

Webinaire de l'ASPC : variants et vaccins

Conférenciers : Dre Natalie Knox, Dr Nicholas Ogden, Lindsay Whitmore, Dre Joseline Zafack

Modératrice : Geneviève Boily-Larouche, Instituts de recherche en santé du Canada

Zoom

Cliquez sur l'onglet des questions-réponses (Q&A) à **tout moment** pour soumettre des questions aux experts invités.

Pour les questions **d'ordre technique**, veuillez écrire à nccid@umanitoba.ca.

L'enregistrement du webinaire et les diapositives des conférenciers seront disponibles sur le site **ccnmi.ca** après le webinaire.



L'information présentée dans le présent webinaire était à jour en date du 28 juin.
Veuillez noter que de nouvelles informations peuvent avoir été diffusées depuis.

SRAS-CoV-2 - Variants et Vaccins

Le 28 juin 2021



Déclarations de conflit d'intérêts

- Dre Natalie Knox – Rien à déclarer
 - Dr. Nicholas Ogden- Rien à déclarer
 - Lindsay Whitmore - Rien à déclarer
 - Dre Joseline Zafack- Rien à déclarer
-
- Modératrice: Dre Geneviève Boily-Larouche - Rien à déclarer

Objectifs

Définir les systèmes de surveillance nationale qui détectent et suivent les variants du SRAS-CoV2, y compris les variants préoccupants, au Canada.

Discuter des principales conclusions sur l'efficacité (lors d'essais cliniques ou en condition réelle) des vaccins contre les variants préoccupants, à l'échelle internationale et au Canada.

Résumer comment les modèles épidémiologiques prédictifs peuvent éclairer les prévisions et la réponse du Canada au SRAS-CoV2.

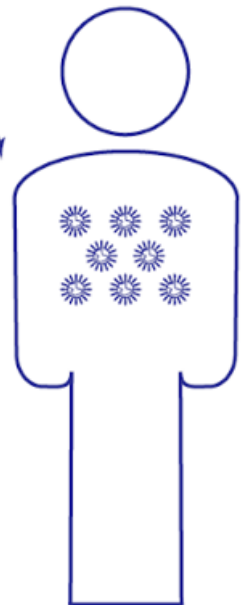
VARIANTS PRÉOCCUPANTS AU CANADA

Suivi de la transmission avec la génomique



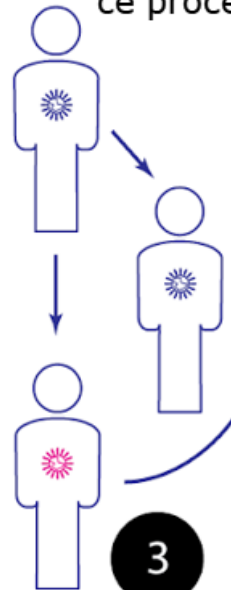
1

Le virus infecte une personne et se réplique plusieurs fois



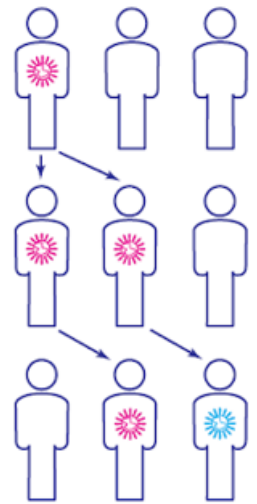
2

Chaque fois que le virus est transmis à une nouvelle personne, ce processus se répète



3

Parfois, le virus fait une petite erreur au cours de ce processus, mais cette erreur ne l'empêche pas nécessairement de se propager



4

Dans un groupe d'individus infectés, il n'est pas toujours clair qui a été infecté, où et quand... à moins que vous ne puissiez séquencer le génome viral



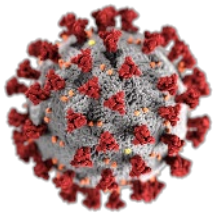
5

Avec la date d'apparition des symptômes et une liste des endroits où une personne est allée, la chaîne de transmission peut être reconstituée

Réseau canadien de génomique COVID-19 (RCanGéCO)

Investissement fédéral de 40 M\$ sur 2 ans par l'entremise de Génome Canada

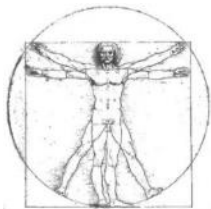
Objectif : Créer à l'échelle nationale un réseau coordonné lié à la génomique pour combattre l'écllosion de COVID-19 et accroître les ressources en prévision des prochaines éclosions.



Séquençage viral

20 M\$ pour le séquençage viral – VirusSeq

- Objectif : séquençage à grande échelle du SRAS-CoV-2 au Canada
- Faciliter le partage des données à l'échelle nationale et à l'échelle internationale
- Effectuer la surveillance génomique du SRAS-CoV-2
- <https://virusseq.ca>



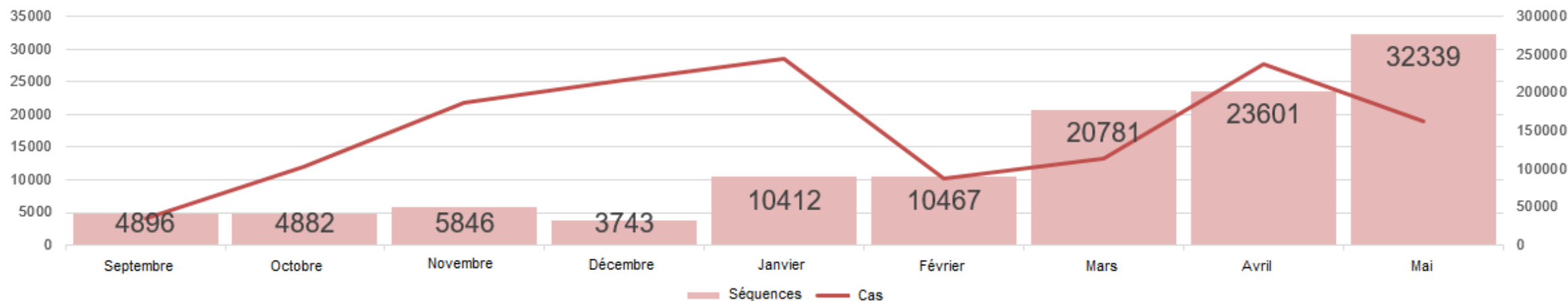
Séquençage du génome de l'hôte

20 M\$ pour le séquençage chez l'humain – HostSeq

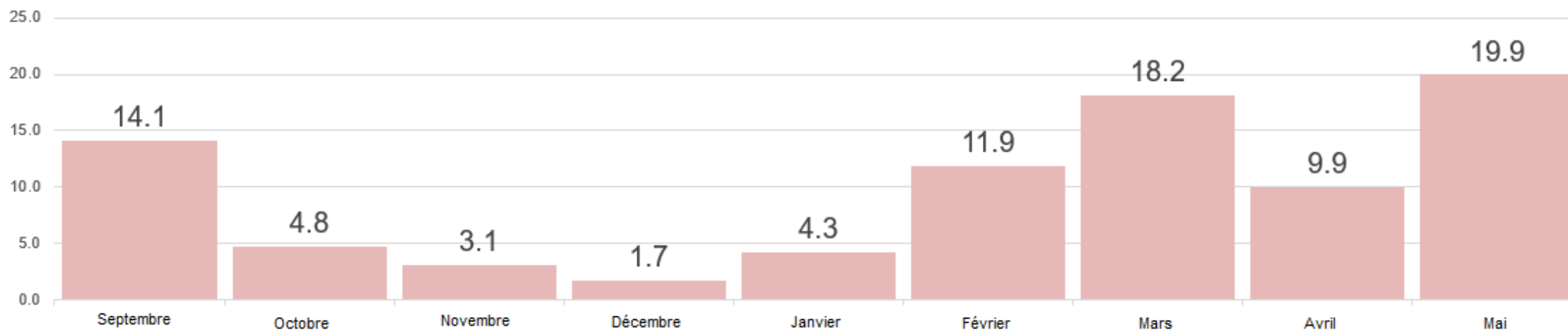
- Objectif : Séquencer jusqu'à 10 000 génomes de Canadiens infectés pour permettre l'identification de nouveaux génotypes prédictifs, phénotypes immunitaires ou biomarqueurs de risque
- www.cgen.ca/project-overview

Quantité totale de génomes séquencés au 1^{er} juin : 111 530

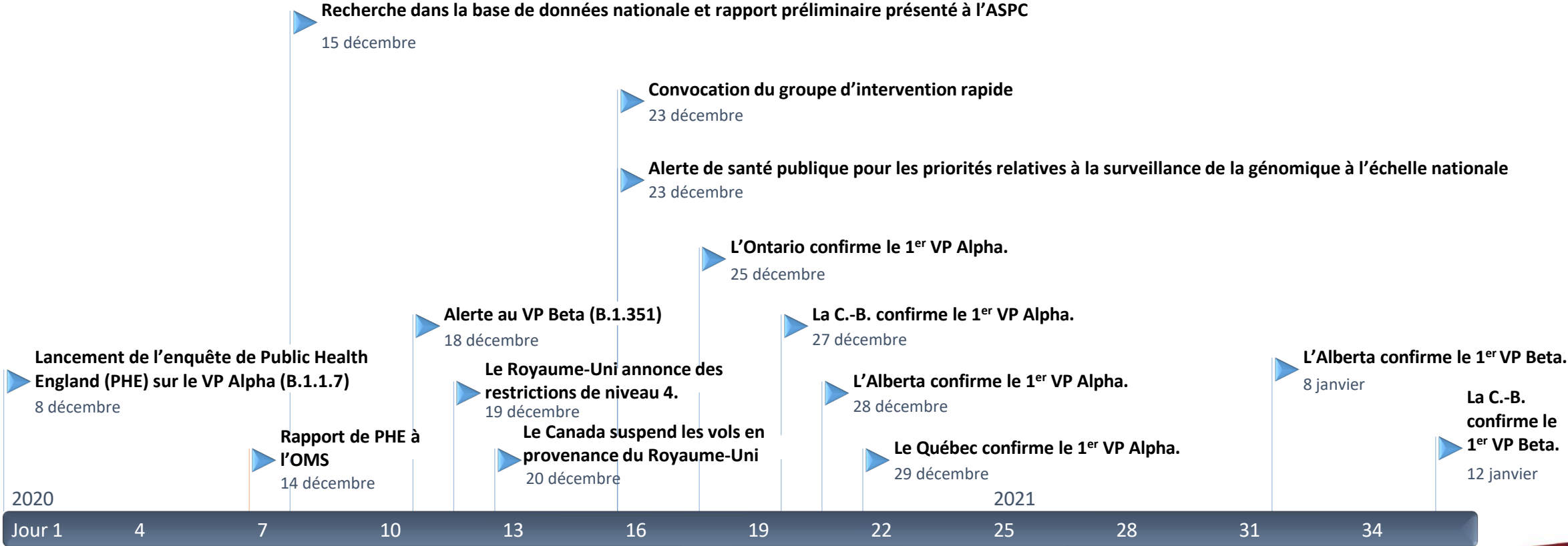
Génération des séquences



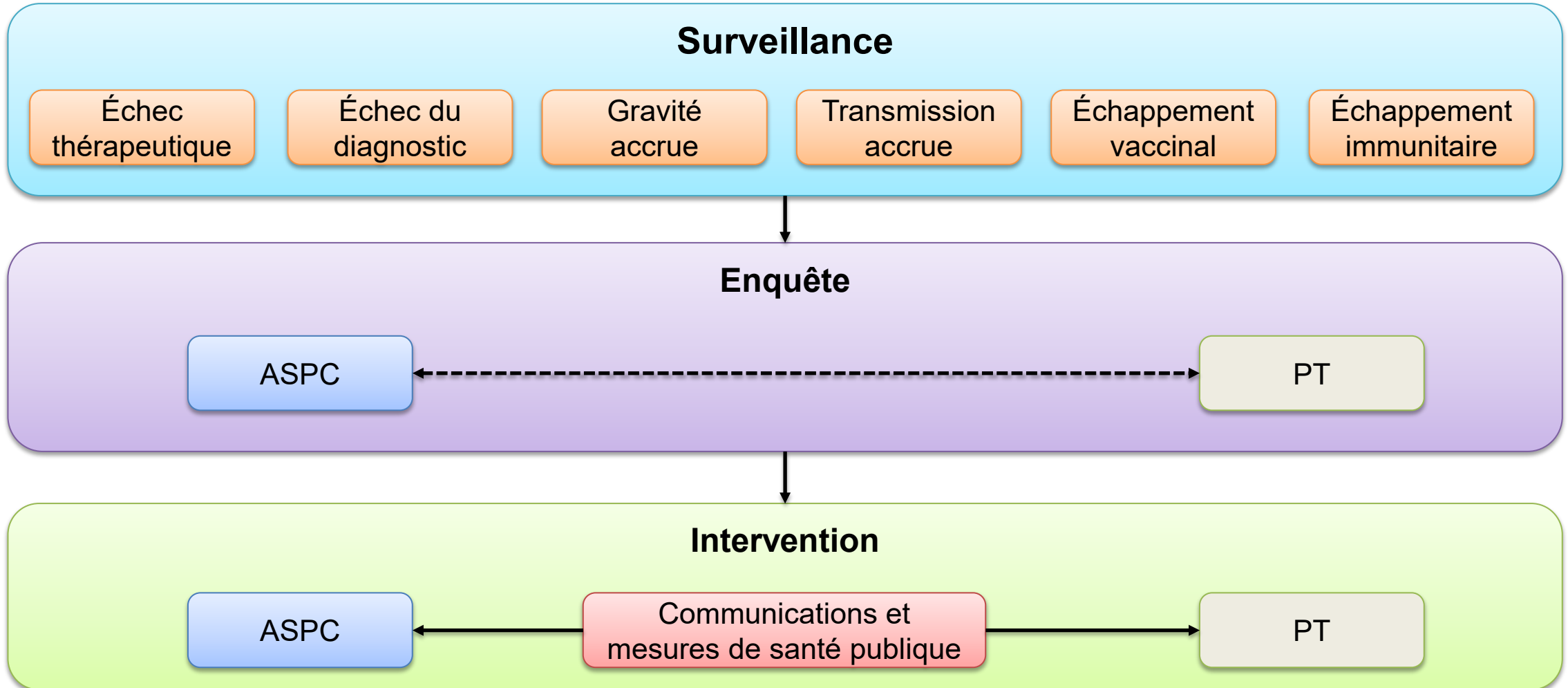
Taux de séquençage (%)



Enquête sur les variants préoccupants (VP) et réactions au Canada



Surveillance génomique du SRAS-CoV-2



Définitions nationales fournissant un cadre pour la désignation

Variant préoccupant (VP)

Un variant du SRAS-CoV-2 est un VP s'il a été démontré, au moyen d'une évaluation comparative, qu'il est associé à au moins un des éléments suivants :

- transmissibilité accrue ou modification **préjudiciable** de l'épidémiologie de la COVID-19;
- virulence accrue ou modification dans la présentation clinique de la maladie;
- efficacité moindre des mesures de santé publique, des produits thérapeutiques, des vaccins ou des diagnostics disponibles.

ou

- Un variant du SRAS-CoV-2 est un VP s'il est jugé comme tel par l'OMS.

ou

- Un variant du SRAS-CoV-2 est un VP s'il est jugé comme tel par le groupe d'évaluation provincial-territorial.

