



Rapport CCNMI

2024-12-20

Table des matières

Introduction	2
Données Actuelles	2
Données du Rapport Précédent	3
Valeurs R_t	3
Dernières Dates d'observation	4
Annexes	5

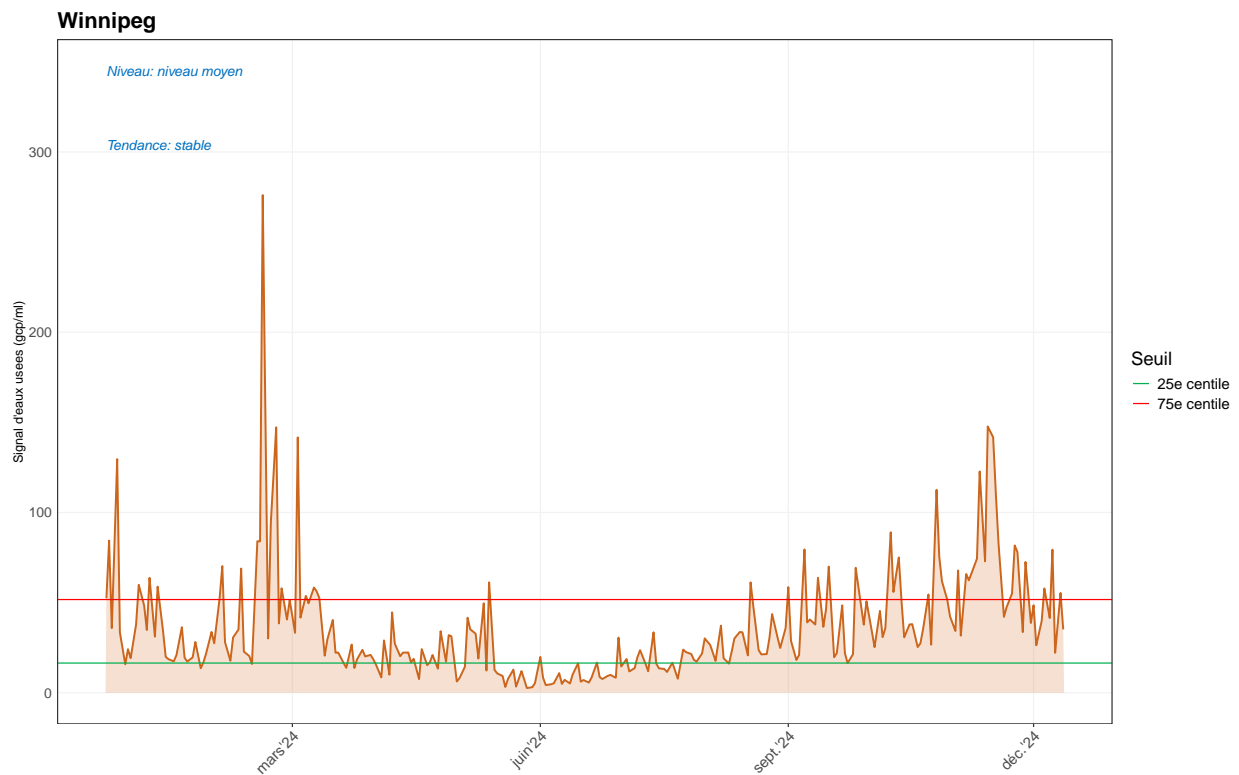
Introduction

Ce document montre le niveau actuel de SRAS-CoV-2 dans les eaux usées des villes à travers le pays. Dans les graphiques ci-dessous, l'axe horizontal affiche la date et l'axe vertical affiche le signal des eaux usées, exprimé en copies du génome de SRAS-CoV-2 par millilitre (gcp/ml). Les lignes de seuil vertes et oranges affichent respectivement les 25^{ème} et 75^{ème} centiles historiques. Des informations méthodologiques sont disponibles dans l'annexe 2 : Documentation technique. Le niveau actuel comparé aux données historiques et aux tendances pour chaque ville est montré dans le coin supérieur gauche de chaque graphique, et les messages clés mettent en évidence les changements récents importants dans les données.

