décès pour 100 cas d'IASS 30 jours après une culture positive.

## Résultats

### Infection à *Clostridioides difficile*

Entre 2017 et 2021, les taux globaux d'ICD ont diminué de 11 % (de 5,68 à 5,05 infections pour 10 000 jours-patients); cependant, cette tendance à la baisse n'était pas significative ( $p = 0,142$ ) (tableau 2). Stratifiée par source d'infection, l'incidence des ICD-SS a diminué de manière significative; de 15,5 %, passant


**Tableau 2 : Données sur les infections à *Clostridioides difficile*, Canada, 2017 à 2021<sup>a</sup>**

Données sur l'infection à <i>C. difficile</i>	Année									
	2017		2018		2019		2020		2021	
<b>Nombre d'infections et taux d'incidence</b>										
Nombre de cas d'infection à <i>C. difficile</i>	4 018		3 850		3 600		3 654		3 572	
Taux pour 1 000 admissions de patients	4,29		4,15		3,70		3,97		3,94	
Taux pour 10 000 jours-patients	5,68		5,42		4,90		5,35		5,05	
Nombre d'hôpitaux répondants	68		68		73		82		80	
Taux de mortalité attribuable pour 100 cas (%) <sup>b</sup>	2,6		1,2		2,2		2,5		2,2	
<b>Résistance aux antimicrobiens<sup>c</sup></b>	<b>n</b>	<b>%</b>								
Clindamycine	149	22,0	307	48,7	221	38,9	62	17,1	64	11,9
Moxifloxacine	114	16,9	70	11,1	66	11,6	24	6,6	49	9,1
Rifampicine	14	2,1	10	1,6	6	1,1	3	0,8	9	1,7
Métronidazole	0	0,0	1	0,2	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Nombre total d'isolats testés <sup>d</sup>	676	s.o.	631	s.o.	568	s.o.	363	s.o.	538	s.o.

Abréviations : *C. difficile*, *Clostridioides difficile*; s.o., sans objet

<sup>a</sup> Tous les isolats de *C. difficile* de 2017 à 2021 soumis au Laboratoire national de microbiologie étaient sensibles à la tigécycline et à la vancomycine

<sup>b</sup> Décès où l'infection à *C. difficile* a été la cause directe ou a contribué au décès 30 jours après la date du premier échantillon de laboratoire positif ou de l'échantillon histopathologique positif. Les données de mortalité sont collectées pendant la période de deux mois (mars et avril de chaque année) pour les adultes (âgés de 18 ans et plus) et tout au long de l'année pour les enfants (âgés d'un an à moins de 18 ans). Parmi les patients pédiatriques, aucun décès n'a été attribué à une infection à *C. difficile* associée aux soins de santé

<sup>c</sup> Les isolats d'infection à *C. difficile* sont collectés pour les tests de résistance pendant la période de deux mois (mars et avril de chaque année) pour les adultes (âgés de 18 ans et plus) et tout au long de l'année pour les enfants (âgés d'un an à moins de 18 ans), uniquement chez les patients admis

<sup>d</sup> Le nombre total reflète le nombre d'isolats testés pour chacun des antibiotiques énumérés ci-dessus

de 4,19 à 3,54 infections pour 10 000 jours-patients ( $p = 0,050$ ) (tableau S1.1). Les taux d'ICD associée à la communauté (appendice) sont restés stables si l'on compare les taux de 2017 à ceux de 2021 pour 1 000 admissions de patients.

Au niveau régional, les taux d'ICD-AS ont diminué dans toutes les régions, à l'exception de l'Est où les taux sont restés relativement stables. Pour l'ICD-AC, les taux de la région du Centre restent globalement les plus élevés entre 2017 et 2021 (intervalle : 1,39–1,66), suivie de la région Ouest et de la région Est. La mortalité globale attribuable à l'ICD est restée faible et a fluctué (intervalle : 1,2–2,6 décès pour 100 cas) de 2017 à 2021 ( $p = 0,801$ ) (tableau S1.1).

La proportion d'isolats de *C. difficile* résistants à la moxifloxacine a diminué de 7,8 % entre 2017 (16,9 %,  $n = 114/676$ ) et 2021 (9,1 %,  $n = 49/538$ ) (tableau 2). Depuis 2017, la résistance à la moxifloxacine a diminué de manière significative parmi les isolats ICD-AS (8,7 %,  $p = 0,050$ ), tandis qu'une diminution moins importante et non significative a été observée parmi les ICD-AC (3,9 %,  $p = 0,327$ ) (tableau S1.2). Tous les isolats de *C. difficile* testés étaient sensibles à la vancomycine et à la tigécycline. Un seul cas de résistance au métronidazole a été identifié en 2018. Entre 2017 et 2021, la prévalence du ribotype 027 associé à NAP1 a diminué pour les AS et les ICD-AC (de 7,7 %, passant de 15,4 % à 7,7 %, et de 4,6 %, passant de 14,7 % à 11,0 %, respectivement) (tableau S1.3).

## Infections du sang à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline

Entre 2017 et 2021, les taux globaux d'infection du sang à SARM ont augmenté de 35 % (0,84–1,13 infections pour 10 000 jours-patients), avec un pic observé en 2020 (1,16 infection pour 10 000 jours-patients) (tableau 3). Une augmentation continue et régulière (80 %,  $p = 0,05$ ) a été observée de 2017 à 2021 dans les taux d'infection du sang à SARM-AC stratifiés par type de cas par rapport aux taux de SARM-AS, qui sont restés stables au fil du temps (intervalle : 0,43–0,50 infections pour 10 000 jours-patients) (tableau S2.1).

En 2021, les taux d'infection du sang à SARM-AS et à SARM-AC étaient les plus élevés dans l'Ouest du Canada (0,47 et 0,82 infection pour 10 000 jours-patients, respectivement) (tableau S2.1). Parmi les types d'hôpitaux, les taux d'infection du sang à SARM-AC et AS sont généralement restés les plus élevés dans les hôpitaux pour adultes et les hôpitaux mixtes. Depuis 2019, les taux d'infection du sang à SARM-AS stratifiés par taille d'hôpital étaient les plus élevés dans les hôpitaux de taille moyenne (201–499 lits) et de grande taille (plus de 500 lits), tandis que les taux d'infection du sang à SARM-AC étaient les plus élevés dans les hôpitaux de taille moyenne. Le taux de mortalité, toutes causes confondues, est resté relativement stable entre 2017 et 2021 (étendue : 16,2 %–18,8 %) (tableau 3). En 2021, la mortalité toutes causes confondues par 30 jours était plus élevée chez les patients atteints de SARM-AS (24,8 %) que chez ceux atteints de SARM-AC (15,0 %).

Tableau 3 : Données sur les infections du sang à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline, Canada, 2017 à 2021

Données sur les infections du sang à SARM	Année									
	2017		2018		2019		2020		2021	
<b>Nombre d'infections et taux d'incidence</b>										
Nombre d'infections du sang à SARM	606		767		888		873		855	
Taux pour 1 000 admissions de patients	0,61		0,78		0,85		0,86		0,84	
Taux pour 10 000 jours-patients	0,84		1,05		1,14		1,16		1,13	
Nombre d'hôpitaux répondants	65		62		69		81		78	
<b>Taux de mortalité, toutes causes confondues<sup>a</sup></b>										
Nombre de décès	99		144		144		152		159	
Taux de mortalité, toutes causes confondues, pour 100 cas	16,4		18,8		16,2		17,4		18,6	
<b>Résistance aux antimicrobiens<sup>b</sup></b>										
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
Erythromycine	455	80,7	527	75,6	602	75,6	501	72,2	440	68,1
Ciprofloxacine	432	76,6	503	72,2	560	70,4	454	65,4	414	64,1
Clindamycine	239	42,4	287	41,2	297	37,3	229	33,0	185	28,6
Tétracycline	35	6,2	49	7,0	62	7,8	46	6,6	51	7,9
Triméthoprim/sulfaméthoxazole	8	1,4	13	1,9	15	1,9	16	2,3	27	4,2
Rifampicine	9	1,6	6	0,9	7	0,9	6	0,9	8	1,2
Tigécycline	0	0	0	0	0	0	1	0,1	2	0,3
Daptomycine	5	0,9	0	0	3	0,4	5	0,7	5	0,8
Nombre total d'isolats testés <sup>c,d</sup>	564	s.o.	697	s.o.	796	s.o.	694	s.o.	646	s.o.

Abbreviations : SARM, *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline; s.o., sans objet

<sup>a</sup> Basé sur le nombre de cas avec des données sur 30 jours correspondantes sur les résultats

<sup>b</sup> Tous les isolats de SARM de 2017 à 2021 soumis au Laboratoire national de microbiologie étaient sensibles au linézolide et à la vancomycine

<sup>c</sup> Certaines années, le nombre d'isolats testés pour leur résistance a varié en fonction de l'antibiotique

<sup>d</sup> Le nombre total reflète le nombre d'isolats testés pour chacun des antibiotiques énumérés ci-dessus

La résistance à la clindamycine parmi les isolats de SARM a diminué de manière significative de 13,8 % entre 2017 (42,4 %, n = 239/564) et 2021 (28,6 %, n = 185/646) ( $p = 0,0143$ ) (tableau 3). Depuis 2017, la proportion d'isolats de SARM résistants à l'érythromycine et à la ciprofloxacine a diminué, mais est restée élevée (68,1 % et 64,1 % en 2021, respectivement) par rapport aux autres antibiotiques testés. Entre 2017 et 2021, la non-sensibilité à la daptomycine a été détectée chez 18 isolats. Tous les isolats d'infection du sang à SARM soumis entre 2017 et 2021 étaient sensibles au linézolide et à la vancomycine.

En comparant les isolats de SARM-AS aux isolats de SARM-AC, la résistance à la clindamycine était systématiquement plus élevée parmi les isolats de SARM-AS chaque année, de 2017 (47,3 % C. 36,6 %) à 2021 (36,3 % C. 23,9 %) (tableau S2.2). Il n'y a pas eu d'autres différences notables dans les profils de résistance aux antibiotiques selon le type de cas de bactérie SARM.

Entre 2017 et 2021, la proportion des types de spa identifiés comme t002 (SARMC2) et le plus souvent associés à des infections à SARM contractées dans un établissement de santé a continué à diminuer, passant de 23,5 % de tous les isolats de SARM-AS en 2017 à 15,6 % en 2021. La proportion de types de spa identifiés comme t008 (SARMC10) et le plus souvent associés à des infections à SARM acquises dans la communauté a continué d'augmenter et représente la plus grande proportion

d'isolats de SARM-AC de 2017 (45,3 %) à 2021 (48,9 %) (tableau S2.3).