Variant à suivre

Conditions pour qu'un variant du SRAS-CoV-2 soit jugé un variant à suivre :

- Il a un génome accompagné de mutations associées à des modifications de l'épidémiologie, de l'antigénicité ou de la virulence, ou à des modifications pouvant avoir un impact négatif sur les mesures de santé publique, les produits thérapeutiques, les vaccins ou les diagnostics disponibles.

et

- On sait qu'il est à l'origine d'une transmission communautaire ou de multiples cas ou éclosions de COVID-19 au Canada ou qu'il a été repéré dans plusieurs pays.

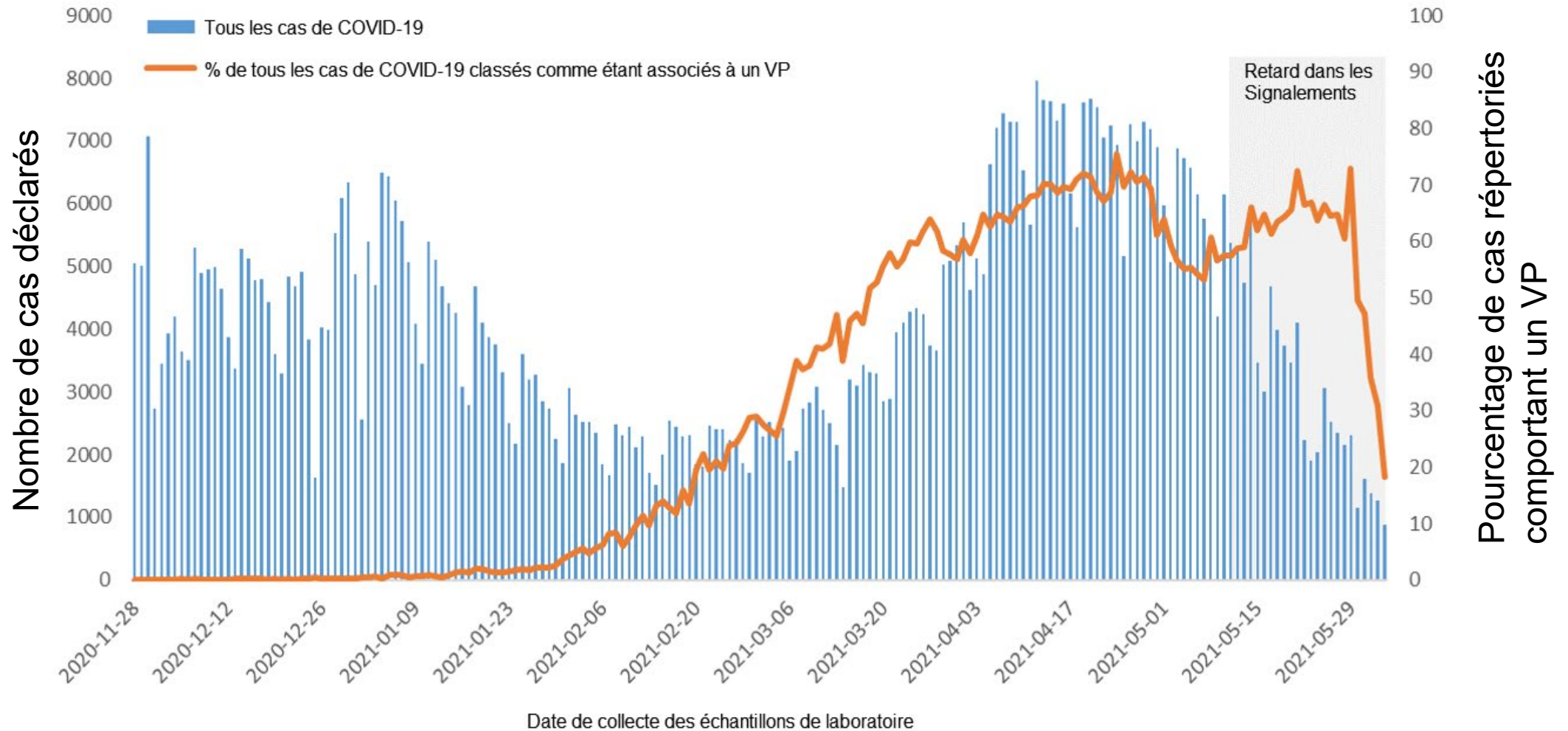
ou

- S'il est jugé comme tel par l'OMS.

ou

- S'il est jugé comme tel par le groupe d'évaluation provincial-territorial.

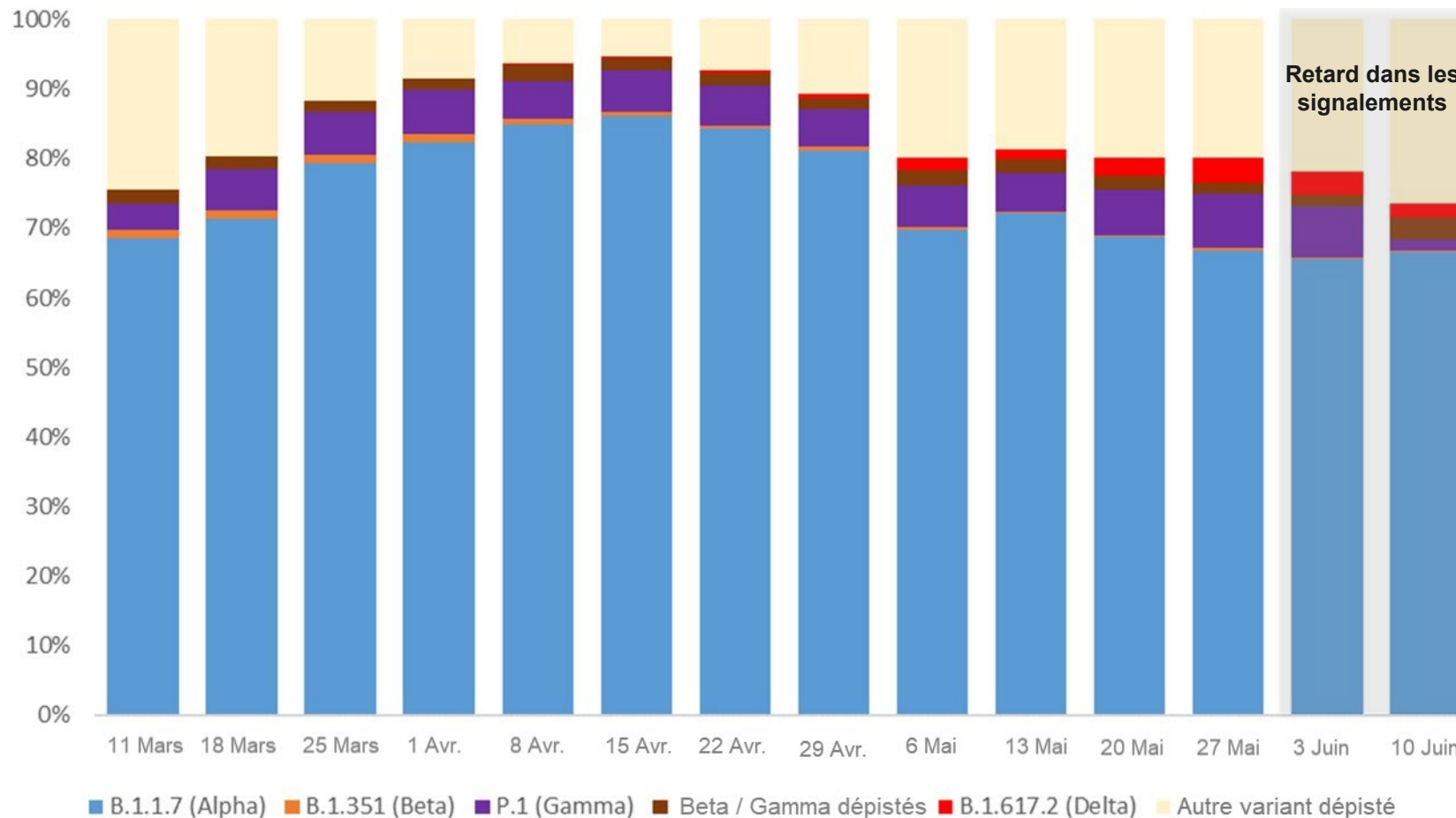
La proportion des cas classés comme un VP est en hausse. Les variations sont causées par des modifications dans les tests sur les VP.



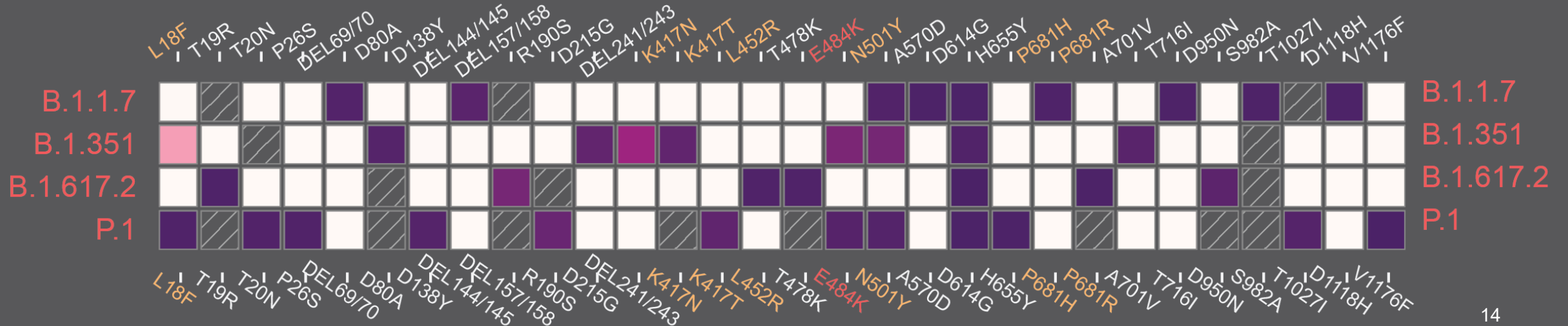
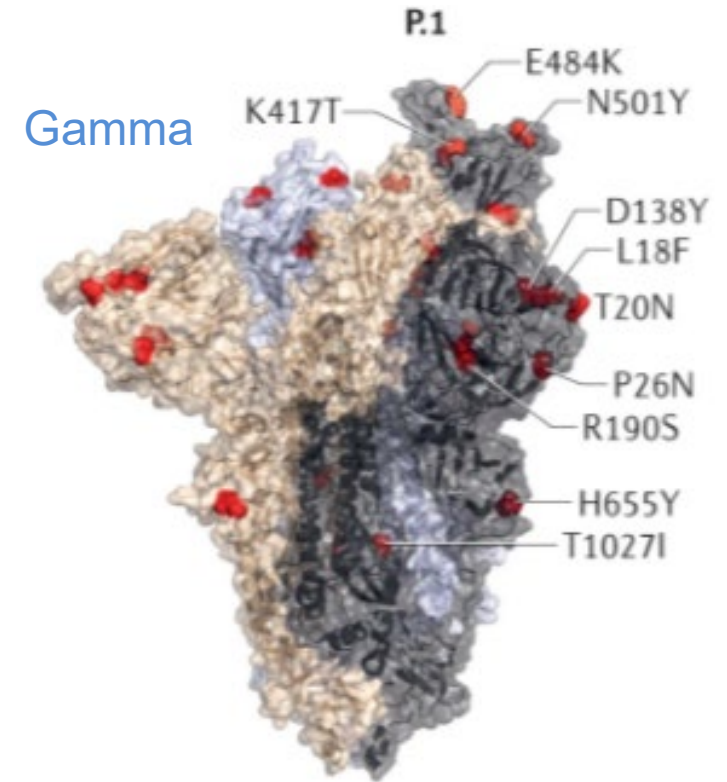
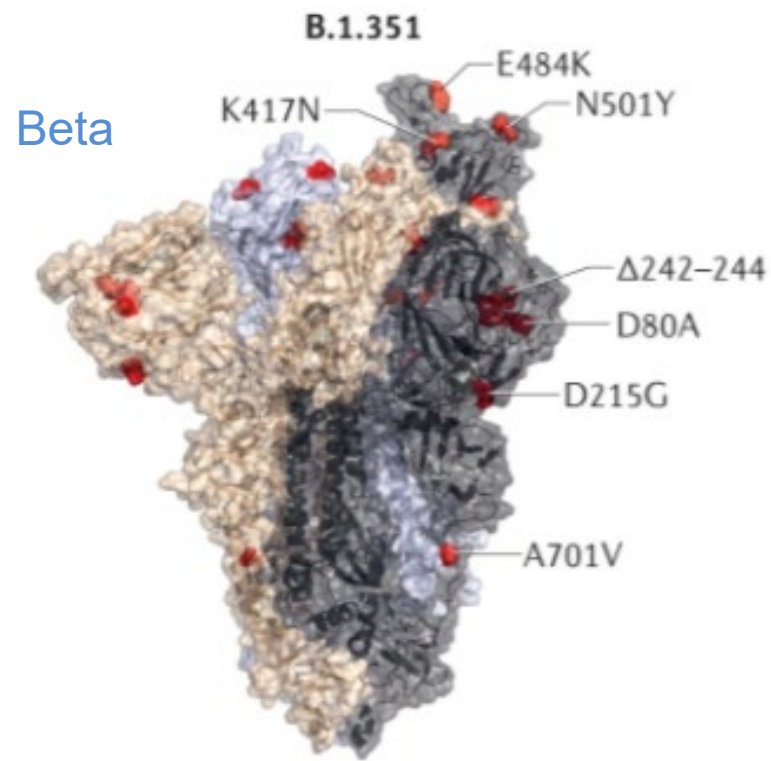
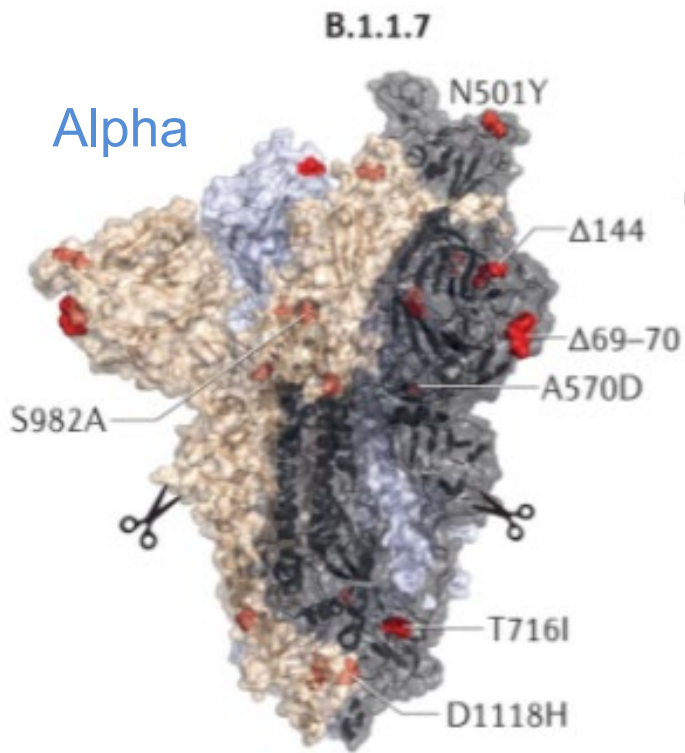
Données en date du 14 juin 2021.

