

Variants du SRAS-CoV-2 : Définitions, classifications et mesures de santé publique nationales

Préambule

L'Agence de la santé publique du Canada, en collaboration avec les autorités de santé publique provinciales et territoriales, a créé le groupe de surveillance des variants du SRAS-CoV-2 afin de surveiller et d'évaluer l'incidence des variants du SRAS-CoV-2 sur la transmissibilité virale, la gravité de la maladie et l'efficacité des vaccins, des traitements et des diagnostics. S'appuyant sur les classifications et les définitions publiées par l'Organisation mondiale de la Santé (OMS) [Note de bas de page1](#) et les Centers for Disease Control and Prevention des États-Unis [Note de bas de page2](#), le groupe de surveillance a élaboré des projets nationaux de définitions, de classifications et de mesures de santé publique pour les variants d'intérêt et les variants préoccupants du SRAS-CoV-2.

Le document fournit également des listes de variants d'intérêt et de variants préoccupants désignés. Ces listes seront régulièrement révisées et mises à jour. Le statut de variant peut être augmenté ou diminué sur la base de preuves scientifiques.

Variant d'intérêt

Définition

Un variant du SRAS-CoV-2 est un variant d'intérêt s'il :

possède un génome présentant des mutations associées à des modifications de l'épidémiologie, de l'antigénicité ou de la virulence, ou des modifications susceptibles d'avoir un effet négatif sur les diagnostics, les vaccins, les traitements ou les mesures de santé publique disponibles;

et

est connu pour être à l'origine de la transmission dans la communauté, de plusieurs cas ou de concentration de cas de COVID-19 au Canada ou a été détecté dans plusieurs pays;

ou

est par ailleurs considéré comme un variant d'intérêt par l'OMS;

ou

est par ailleurs considéré comme un variant d'intérêt par le groupe de surveillance.

Mesures

S'il est déterminé qu'un variant est un variant d'intérêt, les mesures peuvent être les suivantes :

- Effectuer une surveillance génomique et de cas renforcée.
- Soumettre les séquences génomiques complètes et les données contextuelles qui les accompagnent aux dépôts publics de séquences (p. ex. GISAID, INSDC).

- Réaliser des investigations épidémiologiques comprenant une désagrégation appropriée en fonction de l'âge, du sexe, du genre, de la race ou de l'ethnicité, de l'autochtonie, du statut socio-économique et de la géographie ou du lieu de résidence, selon les données existantes, afin d'améliorer la compréhension des effets potentiels du variant d'intérêt sur la propagation de la COVID-19, la gravité, l'efficacité des mesures de santé publique ou d'autres caractéristiques pertinentes.
- Effectuer des investigations de laboratoire pour évaluer l'effet du variant d'intérêt sur les méthodes de diagnostic, les réponses immunitaires, la neutralisation des anticorps ou d'autres caractéristiques pertinentes.

La liste actuelle de Variants d'intérêt peut être référencée ici :

<https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/maladies/2019-nouveau-coronavirus/professionnels-sante/tests-diagnostic-declaration-cas/variants-sars-cov-2-definitions-classifications-mesures-sante-publique-nationales.html#a2>

Variant préoccupant

Définition

Un variant du SRAS-CoV-2 est un variant préoccupant si, par une évaluation comparative, il a été démontré qu'il est associé à un ou plusieurs des éléments suivants :

- Transmissibilité accrue ou changement préjudiciable dans l'épidémiologie de COVID-19;
- Virulence accrue ou changement dans la présentation clinique de la maladie;
- Diminution de l'efficacité des diagnostics, des vaccins, des thérapies ou des mesures de santé publique disponibles;

ou

Il est par ailleurs considéré comme un variant préoccupant par l'OMS;

ou

Il est par ailleurs considéré comme un variant préoccupant par le groupe de surveillance.

Mesures

S'il est déterminé qu'un variant est un variant préoccupant, les mesures peuvent être les suivantes :

- Notification à l'OMS en vertu du Règlement sanitaire international.
- Effectuer une surveillance génomique et casuelle renforcée.
- Soumettre les séquences génomiques complètes et les données contextuelles qui les accompagnent aux dépôts publics de séquences (p. ex. GISAID, INSDC).
- Réaliser des investigations épidémiologiques comprenant une désagrégation appropriée en fonction de l'âge, du sexe, du genre, de la race ou de l'ethnicité, de l'autochtonie, du statut socio-économique et de la géographie ou du lieu de résidence, selon les données existantes, afin d'améliorer la compréhension des effets potentiels du variant d'intérêt sur la propagation de la COVID-19, la gravité, l'efficacité des mesures de santé publique ou d'autres caractéristiques pertinentes.
- Effectuer des investigations de laboratoire pour évaluer l'effet du variant d'intérêt sur les méthodes de diagnostic, les réponses immunitaires, la neutralisation des anticorps ou d'autres caractéristiques pertinentes.

La liste actuelle de Variants préoccupants peut-être référencée ici :

<https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/maladies/2019-nouveau-coronavirus/professionnels-sante/tests-diagnostic-declaration-cas/variants-sars-cov-2-definitions-classifications-mesures-sante-publique-nationales.html#a3>

Références

1. World Health Organization. COVID-19 Weekly Epidemiological Update.
<https://www.who.int/publications/m/item/covid-19-weekly-epidemiological-update> (2021).
2. US Centres for Disease Control. SARS-CoV-2 Variant Classifications and Definitions.
<https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/variant-surveillance/variant-info.html> (2021).