## Infections du sang à *Enterococcus* résistant à la vancomycine

De 2017 à 2018, les taux d'infection du sang à ERV ont augmenté de 43 %, passant de 0,23 à 0,33 infection pour 10 000 jours-patients, tandis que les taux sont restés élevés, mais stables de 2018 à 2021 (étendue : 0,30–0,33 infections pour 10 000 jours-patients) (tableau 4). Au niveau régional, les taux d'infection du sang à ERV étaient les plus élevés dans l'Ouest et le Centre du Canada (0,42 et 0,34 infection par 10 000 jours-patients en 2021, respectivement), peu d'infection du sang à ERV ayant été signalée dans l'Est du Canada (étendue : 0–0,02 infections pour 10 000 jours-patients) (tableau S3.1). Stratifiés par type d'hôpital, les taux d'infection du sang à ERV sont restés les plus élevés dans les hôpitaux pour adultes de 2017 à 2021 (étendue : 0,29–0,45 infections pour 10 000 jours-patients). De 2017 à 2021, les taux d'infection du sang à ERV dans les hôpitaux pédiatriques ont été faibles et aucun cas n'a été signalé en 2021. En 2021, les taux d'infection du sang à ERV étaient de 0,36 infection pour 10 000 jours-patients dans les hôpitaux de taille moyenne (201 à 499 lits) et de grande taille (plus de 500 lits), tandis que les taux dans les petits hôpitaux (1 à 200 lits) ont diminué depuis 2019 (0,35 à 0,14 infection pour 10 000 jours-patients).


**Tableau 4 : Données sur les infections du sang à *Enterococcus faecium* résistant à la vancomycine, 2017 à 2021**

Données sur les infections du sang à ERV	Année									
	2017		2018		2019		2020		2021	
<b>Données sur les infections du sang à <i>Enterococcus</i> résistant à la vancomycine</b>										
Nombre d'infections du sang à ERV	154		242		241		223		246	
Taux pour 1 000 admissions de patients	0,16		0,25		0,23		0,22		0,25	
Taux pour 10 000 jours-patients	0,23		0,33		0,30		0,30		0,33	
Nombre d'hôpitaux répondants	59		62		70		80		76	
<b>Résistance antimicrobienne des isolats d'<i>Enterococcus faecium</i></b>	<b>n</b>	<b>%</b>								
Ampicilline	115	100	180	100	173	100	130	98,5	142	99,3
Chloramphénicol	11	9,6	4	2,2	30	17,3	28	21,2	48	33,6
Ciprofloxacine	115	100	180	100	173	100	131	99,2	142	99,3
Daptomycine <sup>a</sup>	9	7,8	11	6,1	7	4,0	4	3,0	2	1,4
Erythromycine	107	93,0	172	95,6	166	96,0	126	95,5	135	94,4
Résistance de haut niveau à la gentamicine	44	38,3	76	42,2	57	32,9	35	26,5	26	18,2
Levofloxacine	115	100	178	98,9	173	100	130	98,5	142	99,3
Linezolid	0	0,0	2	1,1	3	1,7	1	0,8	1	0,7
Nitrofurantoïne	51	44,3	54	30,0	66	38,2	54	40,9	112	78,3
Pénicilline	115	100	180	100	173	100	131	99,2	142	99,3
Quinupristine/dalfopristine	8	7,0	18	10,0	18	10,4	7	5,3	4	2,8
Rifampicine	109	94,8	162	90,0	160	92,5	114	86,4	131	91,6
Résistance de haut niveau à la streptomycine	39	33,9	60	33,3	42	24,3	29	22,0	39	27,3
Tétracycline	65	56,5	107	59,4	119	68,8	88	66,7	114	79,7
Tigécycline	0	0,0	1	0,6	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Vancomycine	110	95,7	175	97,2	170	98,3	128	97,0	138	96,5
Nombre total d'isolats testés <sup>b</sup>	115	s.o.	180	s.o.	173	s.o.	132	s.o.	143	s.o.

Abréviations : ERV, *Enterococcus* résistant à la vancomycine; s.o., sans objet

<sup>a</sup> Les seuils de résistance du Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) sont entrés en vigueur en 2019 et ont été appliqués à toutes les années

<sup>b</sup> Le nombre total reflète le nombre d'isolats testés pour chacun des antibiotiques énumérés ci-dessus

Remarque : Les données globales de mortalité sont rapportées dans le texte en raison des fluctuations du petit nombre de décès par infection du sang à ERV rapportés chaque année

Les infections du sang à *Enterococcus* résistant à la vancomycine étaient majoritairement AS, puisque 89,9 % (n = 994/1 106) des infections du sang à ERV déclarées entre 2017 et 2021 ont été acquises dans un établissement de soins de santé. La mortalité toutes causes confondues est restée élevée (32,6 %) de 2017 à 2021. Les taux d'incidence par région, par type d'hôpital et par taille d'hôpital sont présentés dans le **tableau S3.2**.

Entre 2017 et 2021, la résistance de haut niveau à la gentamicine parmi les isolats d'infection du sang à ERV (*Enterococcus faecium*) a diminué de 38,3 % à 18,2 % (p = 0,05) (tableau 4). La non-susceptibilité à la daptomycine, identifiée pour la première fois en 2016, est passée de 7,8 % (n = 9 isolats) en 2017 à 1,4 % (n = 2 isolats) en 2021 (p = 0,0143). Depuis 2017, la majorité (99,4 %) des isolats d'infection du sang à ERV ont été identifiés comme *Enterococcus faecium*; cependant, trois *E. faecalis* ont été identifiés en 2018 et un en 2020 (**tableau S3.3**). Parmi les isolats d'*E. faecium*, la proportion identifiée comme étant de type de séquence (ST)1478 était la plus élevée en

2018 (37,2 %, n = 67/180) et a diminué à 7,0 % (n = 10/143) en 2021 (p = 0,0415) (**tableau S3.4**). En outre, la proportion d'isolats ST17 a augmenté de manière significative entre 2017 (6,1 %, n = 7/115) et 2021 (53,8 %, n = 77/143) (p = 0,05) (**tableau S3.4**).

### Entérobactéries productrices de carbapénémase

De 2017 à 2021, les taux d'infection par EPC sont restés faibles. Une légère augmentation a été observée entre 2017 et 2018 (0,03 à 0,06 infection pour 10 000 jours-patients, respectivement) et les taux sont restés stables de 2018 à 2021 (**tableau 5**).

Tableau 5 : Données sur les entérobactéries productrices de carbapénémase, Canada, 2017 à 2021<sup>a</sup>

Données sur l'EPC	Année									
	2017		2018		2019		2020		2021	
<b>Nombre d'infections et taux d'incidence</b>										
Nombre d'infections à EPC	20		36		50		41		55	
Taux d'infection pour 1 000 admissions de patients	0,02		0,04		0,06		0,05		0,06	
Taux d'infection pour 1 000 jours-patients	0,3		0,6		0,8		0,6		0,8	
Taux d'infection pour 10 000 jours-patients	0,03		0,06		0,08		0,06		0,08	
Nombre d'hôpitaux répondants	52		51		59		75		77	
<b>Médicaments testés pour la résistance aux antimicrobiens</b>										
<b>Antibiotiques<sup>b,c</sup></b>	<b>n</b>	<b>%</b>								
Pipéracilline-tazobactam	159	85,0	210	92,1	237	90,8	230	93,9	262	92,3
Ceftriaxone	173	92,5	212	93,0	250	95,8	218	88,9	244	85,9
Ceftazidime	160	85,6	192	84,2	233	89,3	203	82,9	225	79,2
Méropénem	159	85,0	198	86,8	190	72,8	149	60,8	183	64,4
Ciprofloxacine	138	73,8	158	69,3	183	70,1	173	70,6	195	68,7
Amikacine	32	17,1	44	19,3	23	8,8	24	9,8	22	7,7
Gentamicine	64	34,2	80	35,1	86	33,0	76	31	78	27,5
Tobramycine	71	38,0	101	44,3	121	46,4	91	37,1	106	37,2
Triméthoprime-sulfaméthoxazole	113	60,4	143	62,7	193	73,9	184	75,1	204	71,8
Tigécycline	18	9,6	30	13,2	36	13,8	0	0	1	0,4
Nombre total d'isolats testés <sup>d</sup>	187	s.o.	228	s.o.	261	s.o.	245	s.o.	284	s.o.
<b>Carbapénémases identifiées</b>										
KPC	86	46,0	122	53,0	127	48,5	98	40	133	46,8
NDM	53	28,3	59	25,7	74	28,2	80	32,7	74	26,1
OXA-48	33	17,6	30	13,0	40	15,3	48	19,6	45	15,8
PME <sup>e</sup>	2	1,1	4	1,7	1	0,4	2	0,8	1	0,4
NDM/OXA-48	5	2,7	6	2,6	10	3,8	9	3,7	11	3,9
GES	1	0,5	1	0,4	2	0,8	0	0	1	0,4
IMP	0	0,0	3	1,3	1	0,4	1	0,4	1	0,4
NMC	4	2,1	2	0,9	4	1,5	7	2,9	15	5,3
VIM	3	1,6	3	1,3	3	1,1	0	0	1	0,4
Autres	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0	2	0,7
Nombre total d'isolats testés <sup>f</sup>	187	s.o.	230	s.o.	262	s.o.	245	s.o.	284	s.o.