Comprend les résultats du séquençage et les résultats du dépistage des VP (B.1.1.7 [Alpha], B.1.351 [Beta], B.1.617.2 [Delta], P.1 [Gamma])

La proportion de personnes ayant contracté le variant de la lignée B.1.1.7 (Alpha) continue de baisser alors que le nombre de personnes ayant contracté les variants des lignées P.1 (Gamma) et B.1.617.2 (Delta) est en hausse.



- Le nombre de personnes ayant contracté le variant de la lignée B.1.617.2 (Delta) continue de croître à l'échelle nationale.
 - Le groupe des 20 à 39 ans est le plus touché (45 % des cas).
 - Plus du tiers des personnes ayant contracté le variant de la lignée B.1.617.2 (Delta) sont probablement le résultat d'une transmission communautaire.
- Une plus grande proportion de personnes ayant contracté le variant de la lignée B.1.617.2 (Delta) (9,2 %) ont été hospitalisées, comparativement aux cas associés à la lignée B.1.1.7 (Alpha) (5,3 %).
- Selon les estimations préliminaires fondées sur des données limitées, une plus grande proportion de personnes ayant contracté le variant de la lignée B.1.617.2 (Delta) sont partiellement vaccinées (une dose) ou complètement vaccinées (deux doses), en comparaison avec les cas de la lignée B.1.1.7 (Alpha).

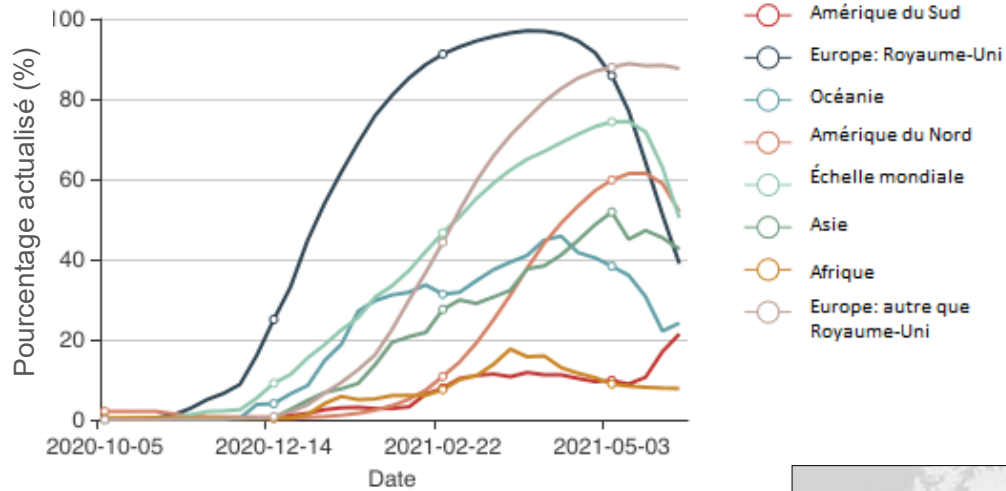


IMPACT DES VACCINS SUR LES VARIANTS PRÉOCCUPANTS

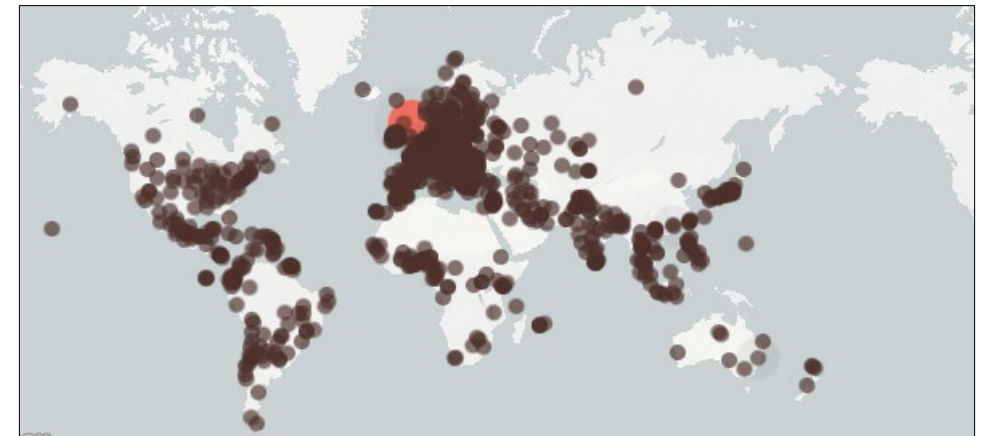
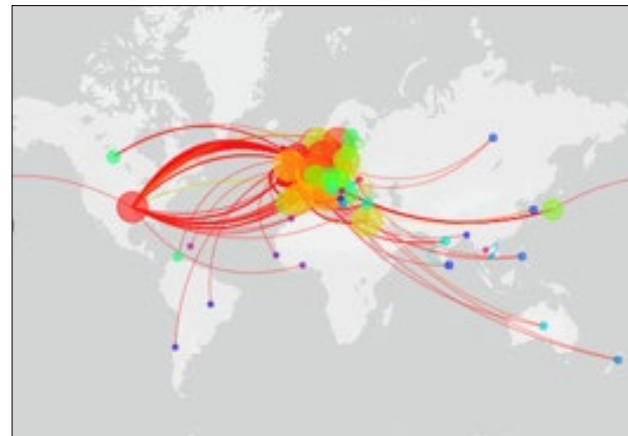
Pays participant aux essais vaccinaux pivots de phase 3

B.1.1.7 (Alpha) - Propagation

Fréquence relative du génome des variants par région



Pays	Incidence totale (nombre)	Incidence au cours des 4 dernières semaines (nombre)	Incidence au cours des 4 dernières semaines (%)
Royaume-Uni	251,230	8,043	30.2
États-Unis	163,729	10,365	63.9
Allemagne	92,296	8,575	92.5
France	27,078	882	80.1
Canada	7,568	0	0
Israël	7,604	0	0
Japon	11,706	20	28.6
Brésil	333	4	1.3
Mexique	529	97	19.3
Colombie	75	0	0
Afrique du Sud	38	0	0
Pérou	3	0	0
Argentine	123	0	0
Chine	90	16	66.7

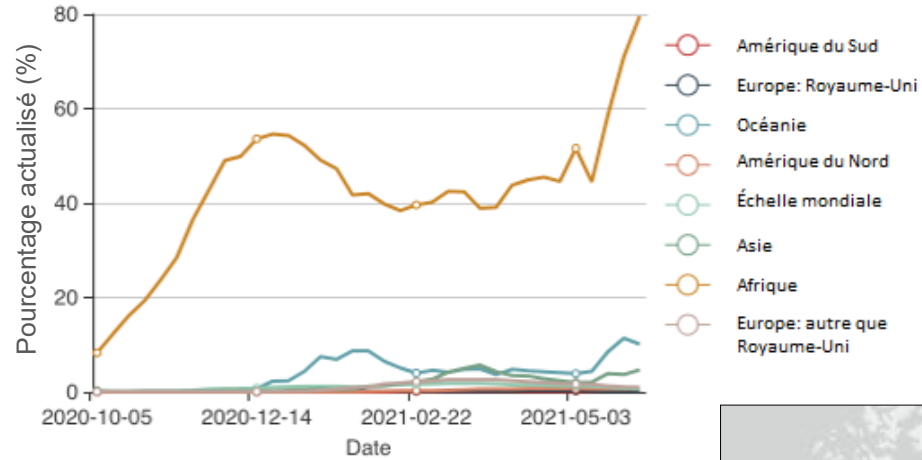


<https://www.gisaid.org/hcov19-variants/> (consulté le 9 juin 2021)

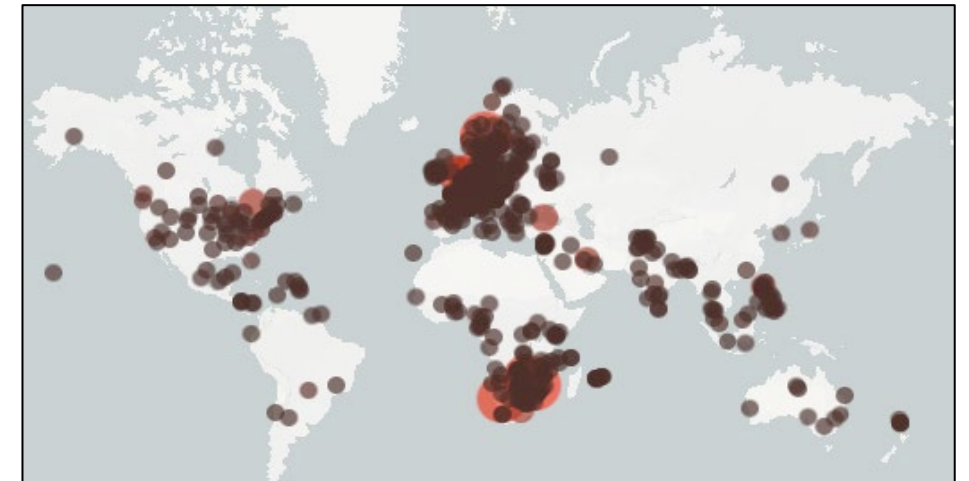
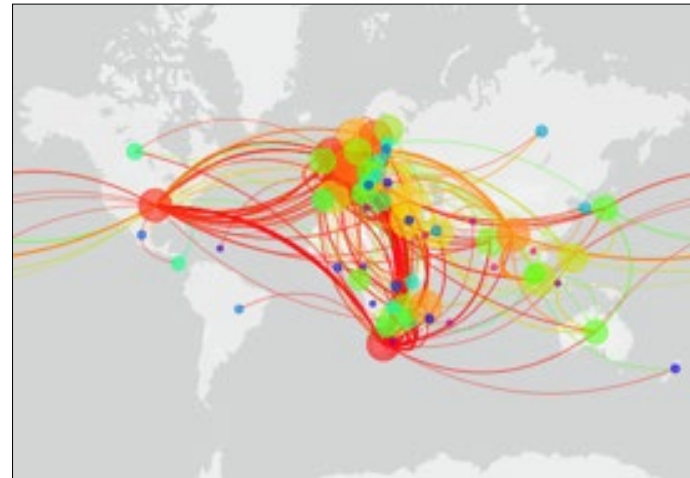
Pays participant aux essais vaccinaux pivots de phase 3

B.1.351 (Beta) - Propagation

Fréquence relative du génome des variants par région



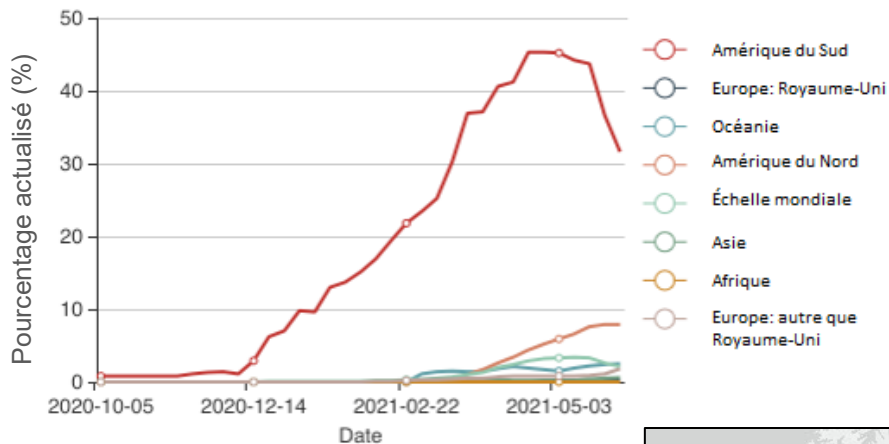
Pays	Incidence totale (nombre)	Incidence au cours des 4 dernières semaines (nombre)	Incidence au cours des 4 dernières semaines (%)
Afrique du Sud	4,169	0	0.0
États-Unis	2,081	89	0.5
Allemagne	2,073	91	1
France	1,667	48	4.4
Canada	629	0	0
Royaume-Uni	624	17	0
Israël	229	0	0
Japon	69	8	11.4
Chine	30	1	4.2
Mexique	13	1	0
Brésil	5	0	0
Argentine	1	0	0
Pérou	0	0	0