Données Actuelles

Messages principaux:

Les niveaux actuels de SRAS-CoV-2 dans les eaux usées à Winnipeg sont moyens, et la tendance mensuelle est stable. Les valeurs de R_t pour Winnipeg sont actuellement autour de 1.



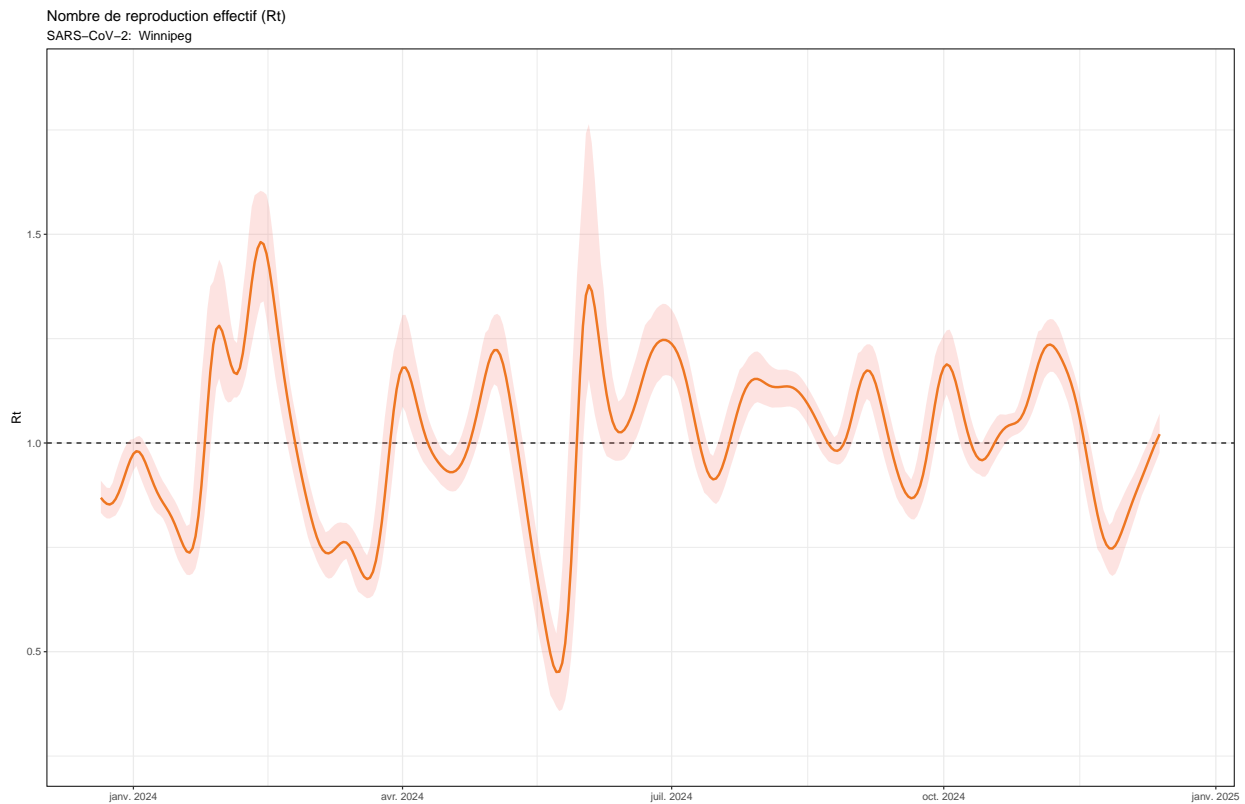
Les lignes seuils sont calculées sur la base des concentrations historiques d'eaux usées depuis la vague Omicron.