Abréviations : EPC, entérobactéries productrices de carbapénémases; GES, bêta-lactamase à spectre élargi de Guyane; IMP, imipénémase; KPC, *Klebsiella pneumoniae* productrice de carbapénémase; NDM, New Delhi métallo-bêta-lactamase; NMC, carbapénémase non métallo-enzyme; OXA-48, carbapénémase de type oxacilline 48; SME, enzymes *Serratia marcescens*; s.o., sans objet; VIM, métallo-bêta-lactamase codée par l'intégrine de Véronne

<sup>a</sup> Comprend des données pour tous les isolats d'EPC soumis

<sup>b</sup> Tous les isolats étaient résistants à l'ampicilline et tous sauf un à la céfazoline. Tous les isolats d'organismes producteurs de carbapénémases ont été soumis à un dépistage du gène de type *mcr*, un gène acquis associé à la résistance à la colistine

<sup>c</sup> Le dénominateur de certains médicaments a été ajusté, car les valeurs de concentration minimale inhibitrice n'ont pas été données dans tous les cas en raison des algorithmes de VITEK<sup>MD</sup>

<sup>d</sup> Le nombre total reflète le nombre d'isolats testés pour chacun des antibiotiques énumérés ci-dessus

<sup>e</sup> Présente uniquement dans *Serratia marcescens*

<sup>f</sup> Certains isolats contiennent plusieurs carbapénémases; par conséquent, le nombre total d'isolats testés et le nombre de carbapénémases indiqué peuvent ne pas correspondre

Remarque : Les données globales de mortalité sont rapportées dans le texte en raison des fluctuations du petit nombre de décès par EPC rapportés chaque année

De 2017 à 2021, la majorité des infections à EPC (97,5 %) ont été identifiées dans le Centre (50,0 %, n = 101/202) et l'Ouest du Canada (47,0 %, n = 95/202), tandis que peu d'infections ont été identifiées dans l'Est (3,0 %, n = 6/202) (tableau S4). De 2017 à 2021, les grands hôpitaux (plus de 500 lits) ont généralement signalé les taux les plus élevés d'infections à EPC

(0,05–0,12 infections pour 10 000 jours-patients). La mortalité en trente jours, toutes causes confondues, était de 19,7 % (n = 38/193). De 2017 à 2021, 28,9 % (n = 48/166) des patients infectés par EPC ont déclaré avoir voyagé à l'étranger et parmi eux, 91,5 % (n = 43/47) ont reçu des soins médicaux à l'étranger.



Entre 2017 et 2021, la prévalence de la résistance à l'amikacine et à la gentamicine parmi les isolats d'EPC a diminué de 9,4 % et de 6,7 %, respectivement, tandis que la résistance au triméthoprim-sulfaméthoxazole a augmenté de 11,4 % (tableau 5). Les carbapénémases prédominantes identifiées au Canada étaient la *Klebsiella pneumoniae* productrice de carbapénémase (KPC), la New Delhi métallo-bêta-lactamase (NDM) et la carbapénémase de type oxacillinase 48 (OXA-48), représentant 88,7 % des carbapénémases identifiées en 2021. Parmi les isolats soumis, la proportion d'agents pathogènes producteurs de carbapénémase identifiés comme *Escherichia coli* a diminué de 7,1 % depuis 2019; cependant, ils restent l'agent pathogène le plus fréquemment identifié de 2017 à 2021 (intervalle : 23,1 %–33,7 %) (tableau S5). De 2017 à 2021, les agents pathogènes producteurs de carbapénémases identifiés comme *Klebsiella pneumoniae* ont diminué de 7,7 %, tandis que le *Citrobacter freundii* a augmenté de 9 %.

### **Candida auris**

Au total, 31 isolats (colonisations et infections) ont été signalés au LNM entre 2012 et 2021. Vingt-et-un cas ont été recensés dans l'Ouest du Canada, neuf dans le centre du pays et un dans l'est. Environ un tiers des isolats étaient résistants à l'amphotéricine B (38,7 %, n = 12/31) et deux tiers étaient résistants au fluconazole (58,1 %, n = 18/31). Un tiers des isolats étaient multirésistants (résistants à deux classes d'antifongiques) (38,7 %, n = 12/31). Sur les huit patients ayant fourni des informations sur leurs voyages, deux n'ont déclaré aucun voyage (25 %) et six ont déclaré des voyages internationaux (75 %). Sur les six patients ayant déclaré avoir voyagé, cinq avaient reçu des soins de santé à l'étranger (83 %). Sur les six patients ayant voyagé, quatre avaient un statut connu d'organisme producteur de carbapénémase et trois étaient positifs.

## **Discussion**

Les données de surveillance du PCSIN ont montré qu'entre 2017 et 2021, il y avait une tendance à la baisse des taux d'infection à ICD (pour tous les cas AS et AC) au Canada, mais que les taux de SARM et d'infection du sang à ERV ont augmenté de 35 % et 43 %, respectivement. Les taux d'infection par EPC ont augmenté, mais sont restés stables entre 2018 et 2021, et peu d'isolats de *C. auris* ont été identifiés entre 2012 et 2021. La pandémie de la COVID-19 a eu un effet variable sur les taux d'IASS au Canada et aux États-Unis (13,17). La modélisation des taux d'IASS avant et pendant la pandémie de la COVID-19 a mis en évidence une augmentation immédiate des taux d'IASS à ICD, tandis que les taux d'infection du sang à SARM, d'EPC et d'infection du sang à ERV ont immédiatement diminué; toutefois, le statut de pandémie de la COVID-19 n'a pas été associé à des effets durables sur les tendances des taux mensuels de ces infections (18). Des études ont suggéré des facteurs liés à la pandémie qui ont pu contribuer à l'évolution des taux observés d'infection AS, tels que les mesures de santé publique mises en

œuvre à l'hôpital et dans la communauté, les déplacements et la mobilité de la population, les changements dans les pratiques de lutte contre les infections, le dépistage, les tests de laboratoire et la gestion des antimicrobiens (14).

Les tendances à la baisse des taux d'ICD observées dans le réseau du PCSIN sont similaires à celles rapportées au niveau mondial; cependant, les taux ont été rapportés comme étant plus élevés en Amérique du Nord que dans d'autres régions (19). La réduction globale des taux d'ICD au Canada suggère une amélioration des pratiques de prévention et de contrôle des infections et des initiatives d'amélioration de la qualité telles que le respect de l'hygiène des mains, le nettoyage de l'environnement, l'amélioration des techniques de diagnostic de laboratoire et la gestion des antibiotiques (20,21). En 2020, lors de la pandémie de COVID-19, on a constaté une augmentation immédiate des taux d'ICD dans le réseau du PCSIN, contrairement aux États-Unis où les taux ont continué à diminuer (17); toutefois, la pandémie de la COVID-19 n'a pas eu d'impact durable sur les tendances des taux d'ICD.

Au Canada, la prévalence du ribotype 027 a continué à diminuer entre 2017 et 2021, et a coïncidé avec une diminution de 7,8 % de la résistance à la moxifloxacine au cours de cette période. En outre, la résistance à la moxifloxacine est restée plus faible (9,1 % en 2021) que les données de résistance pondérées et regroupées précédemment publiées pour l'Amérique du Nord (44,0 %) et l'Asie (33,0 %) (22,23). La baisse de la prévalence de RT027 entre 2017 et 2021 peut également avoir influencé la baisse des taux d'ICD dans les hôpitaux du PCSIN, car ce ribotype a été associé à une virulence accrue et à une résistance aux fluoroquinolones (24).

De 2017 à 2021, les taux d'infection du sang à SARM ont continué à augmenter dans le réseau du PCSIN, et sont attribués à l'augmentation des cas AC. Les infections du sang à *S. aureus* résistant à la méthicilline sont associées à une morbidité et une mortalité accrues, à une durée d'hospitalisation plus longue et à une augmentation des coûts des soins de santé chez les patients admis (25–28). La diminution de 13,8 % de la résistance à la clindamycine parmi les isolats d'infection du sang à SARM entre 2017 et 2021 a probablement été associée à la diminution de la proportion de spa de type t002 (type épidémique SARMC2) identifiée parmi les isolats testés (29). Taux d'infection du sang à SARM observés dans le réseau du PCSIN de 2017 à 2020 (intervalle : 0,43–0,50 infections pour 10 000 jours-patients) étaient inférieures à celles rapportées dans les hôpitaux publics australiens (intervalle : 0,71–0,76 infections pour 10 000 jours-patients) (30). Selon les données disponibles en 2017 et 2018, les taux d'infection du sang à SARM-AS étaient plus élevés aux États-Unis (0,52 infection pour 10 000 jours-patients) qu'au Canada (0,43–0,45 infection pour 10 000 jours-patients) (31).

Le nombre croissant de patients identifiés comme porteurs de SARM-AC et admis à l'hôpital dans le réseau du PCSIN peut être



associé à un réservoir croissant de SARM-AC, tant au Canada que dans le monde (32,33). L'augmentation des taux d'infection du sang à SARM-AC suggère que les stratégies visant à réduire et à prévenir les infections à SARM dans la communauté, en particulier dans les populations présentant un risque accru de contracter des infections à SARM-AC (i.e. les enfants, les athlètes, les populations incarcérées, les personnes qui s'injectent des drogues), telles que le dépistage et l'éradication du portage de SARM, peuvent être efficaces pour réduire le fardeau des infections du sang à SARM dans leur ensemble (34,35).

L'augmentation des taux d'infection du sang à ERV dans les hôpitaux canadiens de soins de courte durée est préoccupante, car la résistance à la vancomycine liée à cette infection s'est avérée être un facteur prédictif principal de mortalité et est associée à une charge hospitalière accrue (36–38). L'augmentation des taux d'infection du sang à l'ERV observée dans le réseau du PCSIN peut être liée à des changements dans les politiques de contrôle des infections, notamment l'abandon des programmes de dépistage et d'isolement de l'ERV dans certains hôpitaux canadiens de soins de courte durée (39). Le type de séquence ST17 a contribué à l'augmentation du nombre d'infections du sang à ERV dans les hôpitaux participant au PCSIN en devenant le clone prédominant, dépassant le ST1478. Le type de séquence ST17 est un clone d'ERV disséminé dans le monde entier et endémique dans de nombreux pays, mais observé précédemment en faible nombre au Canada (40). Les changements dans les profils de résistance des infections du sang à ERV coïncident avec les changements dans la distribution des ST. Le type de séquence ST17 est associé à la résistance à la nitrofurantoïne et au chloramphénicol, et l'augmentation de la prévalence du ST17 correspond à la tendance à la hausse de la résistance détectée pour ces antimicrobiens, tandis que la résistance à la daptomycine et à la gentamicine de haut niveau, associée au ST1478, a diminué depuis 2017. Les tendances des infections du sang à *Enterococcus* résistant à la vancomycine sont également influencées par le nombre de patients à haut risque admis à l'hôpital (e.g. greffes de moelle osseuse, greffes d'organes solides, patients cancéreux, etc.) (41). Bien que l'on manque de données récentes sur les taux d'infection du sang à l'ERV dans des administrations comparables, des tendances à la hausse ont été observées en Europe (42–45), qui peuvent être associées, en partie, à l'introduction et à la propagation d'un nouveau clone et à des lacunes dans les pratiques de prévention des infections (44–46).