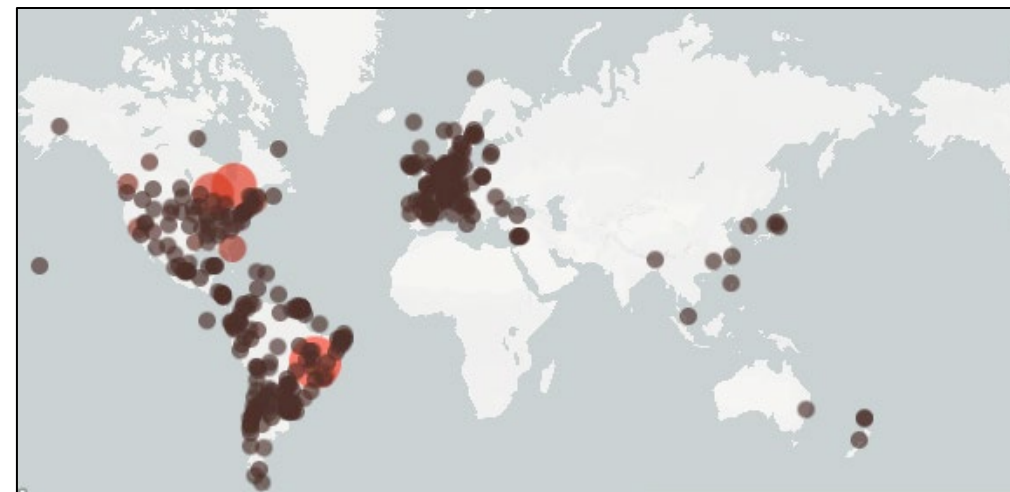
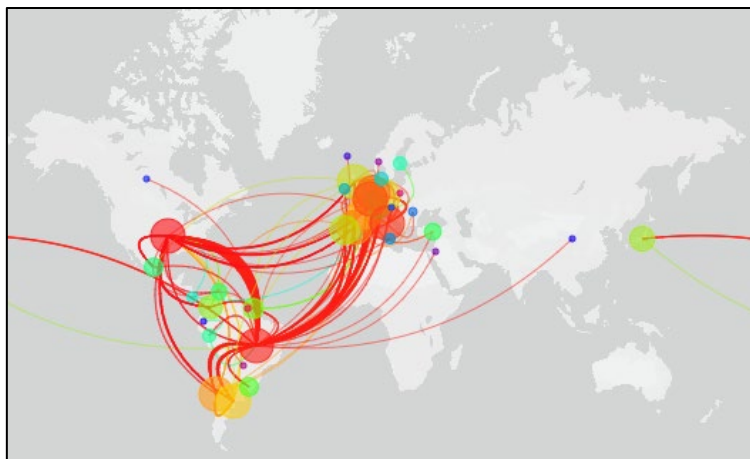
<https://www.gisaid.org/hcov19-variants/> (consulté le 9 juin 2021)

B.1.1.28/P.1 (Gamma) - Propagation

Fréquence relative du génome des variants par région



Pays	Incidence totale (nombre)	Incidence au cours des 4 dernières semaines (nombre)	Incidence au cours des 4 dernières semaines (%)
États-Unis	12,427	1,519	9.4
Brésil	5,711	163	51.3
Canada	2,956	0	0
Argentine	222	7	12.7
France	198	10	0.9
Colombie	171	0	0
Royaume-Uni	139	18	0.1
Allemagne	112	20	0.2
Japon	102	2	2.9
Mexique	84	0	0
Israël	4	0	0
Chine	2	0	0
Afrique du Sud	0	0	0



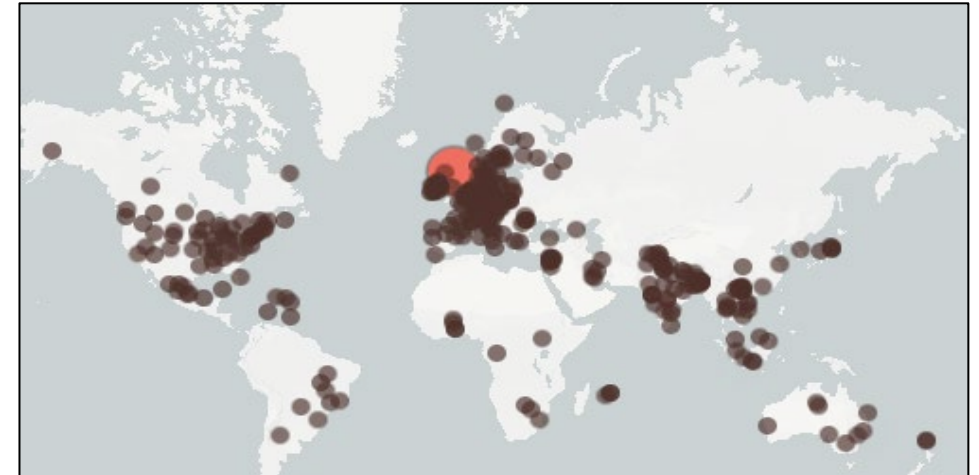
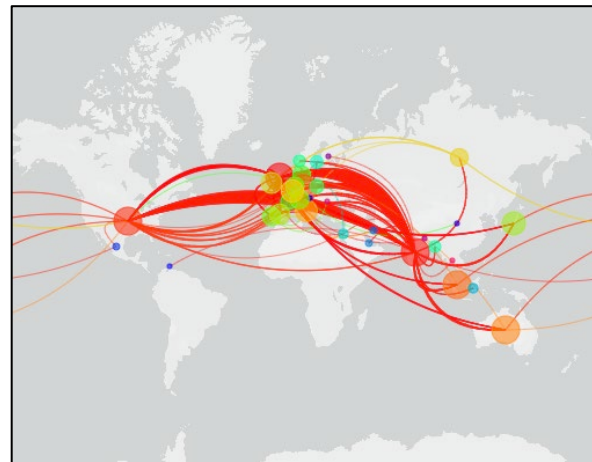
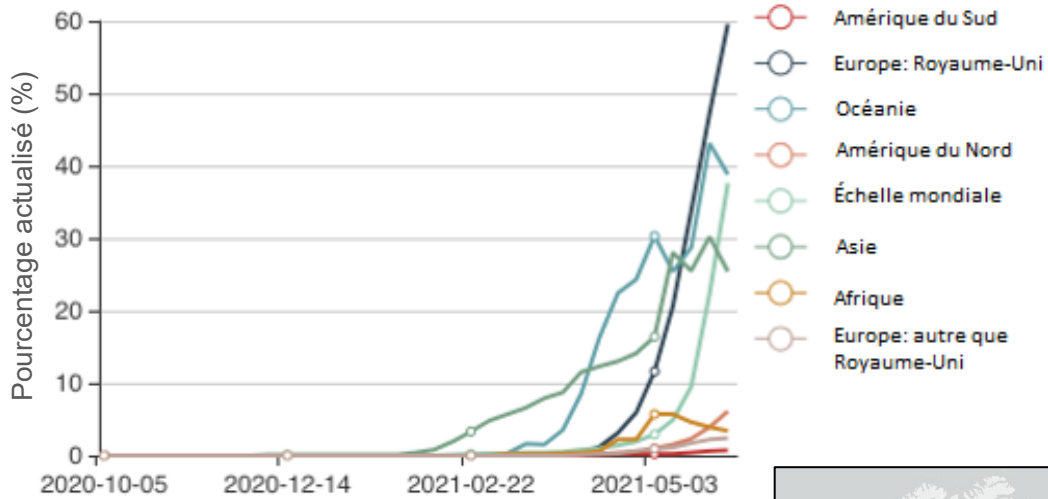
<https://www.gisaid.org/hcov19-variants/> (consulté le 9 juin 2021)

B.1.16.72 (Delta) - Propagation

Pays participant aux essais vaccinaux pivots de phase 3

Pays	Incidence totale (nombre)	Incidence au cours des 4 dernières semaines (nombre)	Incidence au cours des 4 dernières semaines (%)
Royaume-Uni	23,015	18,260	68.6
Inde	5,749	330	89.9
États-Unis	2,097	649	4
Allemagne	633	234	2.5
Canada	360	0	0
Japon	183	22	31.4
France	146	18	1.6
Israël	38	0	0
Mexique	37	11	2.2
Afrique du Sud	21	0	0
Chine	18	0	0
Brésil	14	4	1.3
Argentine	1	0	0
Colombie	0	0	0
Pérou	0	0	0

Fréquence relative du génome des variants par région



<https://www.gisaid.org/hcov19-variants/> (consulté le 9 juin 2021)

Sommaire de l’OMS sur le rendement des vaccins contre les variants préoccupants (VP) par rapport aux souches ancestrales (8 juin 2021)

VP 202012/01 (B.1.1.7 - Alpha)	501Y.V2 (B.1.351 - Beta)	P.1 (B.1.1.28.1 - Gamma)	B.1.617.2 (Delta)
Efficacité/efficience contre la maladie ou l’infection			
<p>Protection conservée contre la maladie</p> <p>Maladie grave :</p> <ul style="list-style-type: none"> Perte nulle ou minimale : Pfizer-BioNTech <p>Infection et maladie symptomatique :</p> <ul style="list-style-type: none"> Perte nulle ou minimale : AstraZeneca, Novavax, Pfizer-BioNTech <p>Infection asymptomatique :</p> <ul style="list-style-type: none"> Perte nulle ou minimale : Pfizer-BioNTech Perte non concluante/modérée-importante : AstraZeneca 	<p>Protection réduite contre la maladie, données limitées</p> <p>Maladie grave :</p> <p>Perte nulle ou minimale: Janssen, Pfizer-BioNTech</p> <p>Maladie de gravité légère ou modérée :</p> <ul style="list-style-type: none"> Perte modérée : Janssen, Novavax Perte non concluante/importante : AstraZeneca <p>Infection : perte modérée : Pfizer-BioNTech</p> <p>Infection asymptomatique : aucune donnée</p>	<p>Protection probable contre la maladie (aucune donnée pour les vaccins dont l’usage est autorisé au Canada)</p>	<p>Protection probable contre la maladie</p> <p>Maladie symptomatique :</p> <p>Perte nulle ou minimale: AstraZeneca après une dose et Pfizer-BioNTech après deux doses</p> <p>Perte minimale ou modeste : AstraZeneca après deux doses et Pfizer-BioNTech après une dose</p>
Neutralisation			
<p>Perte nulle ou minimale: Moderna, Novavax, Pfizer-BioNTech</p> <p>Perte minimale ou modérée : AstraZeneca</p>	<p>De perte minimale à perte substantielle : Moderna, Pfizer-BioNTech</p> <p>De perte modérée à perte substantielle : AstraZeneca, Novavax, Janssen</p>	<p>Aucune perte ou perte minimale : AstraZeneca</p> <p>De perte minimale à perte modérée : Moderna, Pfizer-BioNTech</p>	<p>Perte modeste ou modérée : Pfizer-BioNTech</p> <p>Perte substantielle : une seule dose d’AstraZeneca</p>

Adaptation de la [Mise à jour épidémiologique hebdomadaire de l’OMS sur la COVID-19 – 8 juin 2021](#). Tableau 4.

Tableau sommaire des estimations sur l'efficacité des vaccins

Aucune donnée disponible pour Medicago ou Sanofi et GlaxoSmithKline (GSK)

Vaccin	B.1.1.7 (Alpha)	B.1.351 (Beta)	P.1 (Gamma)	B.1.617 (Delta)
Pfizer-BioNTech	<p>14 jours après la première dose:</p> <ul style="list-style-type: none"> De 46 à 60 % de protection contre une infection <p>7 jours après la deuxième dose :</p> <ul style="list-style-type: none"> De 70 à 94 % de protection contre une infection 90 % de protection contre une infection symptomatique (IC95%) De 92 à 98 % de protection contre une maladie grave De 94 à 98 % de protection contre la mort 	<p>De 35 à 41 jours après la première dose :</p> <ul style="list-style-type: none"> 43 % (IC95%, de 22 à 59) de protection contre une infection symptomatique <p>7 jours après la deuxième dose :</p> <ul style="list-style-type: none"> 88 % (IC95%, de 61 à 96) de protection contre une infection symptomatique 	Aucune donnée	<p>Maladie symptomatique</p> <p>Après une dose :</p> <ul style="list-style-type: none"> 33,2 % (IC95%, de 8,3 à 51,4) <p>Après 2 doses:</p> <ul style="list-style-type: none"> 87,9% (IC95%, de 78,2 à 93,2)
Moderna	<p>De 15 à 41 jours après la première dose :</p> <ul style="list-style-type: none"> 58,9 % (intervalle de confiance (IC) à 95%, - de 9,7 à 84,5) de protection contre une infection 61 % (IC95%, de 56 à 66) de protection contre une infection symptomatique <p>De 7 à 15 jours après la deuxième dose :</p> <ul style="list-style-type: none"> 85,7 % (IC95%, de 67,2 à 93,9) de protection contre une infection 90 % (IC95%, de 88 à 100) de protection contre une infection symptomatique 	<p>De 35 à 41 jours après la première dose :</p> <ul style="list-style-type: none"> 43 % (IC95%, de 22 à 59) de protection contre une infection symptomatique <p>7 jours après la deuxième dose :</p> <ul style="list-style-type: none"> 88 % (IC95%, de 61 à 96) de protection contre une infection symptomatique 	Aucune donnée	Aucune donnée
AstraZeneca	<p>De 21 à 28 jours après la première dose :</p> <ul style="list-style-type: none"> De 65 % à 74 % de protection contre une infection <p>Après 2 doses :</p> <ul style="list-style-type: none"> 70,4 % (IC95%, de 43,6 à 84,5) de protection contre une infection symptomatique 	<p>Après 2 doses :</p> <ul style="list-style-type: none"> 10,4 % (IC95%, - de 76,8 à 54,8) de protection contre des effets légers à modérés Aucune donnée sur la protection permettant d'éviter les cas de maladie grave 	Aucune donnée	<p>Maladie symptomatique</p> <p>Après une dose :</p> <ul style="list-style-type: none"> 32,9% (IC95%, de 19,3 à 44,3) <p>Après 2 doses :</p> <ul style="list-style-type: none"> 59,8% (IC95%, de 28,9 à 77,3)
Janssen	Aucune donnée	52 % et 64 % au 14 ^e jour et au 28 ^e jour pour les cas de maladie modérée, et 73,1 % et 81,7 % pour les cas de maladie grave	Aucune donnée	Aucune donnée
Novavax	<p>Après 2 doses :</p> <ul style="list-style-type: none"> 86,3 % (IC95%, de 71,3 à 93,5) 	<p>7 jours après la deuxième dose :</p> <ul style="list-style-type: none"> 57,7 % (IC95%, de 25,7 à 75,9) de protection contre 	Aucune donnée	Aucune donnée

1. Adaptation du document suivant : [Lorío A, Little J, Linkins L, Bennett D, Lavis JN. COVID-19 living evidence profile #6 \(version 6.7\): What is the efficacy and effectiveness of available COVID-19 vaccines in general and specifically for variants of concern? Hamilton: Health Information Research Unit, 01 June 2021.](#)

2. [Lopez Bernal J, Andrews N, Gower C, et al. Effectiveness of COVID -19 vaccines against the B.1.617.2 variant](#)

Vaccins pour les VP et orientations futures

- Moderna
 - Étude évaluant des candidats vaccins de rappel contre la COVID-19 (mars 2021)
 - Un candidat vaccin de rappel, ARNm-1273.351, contre la lignée B.1.351 (Beta) découverte pour la première fois dans la République sud-africaine (dose de 50 µg ou moins).
 - Un candidat vaccin de rappel multivalent ARNm-1273.211, qui combine en un seul vaccin (dose de 50 µg ou moins) le vaccin autorisé de Moderna contre les souches ancestrales (ARNm-1273) et ARNm-1273.351.
- Pfizer-BioNTech
 - « Discussions avec les organismes de réglementation au sujet d'une étude d'enregistrement supplémentaire sur un vaccin à ARNm doté d'une séquence de variant; cette solution flexible pourrait ouvrir la porte à une adaptation rapide du vaccin ciblant la lignée B.1.351 (Beta) ou d'autres variants émergents susceptibles d'échapper à l'immunité » (févr. 2021)
- Medicargo et GSK
 - Amorce d'une étude de faisabilité d'un candidat vaccin contre les variants émergents du virus de la COVID-19 (mars 2021)
- GSK et CureVac
 - Mise au point conjointe de la nouvelle génération de vaccins à ARNm contre la COVID-19 ayant le potentiel de cibler plusieurs variants émergents à l'aide d'un seul et même vaccin (févr. 2021)