Les infections à *Enterobacterales* productrices de carbapénémases constituent une menace importante pour la santé publique en raison de leur résistance aux antimicrobiens de dernière ligne, ce qui limite les options thérapeutiques pour les patients souffrant d'une infection due à des agents pathogènes qui ont tendance à se propager rapidement dans les établissements de soins (47–51). Alors que le nombre d'infections à EPC a augmenté de 2017 à 2021 dans le réseau

du PCSIN, l'incidence est restée stable de 2018 à 2021. Les données sur l'incidence des infections à EPC dans d'autres pays, comme le Royaume-Uni, ont révélé une augmentation (52,53). De même, le nombre d'isolats d'EPC identifiés dans le cadre de la surveillance en laboratoire et associés à des infections à EPC a augmenté en Suisse entre 2013 et 2018 (54). La mise en œuvre stricte des mesures de contrôle des infections, y compris la recherche des antécédents de voyage des patients, est essentielle pour réduire la transmission de l'EPC dans les hôpitaux canadiens de soins de courte durée.

*Candida auris* est un fongique émergent multirésistant aux médicaments qui a été détecté dans de nombreux pays et continents, y compris au Canada, depuis sa première détection en 2009. *Candida auris* a été associé à des épidémies dans les établissements de santé de nombreux pays, dont le Canada et les États-Unis (55–58), et peut provoquer des infections superficielles et invasives avec une mortalité allant de 30 à 60 % (59). Bien qu'ils soient encore relativement rares au Canada, les États-Unis ont signalé près de 8 000 cas cliniques et de dépistage au cours d'une période récente d'un an (60). Nous avons évalué la préparation au *C. auris* dans les hôpitaux du PCSIN en 2018 et avons constaté que la plupart des hôpitaux n'avaient pas encore mis en place de protocoles de laboratoire ou de politiques de prévention et de contrôle des infections pour détecter et contrôler le *C. auris* (61). L'identification systématique du *C. auris* dans les laboratoires de microbiologie nécessite l'identification de *Candida* au niveau de l'espèce, ce qui n'est pas toujours de routine en raison des difficultés à trouver un équilibre entre le coût et la valeur ajoutée pour la prise de décision clinique. Les options thérapeutiques sont limitées pour les patients, car un tiers des isolats de *C. auris* identifiés au Canada étaient multirésistants et une résistance supplémentaire peut se développer au cours du traitement antifongique (62). Par conséquent, l'identification rapide, le dépistage de la colonisation chez les patients à risque et la mise en œuvre stricte de mesures de prévention et de contrôle des infections sont nécessaires pour réduire la transmission de *C. auris* dans les établissements de santé canadiens. Il est important de continuer à signaler la présence de *C. auris* au Canada pour évaluer et surveiller le risque lié à ce pathogène, ainsi que pour identifier les tendances épidémiologiques et microbiologiques (63).

## Forces et limites

La principale force du PCSIN est la collecte de données épidémiologiques et de laboratoire normalisées et détaillées auprès de 88 hôpitaux sentinelles à travers le Canada, dans le but de fournir des tendances nationales en matière d'IASS et de RAM à des fins d'analyse comparative et d'informer les pratiques de prévention et de contrôle des infections en milieu hospitalier. Il est important de noter que les données de ce rapport incluent celles des premières années de la pandémie de la COVID-19. Par conséquent, les taux d'IASS et de RAM en 2020 et 2021 peuvent être influencés par des changements dans les mesures



nationales, régionales et municipales de prévention et de contrôle des infections dans les hôpitaux.

Les données épidémiologiques recueillies par le PCSIN se limitent aux informations disponibles dans les dossiers des patients. La rotation du personnel hospitalier peut affecter l'application cohérente des définitions du PCSIN lors de l'examen des dossiers médicaux; toutefois, ces données ont été recueillies par du personnel expérimenté et formé à la prévention et au contrôle des infections, qui reçoit une formation périodique sur les méthodes et les définitions du PCSIN. En outre, des évaluations de la qualité des données ont été réalisées afin de la maintenir et de l'améliorer. Les efforts de recrutement ont permis d'augmenter la représentation et la couverture des lits de soins de courte durée canadiens dans le réseau du PCSIN de 32 % à 35 % entre 2017 et 2021, notamment parmi les communautés nordiques et rurales et les populations autochtones.

### Prochaines étapes

Le recrutement d'hôpitaux de soins de courte durée canadiens dans le réseau du PCSIN dans les dix provinces et les trois territoires est un effort continu pour améliorer la qualité et la représentativité des données de surveillance des IASS au Canada. En outre, l'enquête améliorée sur les pratiques de dépistage des hôpitaux est menée chaque année pour mieux comprendre et contextualiser l'évolution des taux d'IASS dans le réseau du PCSIN. Afin d'améliorer la représentativité et la généralisation des taux de référence nationaux des IASS, le PCSIN et l'Association pour la microbiologie médicale et l'infectiologie Canada ont lancé un ensemble de données simplifié accessible par tous les hôpitaux de soins de courte durée du Canada pour collecter et visualiser les données annuelles sur les taux d'IASS. Ces dernières années, le PCSIN a mis en place une surveillance des pathogènes nouveaux et émergents, notamment le *C. auris* et la COVID-19. Des études sont en cours pour évaluer l'impact de la pandémie de la COVID-19 sur les taux d'IASS et la résistance aux antimicrobiens.

### Conclusion

Les résultats de la surveillance d'un réseau sentinelle national d'hôpitaux de soins de courte durée canadiens indiquent que les taux d'infection du sang à SARM, d'infection du sang à ERV et d'infections à EPC ont augmenté entre 2017 et 2021, tandis que les taux d'ICD ont diminué. Peu de cas de *C. auris* ont été détectés au Canada entre 2012 et 2021. Une surveillance cohérente et normalisée des données épidémiologiques et de laboratoire sur les IASS est essentielle pour fournir aux praticiens hospitaliers des taux de référence et informer les politiques de prévention et de contrôle des infections et de gestion des antimicrobiens afin de réduire le fardeau des IASS et l'impact de la résistance aux antimicrobiens dans les hôpitaux de soins de courte durée au Canada.

## Déclaration des auteurs

Les hôpitaux du Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales ont apporté leur expertise dans l'élaboration de protocoles ainsi que dans la collecte et la soumission de données épidémiologiques et d'isolats de laboratoire. Le Laboratoire national de microbiologie a effectué les analyses de laboratoire et a contribué à l'interprétation et à la révision de l'article. Des épidémiologistes de l'Agence de la santé publique du Canada ont été chargés de la conception, de l'analyse, de l'interprétation, de la rédaction et de la révision de l'article.

### Intérêts concurrents

Aucun.

## Remerciements

Nous remercions les médecins, les épidémiologistes, les spécialistes de la lutte contre les infections et le personnel de laboratoire de chaque hôpital participant pour leur contribution : Vancouver General Hospital (VGH), Vancouver, Colombie-Britannique (C.-B.); Richmond General Hospital, Richmond, C.-B.; UBC Hospital, Vancouver, C.-B.; Lion's Gate, North Vancouver, C.-B.; Powell River General Hospital, Powell River, C.-B.; Sechelt Hospital (anciennement St. Mary's), Sechelt, C.-B.; Squamish General Hospital, Squamish, C.-B.; Victoria General Hospital, Victoria, C.-B.; Royal Jubilee Hospital, Victoria, C.-B.; Nanaimo Regional General Hospital, Nanaimo, C.-B.; BC Women's Hospital, Vancouver, C.-B.; BC Children's Hospital, Vancouver, C.-B.; Kelowna General Hospital, Kelowna, C.-B.; Penticton Regional Hospital, Penticton, C.-B.; University Hospital of Northern BC, Prince George, C.-B.; Peter Lougheed Centre, Calgary, Alberta (Alb.); Rockyview General Hospital, Calgary, Alb.; South Health Campus, Calgary, Alb.; Foothills Medical Centre, Calgary, Alb.; Alberta Children's Hospital, Calgary, Alb.; University of Alberta Hospital, Edmonton, Alb.; Stollery Children's Hospital, Edmonton, Alb.; Royal University Hospital, Saskatoon, Saskatchewan (Saks.); Regina General Hospital, Regina, Saks.; Pasqua Hospital, Regina, Saks.; Moose Jaw Hospital, Saks.; St. Paul's Hospital, Saskatoon, Saks.; Health Sciences Centre-Winnipeg, Winnipeg, Manitoba (Man.); University of Manitoba Children's Hospital, Winnipeg, (Man.); Children's Hospital of Western Ontario, London, Ontario (Ont.); St. Michael's Hospital, Toronto, Ont.; Victoria Hospital, London, Ont.; University Hospital, London, Ont.; Toronto General Hospital, Toronto, Ont.; Toronto Western Hospital, Toronto, Ont.; Princess Margaret, Toronto, Ont.; Mount Sinai Hospital, Toronto, Ont.; Bridgepoint Active Healthcare, Toronto, Ont.; Sunnybrook Hospital, Toronto, Ont.; Kingston General Hospital, Kingston, Ont.; The Hospital for Sick Children, Toronto, Ont.; McMaster Children's Hospital, Hamilton, Ont.; St Joseph's Healthcare, Hamilton, Ont.; Jurvinski Hospital and Cancer Center, Hamilton, Ont.; Hamilton Health Sciences General Site, Hamilton, Ont.; The Ottawa Hospital Civic Campus, Ottawa, Ont.; The Ottawa Hospital General Campus, Ottawa, Ont.; University of Ottawa Heart Institute, Ottawa, Ont.; Children's Hospital of Eastern Ontario (CHEO), Ottawa, Ont.; North York General Hospital, Toronto, Ont.; Hôpital régional de Sudbury, Sudbury, Ont.;