IMPACTS DES VARIANTES PRÉOCCUPANTS

MODÈLES UTILISÉS PAR L'ASPC

1. Modèles de prévisions statistiques

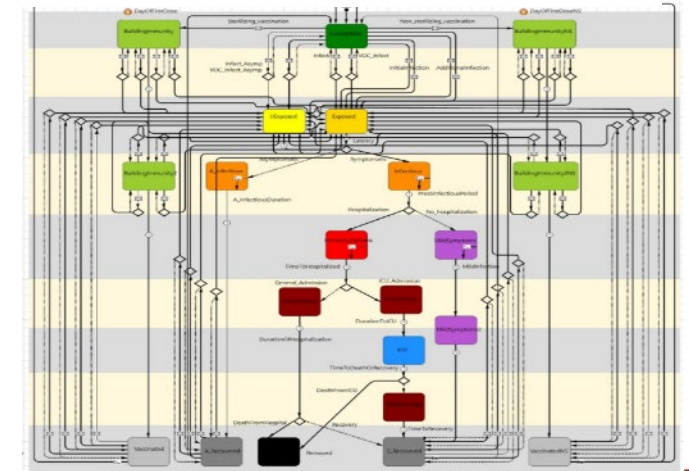
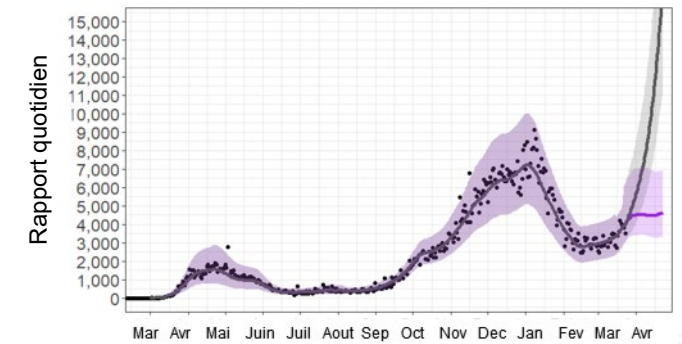
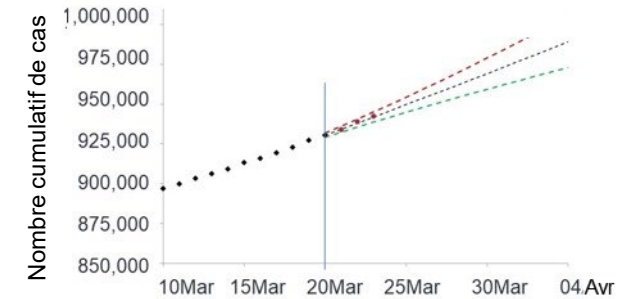
- Prévisions à court terme des cas attendus compte tenu de l'incidence récente

2. Modèles de prévisions à long terme

- Modèle dynamique à compartiments adapté au projet dans un proche avenir compte tenu de l'incidence récente et des scénarios relatifs au contrôle, à la diffusion et aux variants préoccupants

3. Modèles pour l'exploration de scénarios d'ouverture

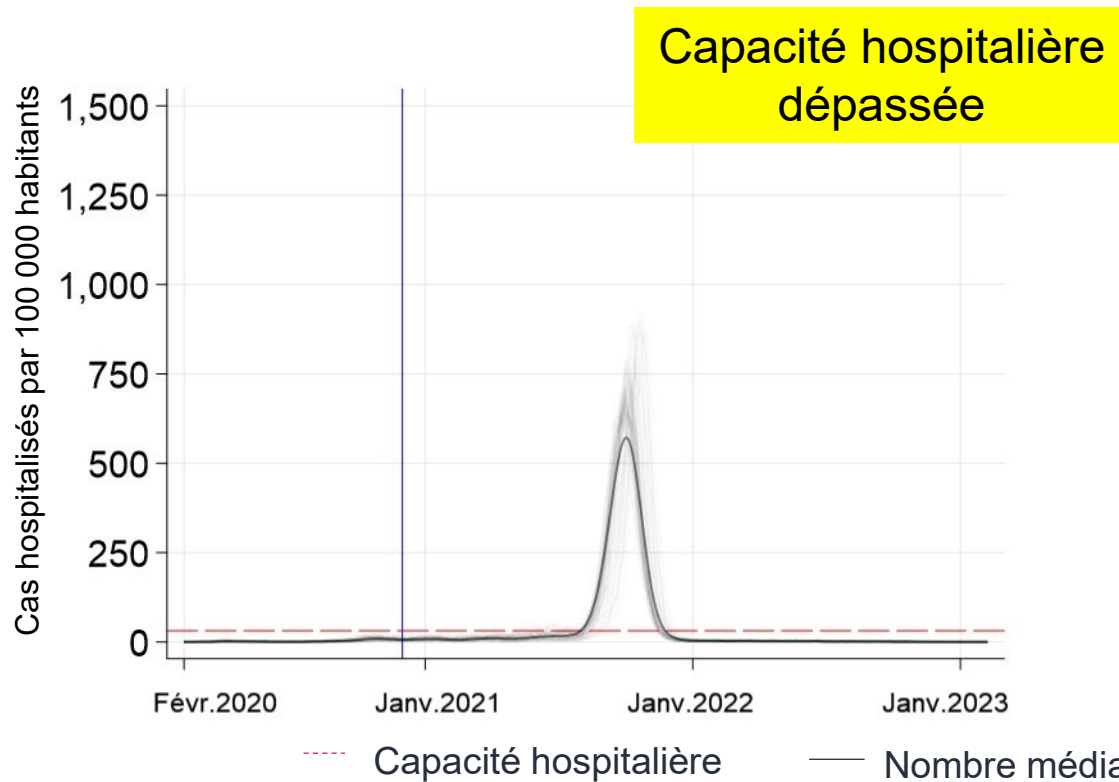
- Modèles plus complexes
 - Modèle déterministe à compartiments structuré en fonction de l'âge
 - Modèle informatique structuré en fonction de l'âge et fondé sur les agents
- Créés au départ pour modéliser les mesures de contrôle nécessaires
- Récemment adaptés pour modéliser les effets du déploiement des vaccins et la transmission des VP



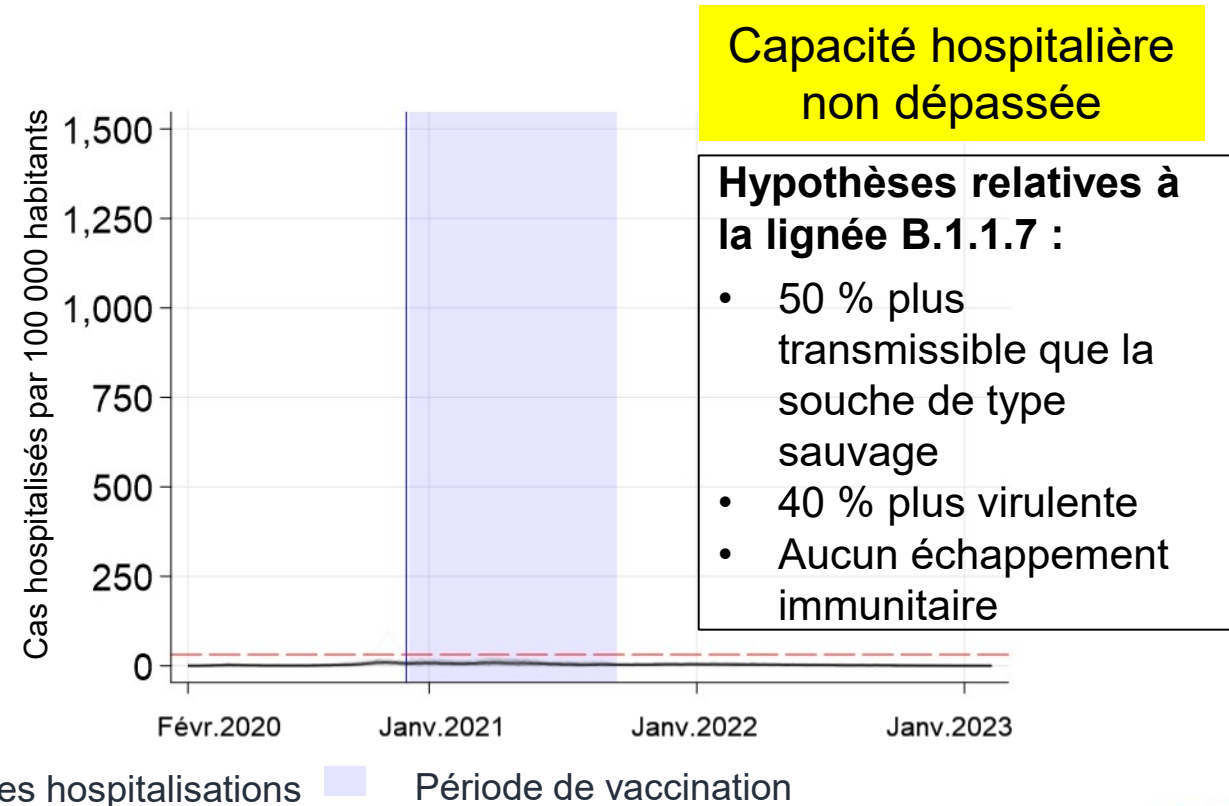
MODÉLISATION DE L'IMPACT DE LA VACCINATION ET DES VARIANTS 1

Arrivée de la lignée B.1.1.7 (Alpha) seulement le 1^{er} décembre 2020 (ligne bleue)
Aucun autre VP capable d'échappement immunitaire

Sans vaccination



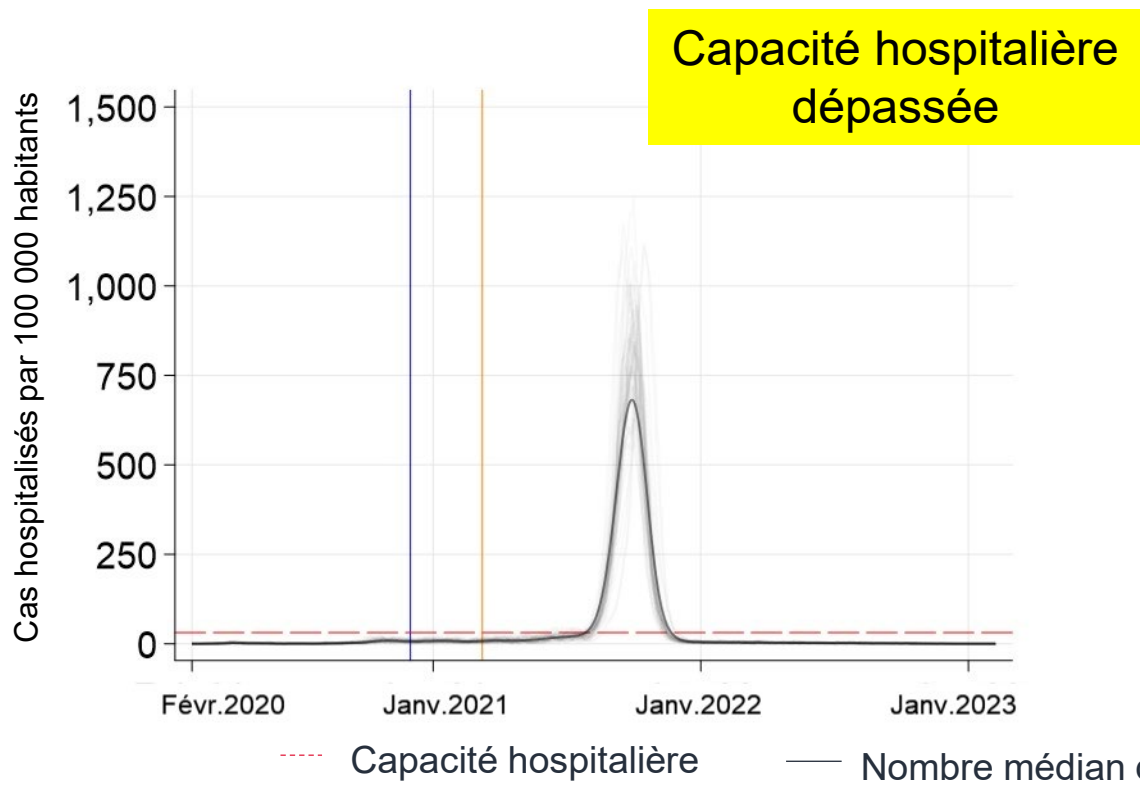
Avec vaccination



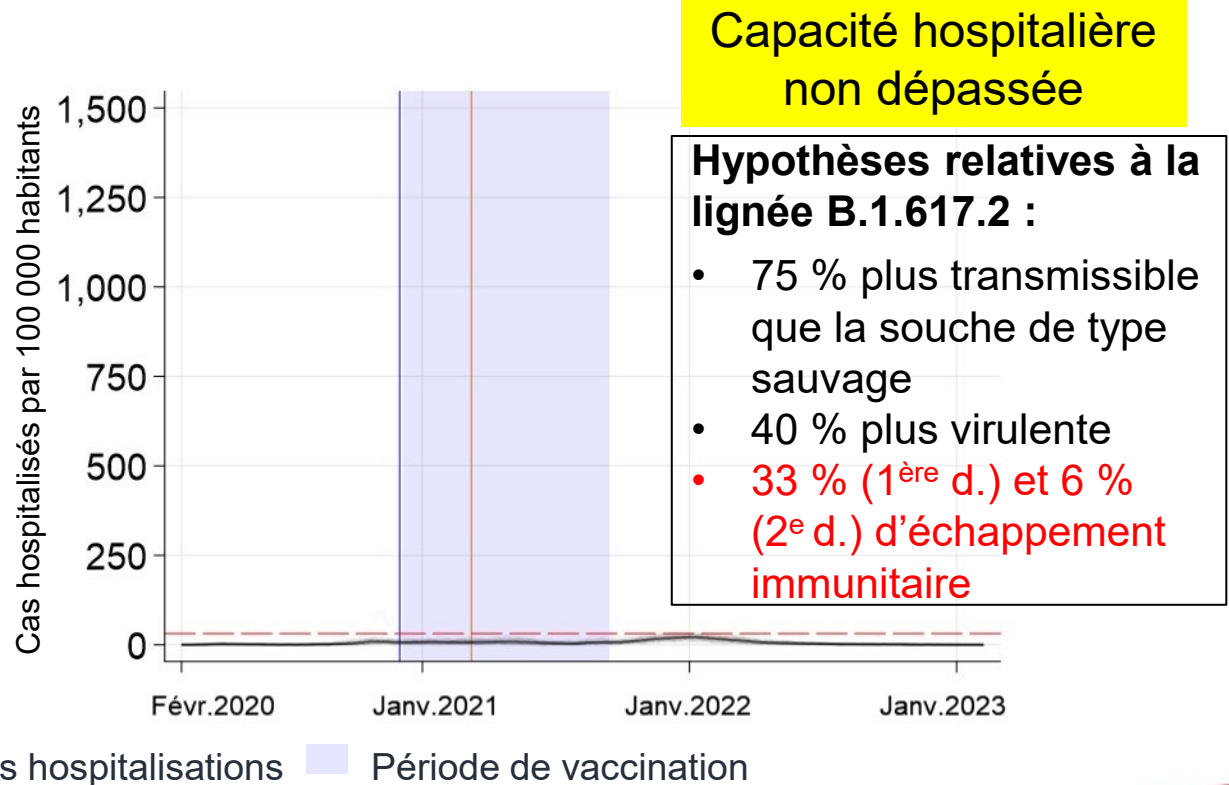
MODÉLISATION DE L'IMPACT DE LA VACCINATION ET DES VARIANTS 2

Arrivée de la lignée B.1.1.7 (Alpha) seulement le 1^{er} décembre 2020 (ligne bleue)
 Arrivée de la lignée B.1.617.2 (Delta) le 1^{er} mars 2021 (ligne orange)

Sans vaccination



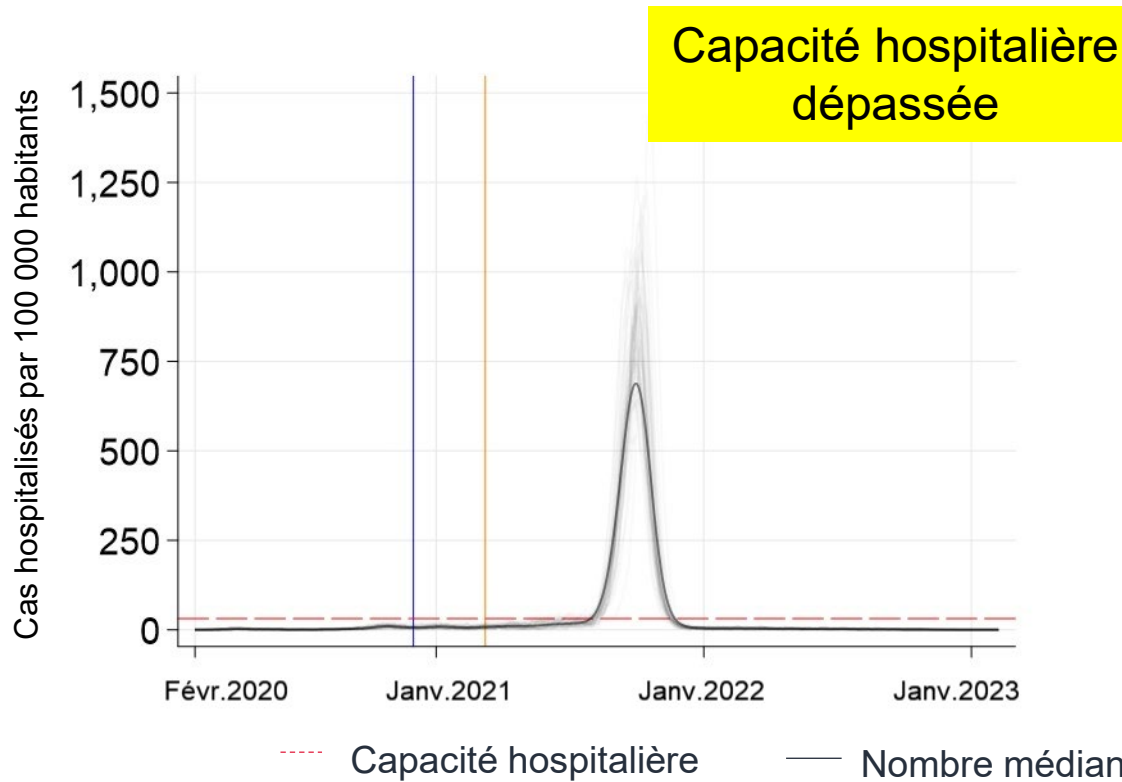
Avec vaccination



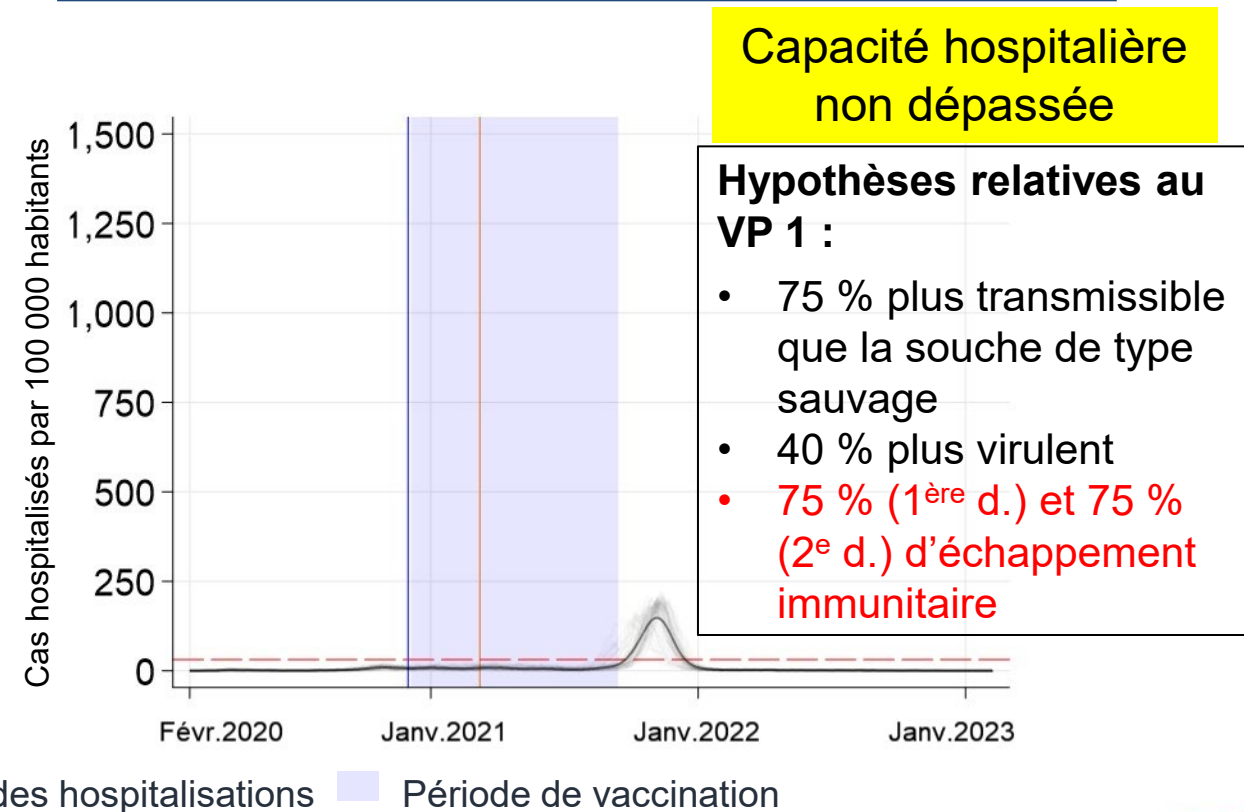
MODÉLISATION DE L'IMPACT DE LA VACCINATION ET DES VARIANTS 3

Arrivée de la lignée B.1.1.7 (Alpha) seulement le 1^{er} décembre 2020 (ligne bleue)
Arrivée d'un hypothétique VP 1 le 1^{er} mars 2021 (ligne orange)

Sans vaccination



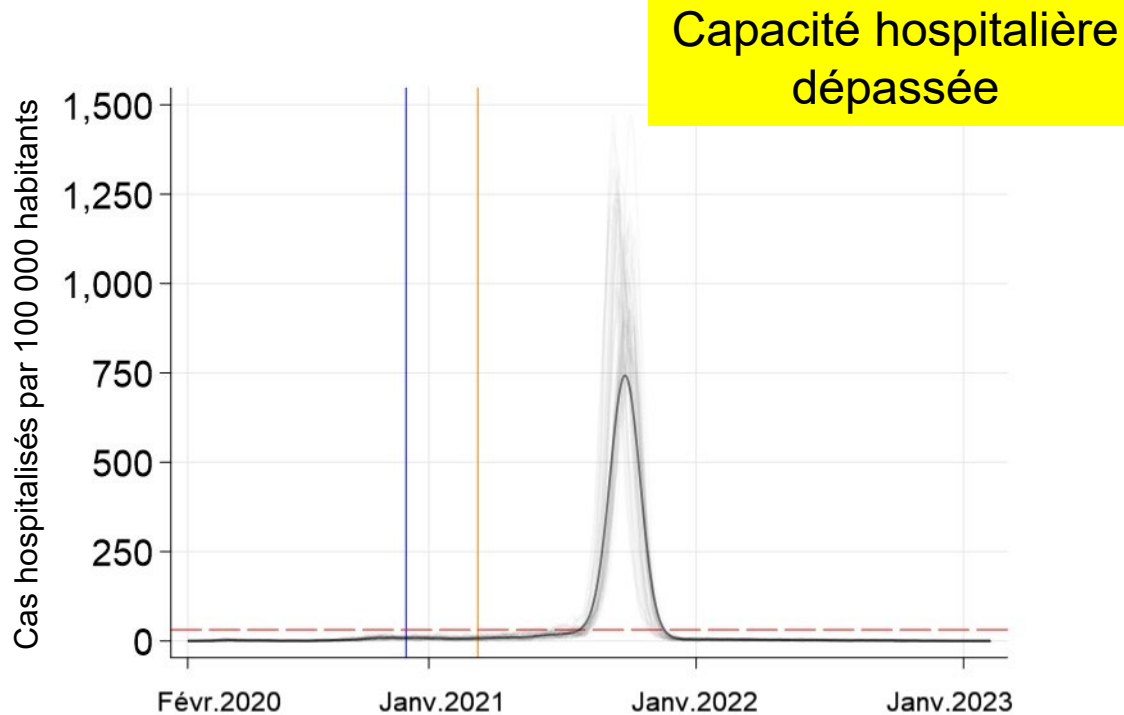
Avec vaccination



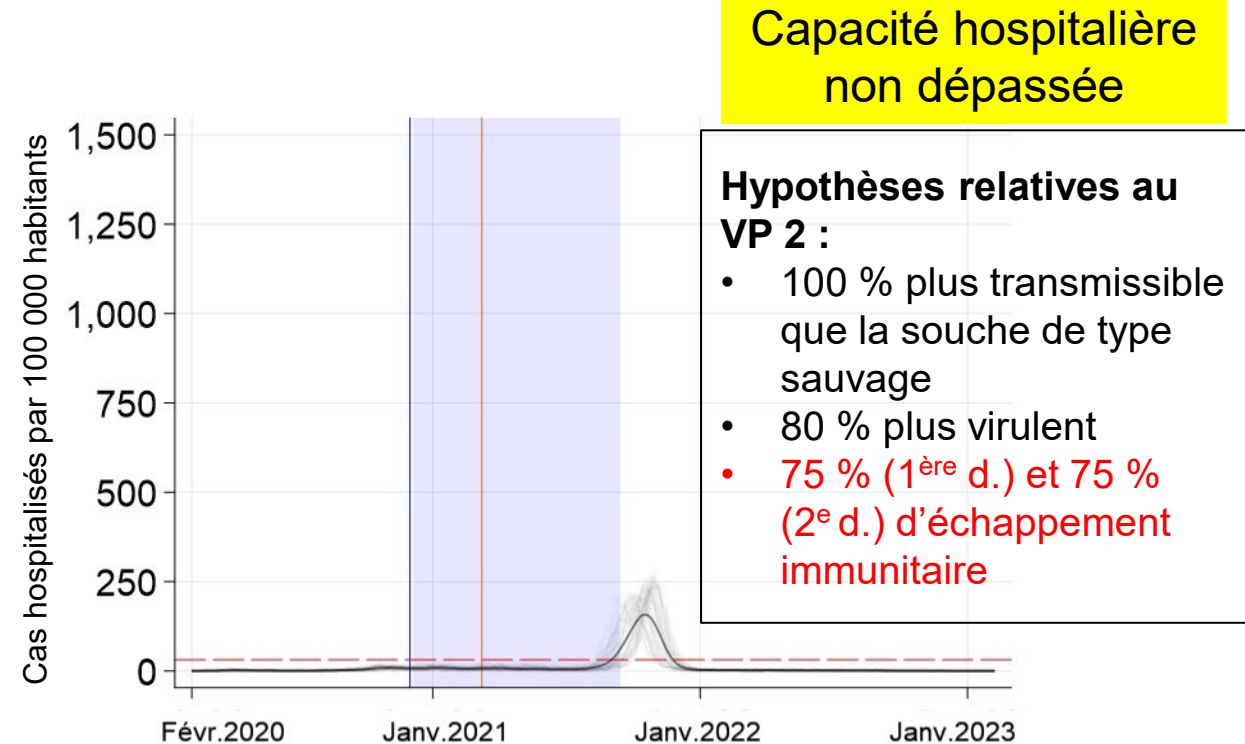
MODÉLISATION DE L'IMPACT DE LA VACCINATION ET DES VARIANTS 4

Arrivée de la lignée B.1.1.7 (Alpha) seulement le 1^{er} décembre 2020 (ligne bleue)
Arrivée d'un hypothétique VP 2 le 1^{er} mars 2021 (ligne orange)

Sans vaccination



Avec vaccination



----- Capacité hospitalière — Nombre médian des hospitalisations ■ Période de vaccination

MESSAGES CLÉS POUR LES FOURNISSEURS DE SOINS DE LA SANTÉ

Messages clés pour les professionnels de la santé

- Le Canada dispose de solides systèmes de surveillance génomique et épidémiologique pour repérer et surveiller les variants du SRAS-CoV-2, notamment les variants préoccupants (VP) (*c.-à-d.* : RCanGéCo).
- Le Canada, et d'autres organismes internationaux, surveillent l'efficacité des vaccins contre les VP, notamment :
 - Lignée B.1.1.7 (Alpha) *signalée pour la première fois au Royaume-Uni* – Données probantes indiquant que certains vaccins offrent une protection efficace.
 - Lignée B.1.351 (Beta) *signalée pour la première fois en Afrique du Sud* – Données probantes indiquant que certains vaccins offrent une protection moindre.
 - Lignée B.1.1.28 / P1 (Gamma) *signalée pour la première fois au Brésil et au Japon* – Données limitées
 - Lignée B.1.617.2 (Delta) *signalée pour la première fois en Inde* – Données probantes émergentes indiquant que certains vaccins offrent une protection efficace.
- Même si un vaccin est moins efficace contre un variant en particulier, les personnes vaccinées bénéficieront tout de même d'une certaine protection. La vaccination à grande échelle nous aidera à obtenir les meilleurs résultats de santé publique grâce à la réduction de la transmission globale.
- Selon les prévisions des modèles, la vaccination permettra d'éviter de dépasser la capacité hospitalière, et ce, malgré la présence de variants préoccupants.