Hôpital Temiskaming, Temiskaming Shores, Ont.; SMBD - Hôpital général juif, Montréal, Québec (Qc); Hôpital général de Lachine, Lachine, Qc; Hôpital de Montréal pour enfants, Montréal, Qc; Hôpital Maisonneuve-Rosemont, Montréal, Qc; Hôtel-Dieu de Québec, Québec, Qc; Centre hospitalier de l'Université de Montréal, Montréal, Qc; Hôpital général de Montréal, Montréal, Qc; Centre hospitalier universitaire Sainte-Justine, Montréal, Qc; Hôpital Royal Victoria, Montréal, Qc; Institut neurologique de Montréal, Montréal, Qc; Hôpital de Moncton, Moncton, Nouveau-Brunswick (N.-B.); Halifax Infirmary, Halifax, Nouvelle-Écosse (N.-É.); Victoria General, Halifax, N.-É.; Rehabilitation Centre, Halifax, N.-É.; Veterans Memorial Building, Halifax, N.-É.; Dartmouth General Hospital, Halifax, N.-É.; IWK Health Centre, Halifax, N.-É.; General Hospital & Miller Centre, St. John's, Terre-Neuve et Labrador (T.-N.-L.); Burin Peninsula Health Care Centre, Burin, T.-N.-L.; Carbonear General Hospital, Carbonear, T.-N.-L.; Dr. Cross Memorial Hospital, Clarendville, T.-N.-L.; Janeway Children's Hospital and Rehabilitation Centre, St. John's, T.-N.-L.; St. Clare's Mercy Hospital, St. John's, T.-N.-L.; Sir Thomas Roddick Hospital, Stephenville, T.-N.-L.; Western Memorial Regional Hospital, Corner Brook, T.-N.-L.; Central Newfoundland Regional Health Centre, Grand Falls-Windsor, T.-N.-L.; James Paton Memorial Hospital, Gander, T.-N.-L.; Dr. Jeon Kittiwake Health Centre, New-Wes-Valley, T.-N.-L.; Fogo Island Health Centre, Fogo, T.-N.-L.; Notre Dame Bay Memorial Health Centre, Twillingate, T.-N.-L.; Connaigre Peninsula Health Centre, Harbour Breton, T.-N.-L.; A.M. Guy Health Centre, Buchans, T.-N.-L.; Green Bay Health Centre, Springdale, T.-N.-L.; Baie Verte Peninsula Health Centre, Baie Verte, T.-N.-L.; Queen Elizabeth Hospital, Charlottetown, Île-du-Prince-Édouard (Î.-P.-É.); Prince County Hospital, Summerside, Î.-P.-É.; Qikiqtani General Hospital, Nunavut.

Nous remercions le personnel de l'Agence de la santé publique du Canada au Centre de la lutte contre les maladies transmissibles et les infections, Ottawa, Ont. (O. Varsaneux, L. Pelude, R. Mitchell, W. Rudnick, K. B. Choi, A. Silva, J. Cayen, C. McClellan, D. Lee, J. Bartoszko, N. Papayiannakis, M. Spagnuolo et J. Xu) et le Laboratoire national de microbiologie, Winnipeg, Man. (G. Golding, M. Mulvey, J. Campbell, T. Du, M. McCracken, L. Mataseje, A. Bharat, R. Edirmanasinghe, R. Hizon, S. Ahmed, K. Fakhruddin, D. Spreitzer et D. Boyd).

## Financement

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

## Matériel supplémentaire

Ces documents peuvent être consultés dans le dossier [Matériel supplémentaire](#).

Figure S1 : Nombre et proportion d'admissions de patients incluses dans le Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales, par type et taille d'hôpital, 2021

Tableau S1.1 : Cas et taux d'incidence des infections à *Clostridioides difficile* associées aux soins de santé et à la communauté selon la région, le type d'hôpital et la taille de l'hôpital, Canada, 2017 à 2021

Tableau S1.2 : Résistance aux antimicrobiens des isolats d'infections à *Clostridioides difficile* associées aux soins de santé et à la communauté, Canada, 2017 à 2021

Tableau S1.3 : Nombre et proportion des ribotypes communs des cas d'infection à *Clostridioides difficile* associée aux soins de santé et à la communauté, Canada, 2017 à 2021

Tableau S2.1 : Cas et taux d'incidence des infections du sang à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline associées aux soins de santé et à la communauté par région, type d'hôpital et taille de l'hôpital, 2017 à 2021

Tableau S2.2 : Résistance aux antimicrobiens des isolats d'infections du sang à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline associées aux soins de santé et à la communauté, Canada, 2017 à 2021

Tableau S2.3 : Nombre et proportion de certains types de spa identifiés de *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (avec les types d'épidémies correspondants)

Tableau S3.1 : Taux d'incidence du nombre d'infections du sang à *Enterococcus* résistant à la vancomycine par région, type d'hôpital et taille de l'hôpital, 2017 à 2021

Tableau S3.2 : Nombre d'infections du sang à *Enterococcus* résistant à la vancomycine associées aux soins de santé et taux d'incidence par région, type d'hôpital et taille de l'hôpital, 2017 à 2021

Tableau S3.3 : Nombre et proportion de types d'isolats identifiés d'infections du sang à *Enterococcus* résistant à la vancomycine, 2017 à 2021

Tableau S3.4 : Répartition des types de séquences sanguines d'*Enterococcus faecium* résistant à la vancomycine, 2017 à 2021

Tableau S4 : Nombre d'infections à *Enterobacterales* productrices de carbapénémase et taux d'incidence par région, type d'hôpital et taille de l'hôpital, 2017 à 2021

Tableau S5 : Nombre et proportion des principaux pathogènes identifiés producteurs de carbapénémases

## Références

1. World Health Organization. Report on the Burden of Endemic Health Care-Associated Infection Worldwide. Geneva (CH): WHO; 2011. [https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/80135/9789241501507\\_eng.pdf](https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/80135/9789241501507_eng.pdf)
2. 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 aigus, 2016 à 2020. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2022;48(7/8):339–56. DOI



3. World Health Organization. The burden of health care-associated infection worldwide. Geneva (CH): WHO; 2010. [Consulté le 4 mai 2021]. <https://www.who.int/news-room/feature-stories/detail/the-burden-of-health-care-associated-infection-worldwide>
4. Su LH, Chen IL, Tang YF, Lee JS, Liu JW; ASu L-H. Increased financial burdens and lengths of stay in patients with healthcare-associated infections due to multidrug-resistant bacteria in intensive care units: A propensity-matched case-control study. *PLoS One* 2020;15(5):e0233265. [DOI PubMed](#)
5. Valiquette L, Chakra CN, Laupland KB. Financial impact of health care-associated infections: when money talks. *Can J Infect Dis Med Microbiol* 2014;25(2):71–4. [DOI PubMed](#)
6. Suetens C, Latour K, Kärki T, Ricchizzi E, Kinross P, Moro ML, Jans B, Hopkins S, Hansen S, Lyytikäinen O, Reilly J, Deptula A, Zingg W, Plachouras D, Monnet DL; Healthcare-Associated Infections Prevalence Study Group. Prevalence of healthcare-associated infections, estimated incidence and composite antimicrobial resistance index in acute care hospitals and long-term care facilities: results from two European point prevalence surveys, 2016 to 2017. *Euro Surveill* 2018;23(46):1800516. [DOI PubMed](#)
7. 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](#)
8. Centers for Disease Control and Prevention. Data Portal. Atlanta, GA: CDC. <https://data.cdc.gov/>
9. World Health Organization. Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS) Report: early implementation 2020. Geneva (CH): WHO; 2020. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/332081>
10. Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. *Lancet* 2022;399(10325):629–55. [DOI PubMed](#)
11. Council of Canadian Academies. When Antibiotics Fail. The Expert Panel on the Potential Socio-Economic Impacts of Antimicrobial Resistance in Canada. Ottawa, ON: CCA; 2019. [Consulté le 7 mai 2021]. <https://cca-reports.ca/wp-content/uploads/2018/10/When-Antibiotics-Fail-1.pdf>
12. World Health Organization. WHO Director-General's opening remarks at the media briefing on COVID-19 - 11 March 2020. Geneva (CH): WHO; 2020. [Consulté le 16 décembre 2021]. <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19---11-march-2020>
13. Choi KB, Du T, Silva A, Golding GR, Pelude L, Mitchell R, Rudnick W, Hizon R, Al-Rawahi GN, Chow B, Davis I, Evans GA, Frenette C, Johnstone J, Kibsey P, Katz KC, Langley JM, Lee BE, Longtin Y, Mertz D, Minion J, Science M, Srigley JA, Stagg P, Suh KN, Thampi N, Wong A, Comeau JL, Hota SS; Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program (CNISP). Trends in *Clostridioides difficile* infection rates in Canadian hospitals during the COVID-19 pandemic. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2022;1–4. [DOI PubMed](#)
14. Stevens MP, Doll M, Pryor R, Godbout E, Cooper K, Bearman G. Impact of COVID-19 on traditional healthcare-associated infection prevention efforts. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2020;41(8):946–7. [DOI PubMed](#)
15. Leduc S, Bush K, Campbell J, Cassidy K, Collet JC, Forrester L, Henderson E, Leal J, Leamon A, Pelude L, Mitchell R, Mukhi SN, Quach-Thanh C, Shurgold JH, Simmonds K; Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program. What can an audit of national surveillance data tell us? Findings from an audit of Canadian vancomycin-resistant enterococci surveillance data. *Can J Infect Control* 2015;30(2):75–81. <https://ipac-canada.org/photos/custom/OldSite/cjic/vol30no2.pdf>
16. Forrester L, Collet JC, Mitchell R, Pelude L, Henderson E, Vayalumkal J, Leduc S, Ghahreman S, Weir C, Gravel D; CNISP Data Quality Working Group, and CNISP participating sites. How reliable are national surveillance data? Findings from an audit of Canadian methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* surveillance data. *Am J Infect Control* 2012;40(2):102–7. [DOI PubMed](#)
17. Weiner-Lastinger LM, Pattabiraman V, Konnor RY, Patel PR, Wong E, Xu SY, Smith B, Edwards JR, Dudeck MA. The impact of coronavirus disease 2019 (COVID-19) on healthcare-associated infections in 2020: A summary of data reported to the National Healthcare Safety Network. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2022;43(1):12–25. [DOI PubMed](#)
18. Silva A, Bartoszko J, Cayen J, Choi KB, Mitchell R, Pelude L, Comeau JL, Hota SS, Johnstone J, Katz KC, Smith SW, Suh KN, Srigley JA on behalf of the Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program. Impact of COVID-19 on Healthcare-Associated Infections in Canadian Acute Care Hospitals: Interrupted Time Series (2018–2021). *Antimicrobial Stewardship and Healthcare Epidemiology Journal*. The Society of Healthcare Epidemiology of America. Ottawa: ON; 2023. [À venir].



19. Ho J, Wong SH, Doddangoudar VC, Boost MV, Tse G, Ip M. Regional differences in temporal incidence of *Clostridium difficile* infection: a systematic review and meta-analysis. *Am J Infect Control* 2020;48(1):89–94. DOI PubMed
20. Agence de la santé publique du Canada. Système canadien de surveillance de la résistance aux antimicrobiens : Rapport de 2022. Ottawa, ON : ASPC; 2022. [Consulté le 20 janvier 2023]. <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/publications/medicaments-et-produits-sante/systeme-canadien-surveillance-resistance-antimicrobiens-rapport-2022.html>
21. Katz KC, Golding GR, Choi KB, Pelude L, Amaratunga KR, Taljaard M, Alexandre S, Collet JC, Davis I, Du T, Evans GA, Frenette C, Gravel D, Hota S, Kibsey P, Langley JM, Lee BE, Lemieux C, Longtin Y, Mertz D, Mieusement LM, Minion J, Moore DL, Mulvey MR, Richardson S, Science M, Simor AE, Stagg P, Suh KN, Taylor G, Wong A, Thampi N; Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program. The evolving epidemiology of *Clostridium difficile* infection in Canadian hospitals during a postepidemic period (2009–2015). *CMAJ* 2018;190(25):E758–65. DOI PubMed
22. Freeman J, Vernon J, Morris K, Nicholson S, Todhunter S, Longshaw C, Wilcox MH; Pan-European Longitudinal Surveillance of Antibiotic Resistance among Prevalent *Clostridium difficile* Ribotypes' Study Group. Pan-European longitudinal surveillance of antibiotic resistance among prevalent *Clostridium difficile* ribotypes. *Clin Microbiol Infect* 2015;21(3):248.e9–16. DOI PubMed
23. Sholeh M, Krutova M, Forouzesh M, Mironov S, Sadeghifard N, Molaeipour L, Maleki A, Kouhsari E. Antimicrobial resistance in *Clostridioides (Clostridium) difficile* derived from humans: a systematic review and meta-analysis. *Antimicrob Resist Infect Control* 2020;9(1):158. DOI PubMed
24. Valiente E, Cairns MD, Wren BW. The *Clostridium difficile* PCR ribotype 027 lineage: a pathogen on the move. *Clin Microbiol Infect* 2014;20(5):396–404. DOI PubMed
25. Lakhundi S, Zhang K. Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*: Molecular Characterization, Evolution, and Epidemiology. *Clin Microbiol Rev* 2018;31(4):e00020–18. DOI PubMed
26. Thampi N, Showler A, Burry L, Bai AD, Steinberg M, Ricciuto DR, Bell CM, Morris AM. Multicenter study of health care cost of patients admitted to hospital with *Staphylococcus aureus* bacteremia: impact of length of stay and intensity of care. *Am J Infect Control* 2015;43(7):739–44. DOI PubMed
27. Pelude L, Campbell J, Bakai-Anderson S, Bedard P, Comeau J, Durand J, Embil J, Embree J, Evans G, Frenette C, Ivany A, Katz K, Kibsey P, Langley J, Lee B, Leis J, McGeer A, Parsonage J, Penney D, Silva A, Srigley J, Stagg P, Tomlinson J, Vayalumkal J, Gittens-Webber C, Smith S, and Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program. National Surveillance of Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* Bloodstream Infections in Canadian Acute-Care Hospitals. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2020;41 S1:s72–3. DOI
28. UK Health Security Agenda. Thirty-day all-cause mortality following MRSA, MSSA and Gram-negative bacteraemia and *C. difficile* infections 2020 to 2021. London (UK): UK HSA; 2021. [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/1039272/hcai-all-cause-fatality-report-2021.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1039272/hcai-all-cause-fatality-report-2021.pdf)
29. Nichol KA, Adam HJ, Golding GR, Lagacé-Wiens PR, Karlowsky JA, Hoban DJ, Zhanel GG; Canadian Antimicrobial Resistance Alliance (CARA) and CANWARD. Characterization of MRSA in Canada from 2007 to 2016. *J Antimicrob Chemother* 2019;74 Suppl 4:iv55–63. DOI PubMed
30. Australian Institute for Health and Welfare. Bloodstream infections associated with hospital care 2019–20. Canberra (AU): HIHW; 2021. [Consulté le 6 mai 2021]. <https://www.aihw.gov.au/reports/health-care-quality-performance/bloodstream-infections-associated-with-hospital-care/contents/introduction>
31. Jones K, Mu Y, Li Q, Nkwata A, Soe M, Edwards J, Dudeck MN. National Reporting Trend for HO-MRSA Bacteremia LabID Events, 2010–2018. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2020;41 S1:s68–9. DOI
32. Loewen K, Schreiber Y, Kirlew M, Bocking N, Kelly L. Community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* infection: literature review and clinical update. *Can Fam Physician* 2017;63(7):512–20. PubMed
33. Kourtis AP, Hatfield K, Baggs J, Mu Y, See I, Epton E, Nadle J, Kainer MA, Dumyati G, Petit S, Ray SM, Ham D, Capers C, Ewing H, Coffin N, McDonald LC, Jernigan J, Cardo D; Emerging Infections Program MRSA author group. Vital Signs: Epidemiology and Recent Trends in Methicillin-Resistant and in Methicillin-Susceptible *Staphylococcus aureus* Bloodstream Infections - United States. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* 2019;68(9):214–9. DOI PubMed
34. Centers for Disease Control and Prevention. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA). General Information. Atlanta, GA: CDC;2019. [Consulté le 15 décembre 2021]. <https://www.cdc.gov/mrsa/community/index.html>



35. Henderson A, Nimmo GR. Control of healthcare- and community-associated MRSA: recent progress and persisting challenges. *Br Med Bull* 2018;125(1):25–41. [DOI PubMed](#)
36. Hemapanpaioa J, Changpradub D, Thunyaharn S, Santimaleeworagun W. Does Vancomycin Resistance Increase Mortality? Clinical Outcomes and Predictive Factors for Mortality in Patients with *Enterococcus faecium* Infections. *Antibiotics (Basel)* 2021;10(2):105. [DOI PubMed](#)
37. Prematunge C, MacDougall C, Johnstone J, Adomako K, Lam F, Robertson J, Garber G. VRE and VSE bacteremia outcomes in the era of effective VRE therapy: A systematic review and meta-analysis. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2016;37(1):26–35. [DOI PubMed](#)
38. Cassini A, Plachouras D, Eckmanns T, Abu Sin M, Blank HP, Ducomble T, Haller S, Harder T, Klingeberg A, Sixtensson M, Velasco E, Weiß B, Kramarz P, Monnet DL, Kretzschmar ME, Suetens C. Burden of six healthcare-associated infections on European population health: estimating incidence-based disability-adjusted life years through a population prevalence-based modelling study. *PLoS Med* 2016;13(10):e1002150. [DOI PubMed](#)
39. Johnstone J, Shing E, Saedi A, Adomako K, Li Y, Brown KA, Garber G. Discontinuing contact precautions for vancomycin-resistant *Enterococcus* (VRE) is associated with rising VRE bloodstream infection rates in Ontario hospitals, 2009-2018: A quasi-experimental study. *Clin Infect Dis* 2020;71(7):1756–9. [DOI PubMed](#)
40. Ahmed MO, Baptiste KE. Vancomycin-Resistant Enterococci: A Review of Antimicrobial Resistance Mechanisms and Perspectives of Human and Animal Health. *Microb Drug Resist* 2018;24(5):590–606. [DOI PubMed](#)
41. Kleinman DR, Mitchell R, McCracken M, Hota SS, Golding GR, Smith SW; CNISP VRE Working Group. Vancomycin-resistant *Enterococcus* sequence type 1478 spread across hospitals participating in the Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program from 2013 to 2018. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2023;44(1):17–23. [DOI PubMed](#)
42. European Centre for Disease Prevention and Control. Surveillance of antimicrobial resistance in Europe 2018. Solna (SE); ECDC; 2018. [Consulté le 7 juin 2021]. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/surveillance-antimicrobial-resistance-europe-2018>
43. Piezzi V, Gasser M, Atkinson A, Kronenberg A, Vuichard-Gysin D, Harbarth S, Marschall J, Buetti N; Swiss Centre for Antibiotic Resistance (ANRESIS); National Centre for Infection Control (Swissnoso). Increasing proportion of vancomycin-resistance among enterococcal bacteraemias in Switzerland: a 6-year nation-wide surveillance, 2013 to 2018. *Euro Surveill* 2020;25(35):1900575. [DOI PubMed](#)
44. Buetti N, Wassilew N, Rion V, Senn L, Gardiol C, Widmer A, Marschall J; for Swissnoso. Emergence of vancomycin-resistant enterococci in Switzerland: a nation-wide survey. *Antimicrob Resist Infect Control* 2019;8:16. [DOI PubMed](#)
45. Ayobami O, Willrich N, Reuss A, Eckmanns T, Markwart R. The ongoing challenge of vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* and *Enterococcus faecalis* in Europe: an epidemiological analysis of bloodstream infections. *Emerg Microbes Infect* 2020;9(1):1180–93. [DOI PubMed](#)
46. McCracken M, Mitchell R, Smith S, Hota S, Conly J, Du T, Embil J, Johnston L, Ormiston D, Parsonage J, Simor A, Wong A, Golding G; Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program. Emergence of pstS-Null vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* clone ST1478, Canada, 2013-2018. *Emerg Infect Dis* 2020;26(9):2247–50. [DOI PubMed](#)
47. Haverkate MR, Bootsma MC, Weiner S, Blom D, Lin MY, Lolans K, Moore NM, Lyles RD, Weinstein RA, Bonten MJ, Hayden MK. Modeling spread of KPC-producing bacteria in long-term acute care hospitals in the Chicago region, USA. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2015;36(10):1148–54. [DOI PubMed](#)
48. Cantón R, Akóva M, Carmeli Y, Giske CG, Glupczynski Y, Gniadkowski M, Livermore DM, Miriagou V, Naas T, Rossolini GM, Samuelsen Ø, Seifert H, Woodford N, Nordmann P; European Network on Carbapenemases. Rapid evolution and spread of carbapenemases among Enterobacteriaceae in Europe. *Clin Microbiol Infect* 2012;18(5):413–31. [DOI PubMed](#)
49. Munoz-Price LS, Poirel L, Bonomo RA, Schwaber MJ, Daikos GL, Cormican M, Cornaglia G, Garau J, Gniadkowski M, Hayden MK, Kumarasamy K, Livermore DM, Maya JJ, Nordmann P, Patel JB, Paterson DL, Pitout J, Villegas MV, Wang H, Woodford N, Quinn JP. Clinical epidemiology of the global expansion of *Klebsiella pneumoniae* carbapenemases. *Lancet Infect Dis* 2013;13(9):785–96. [DOI PubMed](#)