Abonnez-vous aux publications du Comité consultatif national de l'immunisation (CCNI) et aux mises à jour du Guide canadien d'immunisation

The image shows a screenshot of the CCNI website with an overlay form for subscription. The website header includes the Canadian flag, the text 'Gouvernement du Canada / Government of Canada', and a search bar. The main heading is 'Comité consultatif national de l'immunisation (CCNI) : Déclarations et publications'. Below this, there are several navigation buttons: 'Déclarations et publications' (highlighted), 'À propos de nous', 'Réunions', 'Plan de travail', 'Méthode et processus', and 'Liens connexes'. The main text describes the CCNI's role in providing recommendations on vaccine use. At the bottom of the main content, there are two buttons: 'Abonnez-vous' and 'Guide canadien d'immunisation'. An orange arrow points from the 'Abonnez-vous' button to the overlay form.

Abonnez-vous

Pour obtenir de l'information sur les mises à jour du Guide canadien d'immunisation et des nouvelles déclarations supplémentaires et synthèses de la littérature du Comité consultatif national d'immunisation, inscrivez votre adresse courriel ci-dessous et cliquez sur le bouton d'**abonnement**.

* Votre adresse courriel (**obligatoire**)

* Mise(s) à jour préférée(s) (**obligatoire**)

Guide canadien d'immunisation

CCNI Recommandations, déclarations supplémentaires et mises à jour

* Veuillez indiquer la catégorie décrivant le mieux votre titre professionnel et/ou votre expérience professionnelle (**obligatoire**)

Médecin (généraliste)

Médecin (spécialiste)

Infirmier ou infirmière

Infirmier praticien ou infirmière praticienne / Catégorie supérieure

Pharmacien

Chercheur de laboratoire / Technicien de laboratoire

Autre

Si une autre catégorie, veuillez préciser :

<https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/immunisation/comite-consultatif-national-immunisation-ccni.html>

Trousse à outils de l'ASPC pour les fournisseurs de soins de santé



Contenu de la trousse

- **À propos de la COVID-19** : Renseignements généraux, notamment sur les symptômes et les mesures de prévention, et recommandations à l'intention des professionnels de la santé, des soins sécuritaires selon la culture et des déclarations de la part de l'administrateur en chef de la santé publique du Canada
- **Aperçu des vaccins** : Les vaccins contre la COVID-19 au Canada, comment se faire vacciner, couverture vaccinale à l'échelle nationale, expéditions et livraisons, comment les vaccins sont développés, ainsi que l'information à l'intention des Autochtones
- **Vaccins autorisés** : Renseignements sur les vaccins contre la COVID-19 qui sont autorisés par Santé Canada
- **Guide à l'intention des fournisseurs de soins de santé** : Guide pour la gestion des séances de vaccination contre la COVID-19 et l'administration des vaccins contre la COVID-19, recommandations du Comité consultatif national de l'immunisation, orientation sur l'anaphylaxie, composants des vaccins et atténuation de la douleur
- **Confiance dans les vaccins** : Renseignements et formation sur la confiance dans les vaccins, ainsi que des réponses aux questions courantes
- **Sécurité des vaccins** : Aperçu de la sécurité des vaccins, de la surveillance et de l'établissement de rapports, renseignements sur les effets secondaires possibles et effets secondaires signalés au Canada
- **Ressources supplémentaires** : Ressources des provinces, des territoires et des intervenants, communications et outils numériques, contenu et ressources pour les plateformes des médias sociaux
- **Conditions d'utilisation** : Renseignements sur l'utilisation du mot symbole « Canada » et des ressources de la trousse à outils

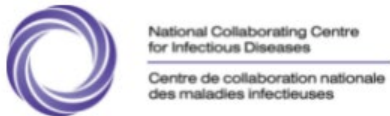
<https://www.canada.ca/content/dam/phac-aspc/documents/services/diseases-maladies/2019-novel-coronavirus-infection/health-professionals/covid-19-healthcare-professionals-vaccine-toolkit.pdf>

Pour obtenir plus de webinaires de l'ASPC sur la COVID-19, consultez les sites suivants :



COVID-19 pour les professionnels de la santé : Formation

<https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/maladies/2019-nouveau-coronavirus/professionnels-sante/formation.html>



Centre de collaboration nationale des maladies infectieuses (CCNMI)

<https://ccnmi.ca/les-webinaires-de-lagence-de-la-sante-publique-du-canada-sur-les-vaccins-contre-la-covid-19/>



Centre canadien de ressources et d'échange de données probantes sur la vaccination (CANVax)

<https://www.canvax.ca/fr/serie-de-webinaires-du-canvax>

Sujets

- Fondements du processus de vaccination contre la COVID-19
- Thrombocytopénie immunitaire thrombotique induite par le vaccin (TITIV)
- Allergies et seringues FVM
- Réactions retardées au site d'injection
- Planification pour les cliniques de vaccination
- Autres recommandations du CCNI sur l'utilisation des vaccins contre la COVID-19

Merci !

- **Joignez-vous au CCNMI et à l'ASPC lors de nos prochains webinaires sur la COVID-19.**
- **Rendez-vous sur ccnmi.ca pour tous les détails.**

Nous vous invitons à **remplir une courte évaluation** qui sera proposée à la fin de la prestation.

Tous les participants inscrits par l'entremise d'Eventbrite recevront par courriel un lien vers **l'enregistrement du webinaire** et **les diapositives** de nos conférenciers qui seront bientôt disponibles sur le site **ccnmi.ca**.

SUPPLÉMENT

Efficacité du vaccin pour éviter les hospitalisations causées par les variants Alpha et Delta

Stowe J et coll. (Angleterre, 14 juin 2021 – publication préliminaire)

Les vaccins de Pfizer-BioNTech (Pfizer) et d'AstraZeneca (AZ) sont **très efficaces pour prévenir une hospitalisation causée** par les variants Alpha (B.1.1.7) et Delta (B.1.617.2), y compris pour les cas où une seule dose a été administrée, et ce, notamment pour le vaccin de Pfizer.

	Alpha (B.1.1.7)	Delta (B.1.351)
Pfizer-BioNTech – Une dose	83 % (95 % d'IC : 62-93)	94 % (95 % d'IC : 46-99)
Pfizer-BioNTech – Deux doses	95 % (95 % d'IC : 78-99)	96 % (95 % d'IC : 86-99)
AstraZeneca – Une dose	76 % (95 % d'IC : 61-85)	71 % (95 % d'IC : 51-83)
AstraZeneca – Deux doses	86 % (95 % d'CI : 53-96)	92 % (95 % d'IC : 75-97)

[Public library – Public Health England national - Knowledge Hub \(khub.net\)](https://www.khub.net/)

Efficacité des vaccins pour éviter une hospitalisation causée par les variants Alpha et Delta

Sheikh A. et coll. (Écosse, 14 juin 2021 – publication préliminaire)

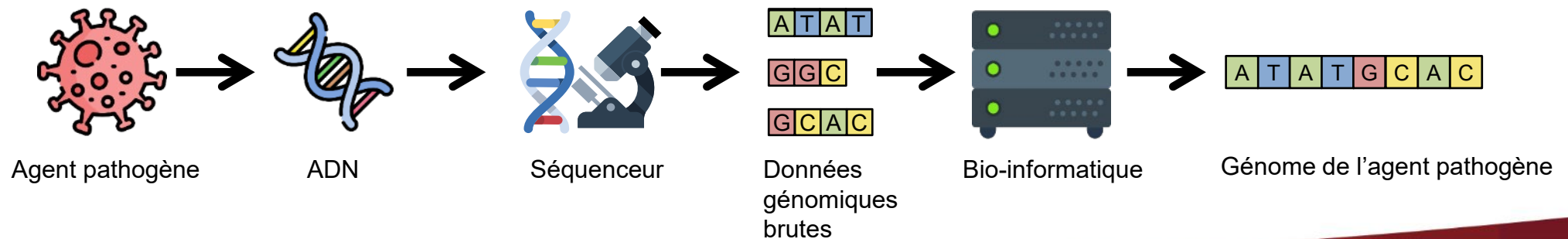
- Les personnes qui ont contracté le variant Delta ont été plus susceptibles d'être hospitalisées en comparaison avec les personnes ayant contracté le variant Alpha (rapport de risque de 1,85 [95 % d'IC : de 1,39 à 2,47]).
- Les vaccins de Pfizer-BioNTech et d'AstraZeneca (estimation combinée pour les deux vaccins) ont été efficaces pour prévenir les hospitalisations, mais leur **efficacité a été plus grande contre le variant Alpha que contre le variant Delta**.
- Efficacité des vaccins contre les infections :
 - plus élevée contre le variant Alpha que contre le variant Delta, que ce soit une ou deux doses des deux vaccins contre la COVID-19;
 - généralement plus élevée pour Pfizer-BioNTech que pour AstraZeneca.

	Alpha (B.1.1.7)	Delta (B.1.617.2)
Hospitalisation 28 jours ou plus après la dose 2; les deux vaccins combinés en raison des données insuffisantes	72 % (95 % d'IC : de 57 à 82 %)	62 % (95 % d'IC : de 42 to 76%)
Pfizer-BioNTech – Une dose Infection par le SRAS-CoV-2, peu importe les symptômes 28 jours ou plus après la dose 1	38 % (95 % d'IC : de 29 à 45 %)	30 % (95 % d'IC : de 17 à 41 %)
Pfizer-BioNTech – Deux doses Infection par le SRAS-CoV-2, peu importe les symptômes, 14 jours ou plus après la dose 2	92 % (95 % d'IC : de 90 à 93 %)	79 % (95 % d'IC : de 75 à 82 %)
AstraZeneca – Une dose Infection par le SRAS-CoV-2, peu importe les symptômes, 28 jours ou plus après la dose 1	37 % (95 % d'IC : de 32 à 42%)	18 % (95 % d'IC : de 9 à 25 %)
AstraZeneca – Deux doses Infection par le SRAS-CoV-2, peu importe les symptômes, 14 jours ou plus après la dose 2	73 % (95 % d'IC : de 66 à 78 %)	60 % (95 % d'IC : de 53 à 66 %)

[www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(21\)01358-1/fulltext](http://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(21)01358-1/fulltext)

Les technologies de la génomique révolutionnent les sciences de la santé publique

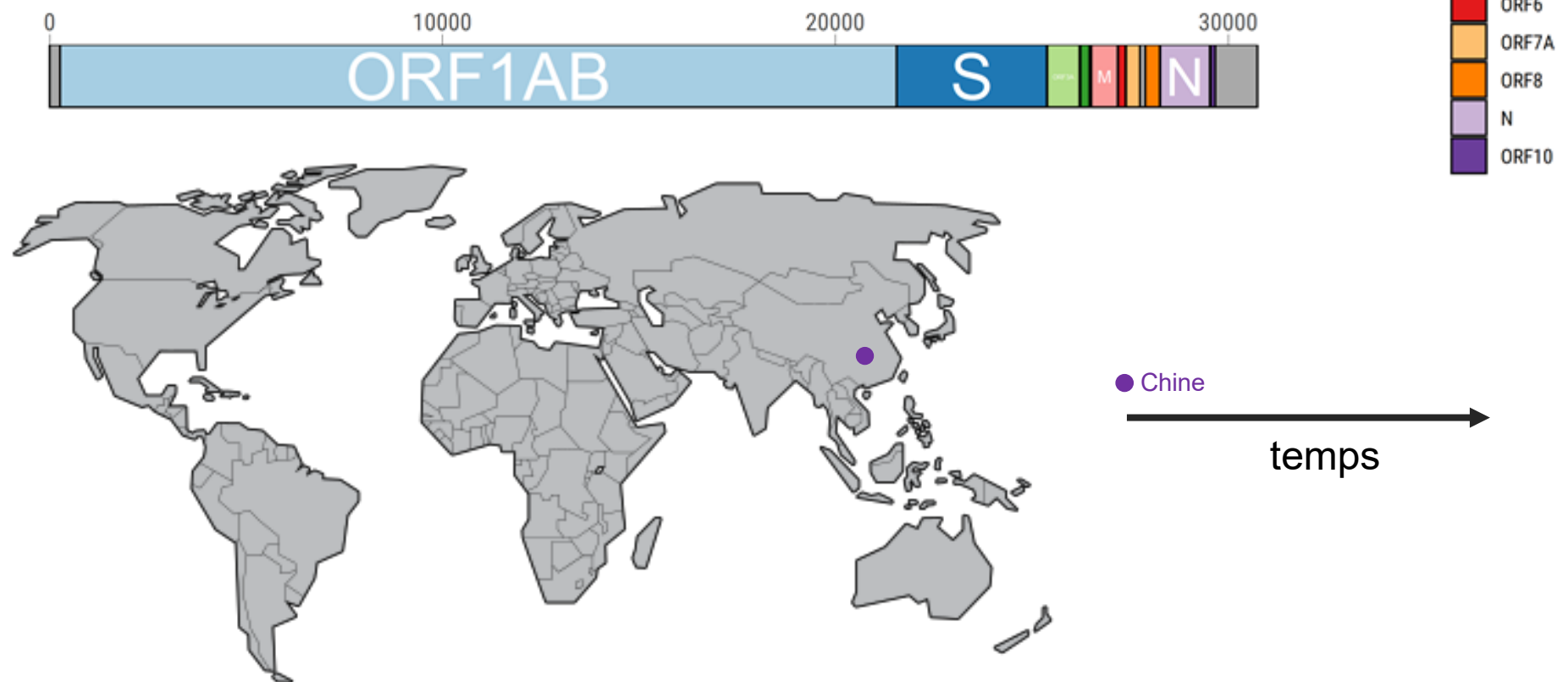
- La science microbienne a subi une transformation au cours de la dernière décennie. La microbiologie traditionnelle ne nous informait que de la présence ou non d'un agent pathogène.
- La génomique fournit le code génétique complet de l'agent pathogène. Grâce à ce code, nous pouvons non seulement identifier l'agent pathogène, mais aussi analyser son code pour en apprendre davantage sur sa résistance, ses sous-types et son mode de transmission.
- Ce changement a été rendu possible par les progrès réalisés dans les technologies de laboratoire fondées sur le génome ainsi que par les sciences de la bio-informatique de soutien.
- Ensemble, ces outils améliorent la qualité et la confiance dans la prise de décisions en santé publique.