50. Gutiérrez-Gutiérrez B, Salamanca E, de Cueto M, Hsueh PR, Viale P, Paño-Pardo JR, Venditti M, Tumbarello M, Daikos G, Cantón R, Doi Y, Tuon FF, Karaiskos I, Pérez-Nadales E, Schwaber MJ, Azap ÖK, Souli M, Roilides E, Pournaras S, Akova M, Pérez F, Bermejo J, Oliver A, Almela M, Lowman W, Almirante B, Bonomo RA, Carmeli Y, Paterson DL, Pascual A, Rodríguez-Baño J; REIPI/ESGBIS/INCREMENT Investigators. Effect of appropriate combination therapy on mortality of patients with bloodstream infections due to carbapenemase-producing Enterobacteriaceae (INCREMENT): a retrospective cohort study. *Lancet Infect Dis* 2017;17(7):726–34. [DOI PubMed](#)
51. Cassini A, Högberg LD, Plachouras D, Quattrocchi A, Hoxha A, Simonsen GS, Colomb-Cotinat M, Kretzschmar ME, Devleeschauwer B, Cecchini M, Ouakrim DA, Oliveira TC, Struelens MJ, Suetens C, Monnet DL; Burden of AMR Collaborative Group. Attributable deaths and disability-adjusted life-years caused by infections with antibiotic-resistant bacteria in the EU and the European Economic Area in 2015: a population-level modelling analysis. *Lancet Infect Dis* 2019;19(1):56–66. [DOI PubMed](#)
52. Trepanier P, Mallard K, Meunier D, Pike R, Brown D, Ashby JP, Donaldson H, Awad-El-Kariem FM, Balakrishnan I, Cubbon M, Chadwick PR, Doughton M, Doughton R, Hardiman F, Harvey G, Horner C, Lee J, Lewis J, Loughrey A, Manuel R, Parsons H, Perry JD, Vanstone G, White G, Shetty N, Coia J, Wiuff C, Hopkins KL, Woodford N. Carbapenemase-producing Enterobacteriaceae in the UK: a national study (EuSCAPE-UK) on prevalence, incidence, laboratory detection methods and infection control measures. *J Antimicrob Chemother* 2017;72(2):596–603. [DOI PubMed](#)
53. Zhao S, Kennedy S, Perry MR, Wilson J, Chase-Topping M, Anderson E, Woolhouse ME, Lockhart M. Epidemiology of and risk factors for mortality due to carbapenemase-producing organisms (CPO) in healthcare facilities. *J Hosp Infect* 2021;110:184–93. [DOI PubMed](#)
54. Ramette A, Gasser M, Nordmann P, Zbinden R, Schrenzel J, Perisa D, Kronenberg A. Temporal and regional incidence of carbapenemase-producing Enterobacteriales, Switzerland, 2013 to 2018. *Euro Surveill* 2021;26(15):1900760. [DOI PubMed](#)
55. Eckbo EJ, Wong T, Bharat A, Cameron-Lane M, Hoang L, Dawar M, Charles M. First reported outbreak of the emerging pathogen *Candida auris* in Canada. *Am J Infect Control* 2021;49(6):804–7. [DOI PubMed](#)
56. Schelenz S, Hagen F, Rhodes JL, Abdolrasouli A, Chowdhary A, Hall A, Ryan L, Shackleton J, Trimlett R, Meis JF, Armstrong-James D, Fisher MC. First hospital outbreak of the globally emerging *Candida auris* in a European hospital. *Antimicrob Resist Infect Control* 2016;5:35. [DOI PubMed](#)
57. Ruiz-Gaitán A, Moret AM, Tasiás-Pitarch M, Aleixandre-López AI, Martínez-Morel H, Calabuig E, Salavert-Lletí M, Ramírez P, López-Hontangas JL, Hagen F, Meis JF, Mollar-Maseres J, Pemán J. An outbreak due to *Candida auris* with prolonged colonisation and candidaemia in a tertiary care European hospital. *Mycoses* 2018;61(7):498–505. [DOI PubMed](#)
58. Zhu Y, O'Brien B, Leach L, Clarke A, Bates M, Adams E, Ostrowsky B, Quinn M, Dufort E, Southwick K, Erazo R, Haley VB, Bucher C, Chaturvedi V, Limberger RJ, Blog D, Lutterloh E, Chaturvedi S. Laboratory Analysis of an Outbreak of *Candida auris* in New York from 2016 to 2018: impact and lessons learned. *J Clin Microbiol* 2020;58(4):e01503–19. [DOI PubMed](#)
59. Lockhart SR, Etienne KA, Vallabhaneni S, Farooqi J, Chowdhary A, Govender NP, Colombo AL, Calvo B, Cuomo CA, Desjardins CA, Berkow EL, Castanheira M, Magobo RE, Jabeen K, Asghar RJ, Meis JF, Jackson B, Chiller T, Litvintseva AP. Simultaneous Emergence of Multidrug-Resistant *Candida auris* on 3 Continents Confirmed by Whole-Genome Sequencing and Epidemiological Analyses. *Clin Infect Dis* 2017;64(2):134–40. [DOI PubMed](#)
60. Centers for Disease Control and Prevention. Tracking *Candida auris*. Atlanta, GA; CDC; reviewed 2023. [Consulté le 20 février 2023]. <https://www.cdc.gov/fungal/candida-auris/tracking-c-auris.html>
61. Garcia-Jeldes F, Mitchell R, Bharat A, McGeer A; CNISP Interest Group. Preparedness for *Candida auris* in Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program (CNISP) hospitals, 2018. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2020;41(3):361–4. [DOI PubMed](#)
62. Chowdhary A, Sharma C, Meis JF. *Candida auris*: A rapidly emerging cause of hospital-acquired multidrug-resistant fungal infections globally. *PLoS Pathog* 2017;13(5):e1006290. [DOI PubMed](#)
63. Agence de la santé publique du Canada. Avis : *Candida auris* : recommandations provisoires pour la prévention et le contrôle des infections. Ottawa, ON : ASPC; 2022. [Consulté le 8 février 2023]. <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/maladies-infectieuses/infections-nosocomiales-professionnelles/avis-recommandations-provisoires-candida-auris-prevention-contrôle-infections.html>



## Appendice : Définitions de cas de surveillance et critères d'admissibilité, 2021

### Infection à *Clostridioides difficile*

Un épisode « primaire » d'infection à *Clostridioides difficile* (ICD) est défini soit comme le premier épisode d'ICD à vie vécu par le patient, soit comme un nouvel épisode d'ICD survenant plus de huit semaines après le diagnostic d'un épisode précédent chez le même patient.

#### Un patient est identifié comme souffrant d'une ICD si :

- Le patient présente une diarrhée ou de la fièvre, des douleurs abdominales ou un iléus ET une confirmation en laboratoire d'un test de toxine positif ou d'une réaction en chaîne de la polymérase (PCR) positive pour *C. difficile* (sans preuve raisonnable d'une autre cause de diarrhée)

OU

- Le patient présente un diagnostic de pseudomembranes à la sigmoïdoscopie ou à la coloscopie (ou après colectomie) ou un diagnostic histologique/pathologique d'ICD

OU

- Un mégacôlon toxique est diagnostiqué chez le patient (uniquement chez les patients adultes)

#### La diarrhée est définie comme l'une des situations suivantes :

- Selles plus liquides/non formées au cours d'une période de 36 heures

OU

- Selles plus liquides/non formées au cours d'une période de 24 heures, ce qui est nouveau ou inhabituel pour le patient (uniquement chez les patients adultes)

#### Exclusion :

- Tous les patients âgés de moins d'un an
- Tout patient pédiatrique (âgé d'un an à moins de 18 ans) chez qui une autre cause de diarrhée a été trouvée (i.e. rotavirus, norovirus, lavement ou médicament, etc.) est exclu, même si le résultat du test de diagnostic de *C. difficile* est positif

#### Classification des cas d'ICD :

Une fois qu'un patient a été identifié avec une ICD, l'infection sera classée en fonction des critères suivants et du meilleur jugement clinique du professionnel de la santé ou de la prévention et du contrôle des infections.

#### Définition des cas d'ICD associés aux soins de santé (contractés dans votre établissement) :

- En rapport avec l'hospitalisation en cours :
  - Les symptômes de l'ICD se manifestent dans votre établissement de santé trois jours ou plus (ou 72 heures ou plus) après l'admission
- En rapport avec une hospitalisation antérieure :
  - Malade hospitalisé : les symptômes d'ICD surviennent moins de trois jours après l'admission actuelle (ou moins de 72 heures) ET le patient a déjà été hospitalisé dans votre établissement de santé et a reçu un congé au cours des quatre semaines précédentes
  - Patient externe : le patient présente des symptômes d'ICD aux urgences ou en consultation externe ET le patient a déjà été hospitalisé dans votre établissement de santé et a reçu son congé de l'hôpital au cours des quatre semaines précédentes
- Liées à une exposition antérieure à des soins de santé dans votre établissement :
  - Malade hospitalisé : les symptômes d'ICD surviennent moins de trois jours après l'admission actuelle (ou moins de 72 heures) ET le patient a déjà été exposé à des soins de santé dans votre établissement au cours des quatre semaines précédentes
  - Patient externe : le patient présente des symptômes d'ICD aux urgences ou dans un centre de soins ambulatoires ET le patient a déjà été exposé à des soins de santé dans votre établissement au cours des quatre semaines précédentes

#### Définition des cas d'ICD associés aux soins de santé (contractés dans un autre établissement de soins de santé) :

- En rapport avec une hospitalisation antérieure dans un autre établissement de soins de santé :
  - Malade hospitalisé : les symptômes d'ICD du patient surviennent moins de trois jours après l'admission actuelle (ou moins de 72 heures) ET le patient est connu pour avoir été précédemment hospitalisé dans un autre établissement de soins de santé et a reçu un congé/été transféré au cours des quatre semaines précédentes
  - Patient externe : le patient présente des symptômes d'ICD à vos urgences ou à votre centre externe ET le patient est connu pour avoir été précédemment hospitalisé dans un autre établissement de santé et avoir reçu un congé/été transféré au cours des quatre semaines précédentes
- Liée à une exposition antérieure à des soins de santé dans un autre établissement de santé



- Malade hospitalisé : les symptômes d'ICD surviennent moins de trois jours après l'admission actuelle (ou moins de 72 heures) ET le patient est connu pour avoir déjà été exposé à des soins de santé dans un autre établissement de santé au cours des quatre semaines précédentes
- Patient externe : le patient présente des symptômes d'ICD aux urgences ou dans un établissement de soins ambulatoires ET le patient est connu pour avoir déjà été exposé à des soins de santé dans un autre établissement de soins de santé au cours des quatre semaines précédentes

### ICD associées aux soins de santé, mais impossible de déterminer l'établissement concerné :

Le patient atteint d'une ICD répond aux deux définitions de AS (contractée dans votre établissement) et de AS (contractée dans un autre établissement de santé), mais vous n'êtes pas en mesure de déterminer l'établissement auquel le cas est principalement imputable.

### Définition des cas d'ICD associé à la communauté :

- Malade hospitalisé : les symptômes d'ICD surviennent moins de trois jours (ou moins de 72 heures) après l'admission, sans antécédents d'hospitalisation ou d'exposition à d'autres soins de santé au cours des 12 semaines précédentes
- Patient externe : le patient présente des symptômes d'ICD à vos urgences ou à votre centre de soins ambulatoires, sans antécédents d'hospitalisation ou d'exposition à d'autres soins de santé au cours des 12 semaines précédentes

### Définition d'un cas d'ICD indéterminé :

Le patient atteint d'une ICD ne répond à AUCUNE des définitions énumérées ci-dessus pour l'ICD associée aux soins de santé ou à la communauté. Les symptômes sont apparus plus de quatre semaines, mais moins de douze semaines après la sortie du patient d'un établissement de soins ou après toute autre exposition à des soins de santé.

## Infection à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SARM)

### Définition des cas d'infections du sang à SARM :

- Isolement de *Staphylococcus aureus* dans le sang  
ET
- Le patient doit être admis à l'hôpital  
ET
- Est une « infection à *S. aureus* nouvellement identifiée » dans un hôpital du Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales (PCSIN) au moment de l'admission à l'hôpital ou identifiée au cours de l'hospitalisation

### Critères d'inclusion des infections :

- *Staphylococcus aureus* sensible à la méthicilline (SASM) ou infection du sang à SARM identifiée pour la première fois au cours de l'hospitalisation actuelle
- SASM ou infection du sang à SARM qui ont déjà été identifiées sur votre site ou sur un autre site du PCSIN, mais qui sont de **nouvelles** infections

### Critères pour déterminer la NOUVELLE infection du sang à SASM ou SARM :

- Une fois que le patient a été identifié avec une infection du sang à SASM ou SARM, il sera classé comme nouveau SASM ou SARM s'il remplit les critères suivants : plus de 14 jours depuis une infection du sang à SASM ou SARM précédemment traitée et, de l'avis des médecins et praticiens chargés de la lutte contre les infections, il s'agit d'une nouvelle infection

### Critères d'exclusion des infections :

- Urgences, cliniques ou autres cas externes qui **ne sont PAS admis** à l'hôpital

### Définition des cas associés aux soins de santé (AS) :

L'expression « associée aux soins de santé » est définie comme un malade hospitalisé répondant aux critères suivants et conformément au meilleur jugement clinique du professionnel de la santé ou du praticien chargé de la prévention et du contrôle des infections :

- Le patient se trouve au troisième jour civil de son hospitalisation ou au-delà (le premier jour civil est le jour de l'admission à l'hôpital)  
OU
- A été hospitalisé dans votre établissement au cours des 7 derniers jours ou jusqu'à 90 jours selon la source de l'infection  
OU
- A eu une exposition à des soins de santé dans votre établissement qui aurait pu entraîner cette bactériémie (en se basant sur le meilleur jugement clinique)  
OU
- Tout patient atteint d'une bactériémie qui n'a pas été contractée dans votre établissement et dont on pense qu'elle est associée à une autre exposition à des soins de santé (e.g. un autre établissement de soins de courte durée, un établissement de soins de longue durée, un établissement de réadaptation, une clinique ou une exposition à un dispositif médical)



### Définition des cas d'infections associées aux soins de santé (AS) (nouveau-nés) :

- Le nouveau-né se trouve au troisième jour civil de son hospitalisation ou au-delà (le premier jour civil est le jour de l'admission à l'hôpital)
- La mère **n'était PAS** connue pour être porteuse de SARM au moment de l'admission et il n'y a pas de raison épidémiologique de suspecter que la mère ait été colonisée avant l'admission, même si le nouveau-né est âgé de moins de 48 heures
- Dans le cas d'un nouveau-né transféré d'un autre établissement, une infection à SASM ou à SARM peut être classée comme SS de votre établissement de soins courte durée si la présence de l'organisme **n'était PAS** connue et qu'il n'y a pas de raison épidémiologique de suspecter que l'acquisition a eu lieu avant le transfert

### Définition des cas associés à la communauté :

- Pas d'exposition aux soins de santé qui aurait pu entraîner cette infection du sang (selon le meilleur jugement clinique) et ne répond pas aux critères d'une infection du sang associée aux soins de santé

## Infection à *Enterococcus* résistant à la vancomycine (ERV)

### Définition des cas d'infection du sang à ERV :

- Isolement d'*Enterococcus faecalis* ou *faecium* dans le sang  
ET
- Concentration minimale inhibitrice de vancomycine d'au moins 8 µg/ml  
ET
- Le patient doit être admis à l'hôpital  
ET
- Il s'agit d'une bactérie à ERV « nouvellement » identifiée dans un établissement du PCSIN au moment de l'admission à l'hôpital ou identifiée au cours de l'hospitalisation

Une bactérie à ERV nouvellement identifiée est définie comme un isolat sanguin positif à ERV plus de 14 jours après la fin du traitement d'une infection antérieure et considéré comme n'étant pas lié à l'infection antérieure, selon le meilleur jugement clinique des médecins et praticiens du contrôle des infections.

### Critères d'exclusion :

- Cas des services d'urgence, clinique ou d'autres cas externes qui **ne sont pas admis** à l'hôpital

### Définition des cas associés aux soins de santé (AS) :

L'expression « associée aux soins de santé » est définie comme un malade hospitalisé répondant aux critères suivants et conformément au meilleur jugement clinique du professionnel de la santé ou du praticien chargé de la prévention et du contrôle des infections :

- Le patient se trouve au troisième jour civil de son hospitalisation ou au-delà (le premier jour civil est le jour de l'admission à l'hôpital)  
OU
- A été hospitalisé dans votre établissement au cours des 7 derniers jours ou jusqu'à 90 jours selon la source de l'infection  
OU
- A eu une exposition à des soins de santé dans votre établissement qui aurait pu entraîner cette bactériémie (en se basant sur le meilleur jugement clinique)  
OU
- Tout patient atteint d'une bactériémie qui n'a pas été contractée dans votre établissement et dont on pense qu'elle est associée à une autre exposition à des soins de santé (e.g. un autre établissement de soins de courte durée, un établissement de soins de longue durée, un établissement de réadaptation, une clinique ou une exposition à un dispositif médical)

## Infection à *Enterobacterales* productrices de carbapénémase (EPC)

### Admissibilité des cas :

- Le patient est admis dans un hôpital du PCSIN ou se présente aux urgences d'un hôpital du PCSIN ou d'une clinique externe du PCSIN
- Confirmation en laboratoire de la résistance aux carbapénèmes ou de la production de carbapénémase chez les *Enterobacterales* spp.

Après les tests moléculaires, seuls les isolats dont il est établi qu'ils contiennent une carbapénémase sont inclus dans la surveillance. Si plusieurs isolats sont soumis pour le même patient au cours de la même année de surveillance, seul l'isolat provenant du site le plus invasif est inclus dans les résultats épidémiologiques (e.g. les taux et les données sur les résultats). Cependant, les résultats des antibiogrammes représentent tous les isolats d'EPC (y compris les isolats cliniques et de dépistage provenant de patients hospitalisés et ambulatoires) soumis entre 2016 et 2020; les doublons (i.e. les isolats provenant d'un même patient où l'organisme et la carbapénémase étaient les mêmes) ont été exclus.

**Candida auris**

Patients admis dans un hôpital participant ou se présentant au service des urgences d'un hôpital ou à une clinique externe de l'hôpital avec une confirmation en laboratoire de *C. auris* à partir de n'importe quel échantillon.

Sont inclus dans ce projet de surveillance tous les échantillons cliniques ou de dépistage qui se sont révélés positifs pour

*C. auris*, quelle que soit la méthode utilisée. Actuellement, *C. auris* peut être identifié par séquençage de l'ARNr, Vitek SM MALDI-TOF (avec la base de données cliniques v3.2 ou ultérieure ou la base de données RUO), ou Bruker MALDI-TOF (avec la base de données cliniques v6903 ou ultérieure ou la base de données RUO). Le projet comprend également des erreurs d'identification potentielles de *C. auris* ou l'absence d'identification, comme indiqué dans le **tableau A1** ci-dessous.

**Tableau A1 : Identification en laboratoire de *Candida auris***

Méthode d'identification	Identification des isolats suspects
Vitek SM MALDI Base de données cliniques antérieure à la version 3.2	<i>C. haemulonii</i> Pas d'identification/faible discrimination <i>C. rugosa</i> (pas de problème pour les versions 3.0 et ultérieures) <i>C. pulcherrima</i> (pas de problème pour les versions 3.0 et ultérieures)
Bruker MALDI Base de données cliniques antérieure à v6903	Pas d'identification
Vitek 2 version 8.01	<i>C. haemulonii</i> <i>C. duobushaemulonii</i> Pas d'identification/faible discrimination
Vitek 2 version antérieure à 8,01	<i>C. haemulonii</i> <i>C. duobushaemulonii</i> <i>C. lusitaniae</i> <i>C. famata</i> Pas d'identification/faible discrimination
API 20C AUX	<i>Rhodotorula glutinis</i> (absence de la couleur rouge caractéristique) <i>C. saké</i> Pas d'identification/faible discrimination
API Candida	<i>C. famata</i>
Système d'identification des levures BD Phoenix	<i>C. haemulonii</i> <i>C. catenulata</i> Pas d'identification

Abréviations : *C.*, *Candida*; MALDI, Matrix Assisted Laser Desorption Ionization; MS, mass spectrometry (spectrométrie de masse)

# 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](mailto: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](https://creativecommons.org/licenses/by/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**