Suivi de la transmission au moyen de la génomique

Human Coronavirus 2: Wuhan/HBCDC-HB-03/2019

2019-12-30

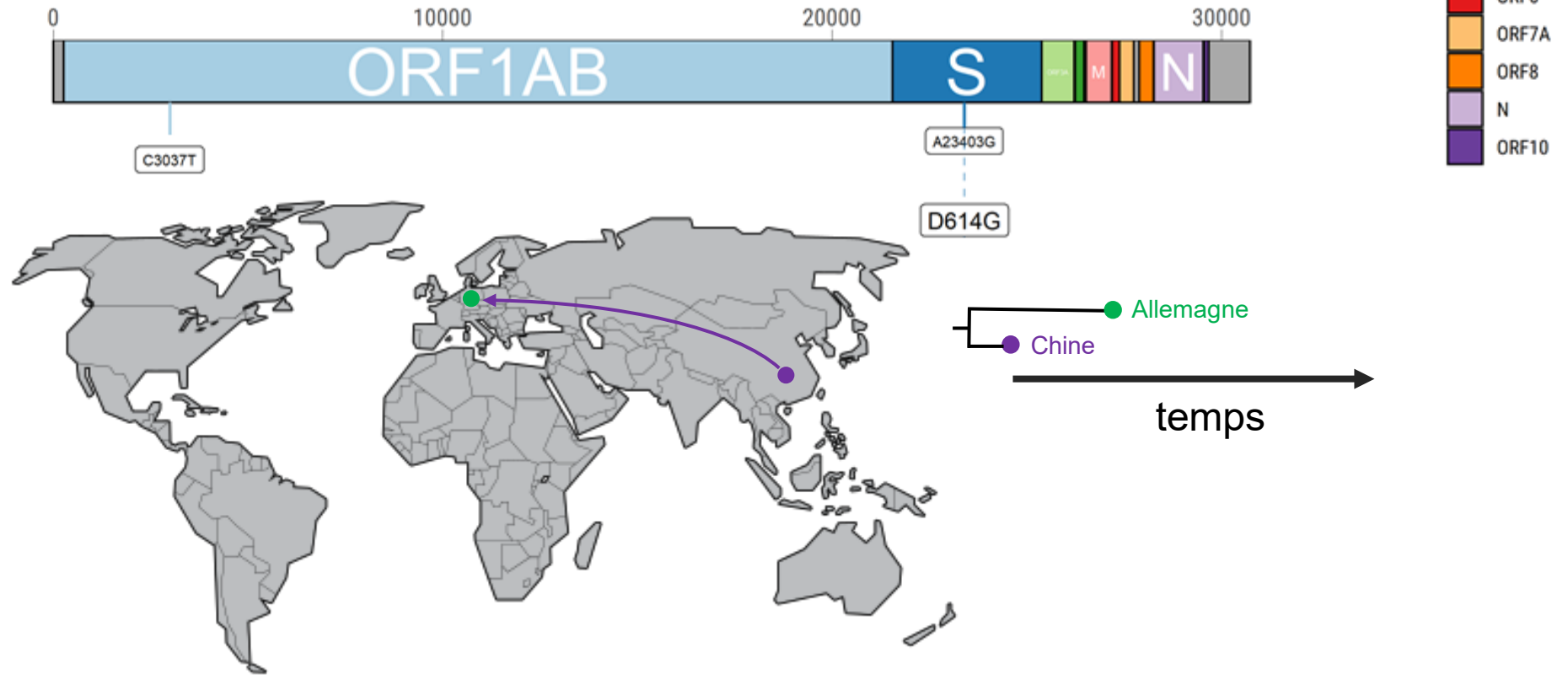


- Après la découverte initiale d'un nouveau virus, la séquence devient la norme de référence avec laquelle sont comparées les séquences ultérieures.
- Au-dessus se trouve le génome de la première séquence recueillie à Wuhan à la fin de 2019.

La transmission entraîne des mutations.

Human Coronavirus 2: Germany/BavPat1/2020

2020-01-28

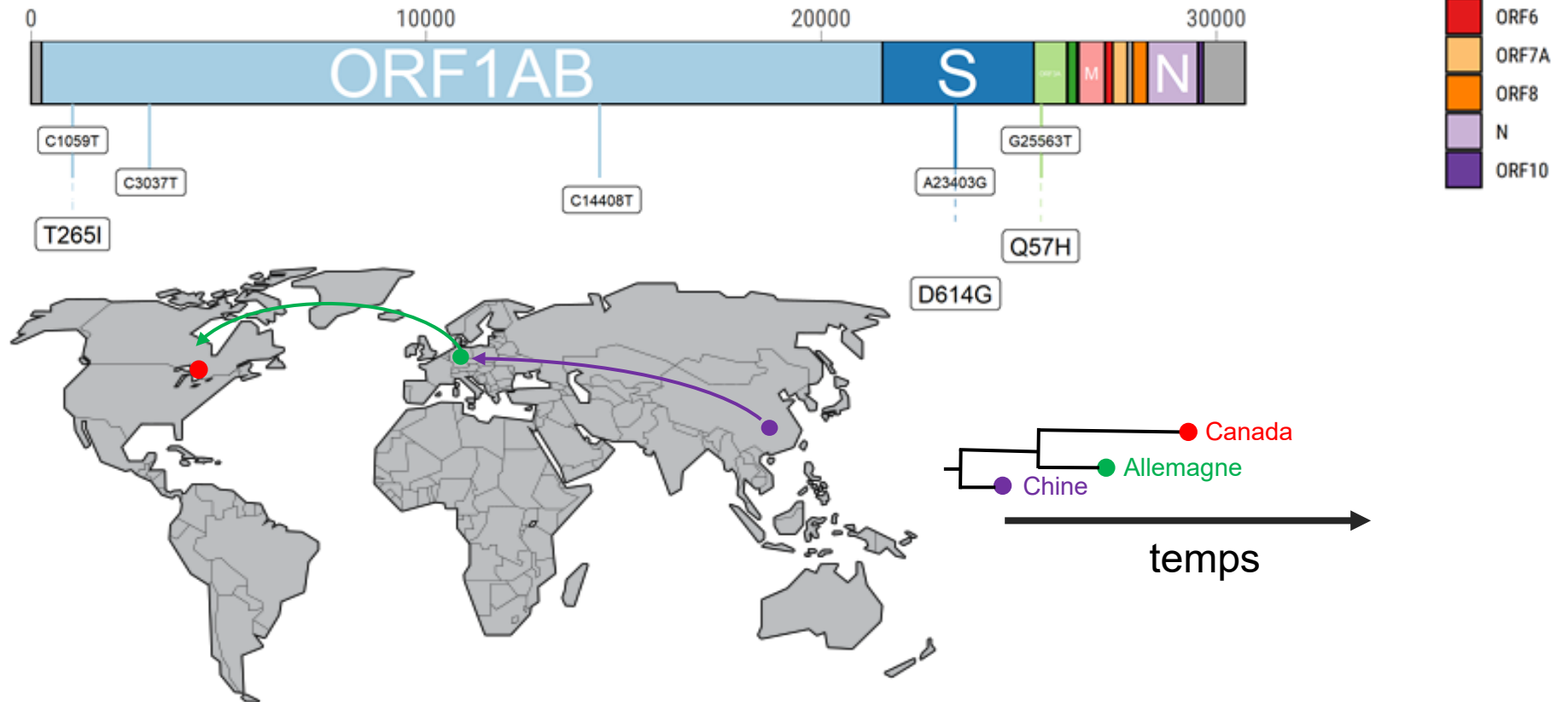


- Des mutations peuvent se produire au moment où le virus se transmet. Dans le cas ci-dessus, 2 mutations ont eu lieu avant qu'un événement de transmission se produise en Allemagne (les mutations sont les bulles sous le génome).

Plus il y a de la diversité, meilleur est le suivi.

Human Coronavirus 2: Canada/ON_PHL3650/2020

2020-03-07

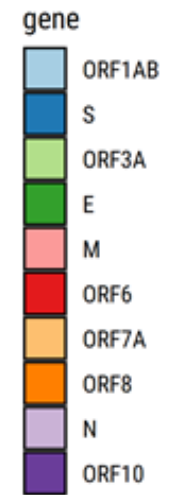
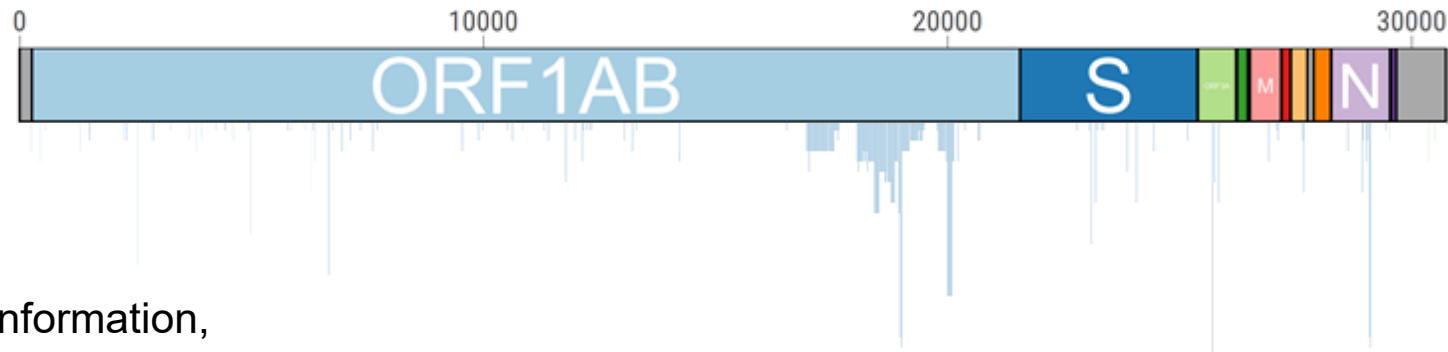


- En combinant les données sur les mutations avec d'autres métadonnées importantes (lieu, date de la collecte d'échantillons), un arbre de relations a été créé (la phylogénèse).

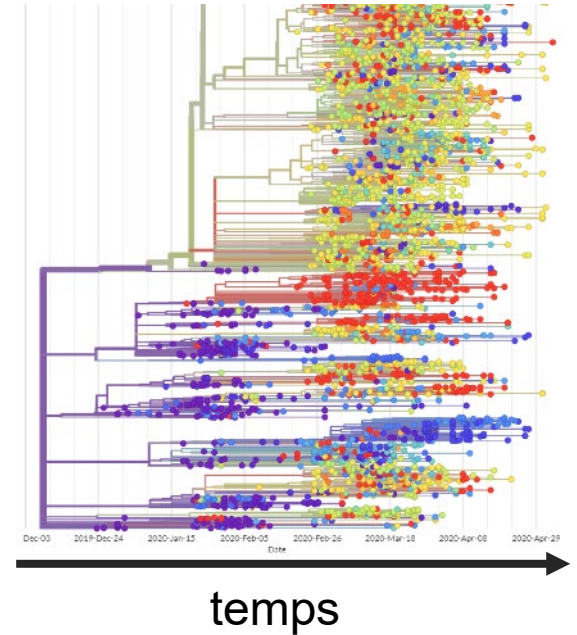
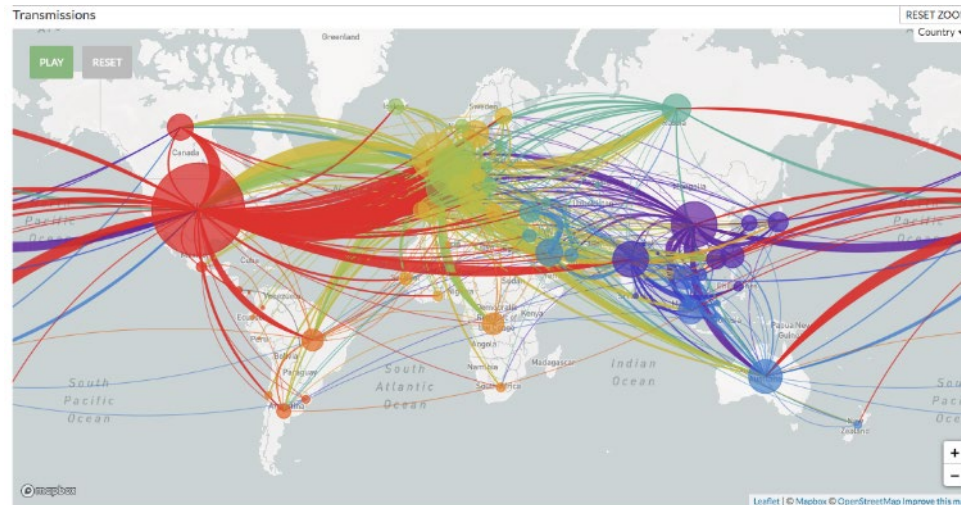
Les données de la phylogénèse permettent le suivi des variants au fil du temps et à l'échelle géographique.

Human Coronavirus 2: Wuhan/HBCDC-HB-03/2019

2019-12-30



- Grâce à cette information, nous pouvons suivre la propagation du virus et repérer les lieux où se produisent les nouvelles éclosions et leur origine.





MENU ▾

[Canada.ca](#) > [Agence de la santé publique du Canada](#)

Le gouvernement du Canada investit 53 millions de dollars dans la lutte contre les variants préoccupants du virus de la COVID-19

De : [Agence de la santé publique du Canada](#)

Communiqué de presse

12 février 2021 | Ottawa (Ontario) | Agence de la santé publique du Canada

Le gouvernement du Canada adopte une approche à plusieurs niveaux pour détecter et combattre les variants préoccupants au Canada. À cette fin, le gouvernement a élaboré avec les provinces et les territoires un programme de surveillance pour détecter la présence au Canada des nouveaux variants du virus de la COVID-19, comme ceux qui sont originaires du Royaume-Uni (B.1.1.7), d'Afrique du Sud (B.1.351) et du Brésil (P.1). Aujourd'hui, le gouvernement du Canada augmente notre capacité à repérer et à suivre ces variants dans le pays en investissant 53 millions de dollars pour la mise en œuvre d'une Stratégie intégrée de lutte contre les variants préoccupants qui nous aidera à intensifier rapidement nos efforts de surveillance, de séquençage et de recherche.