Données du Rapport Précédent

Ville	Niveau du mois précédent	Tendance du mois précédent
Winnipeg	éleve	augmentant

Valeurs R_t

Le nombre de reproduction effectif, ou R_t , est estimé à partir de la concentration du génome de SRAS-CoV-2 dans les eaux usées. R_t indique la rapidité de propagation d'une maladie; une valeur supérieure à 1 indique que le nombre de nouvelles infections augmente, et une valeur inférieure à 1 indique que le nombre de nouvelles infections diminue. Les graphiques ci-dessous montrent l'estimation de R_t (axe vertical) en fonction du temps, et la ligne pointillée représente la valeur seuil de R_t égale à 1.



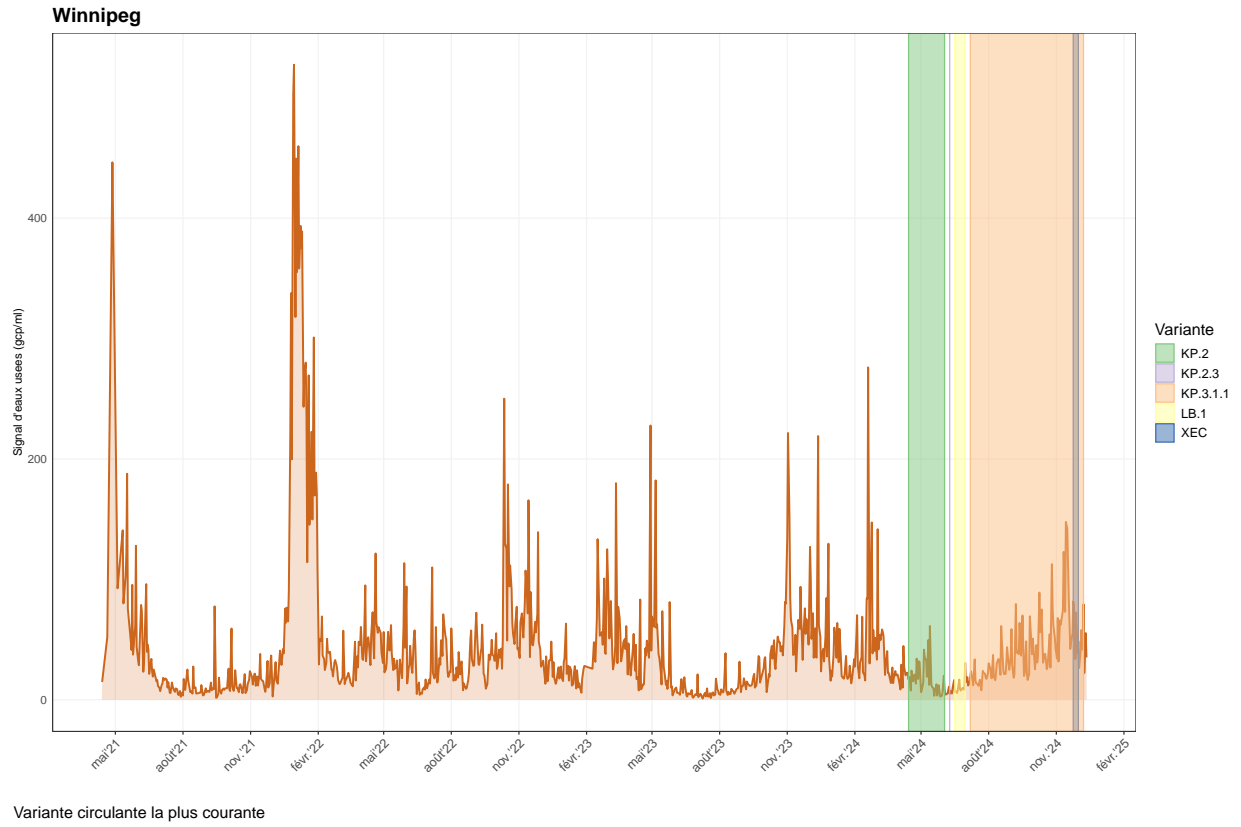
Dernières Dates d'observation

Ce document contient les données des eaux usées recueillies pour chaque ville jusqu'aux dates suivantes:

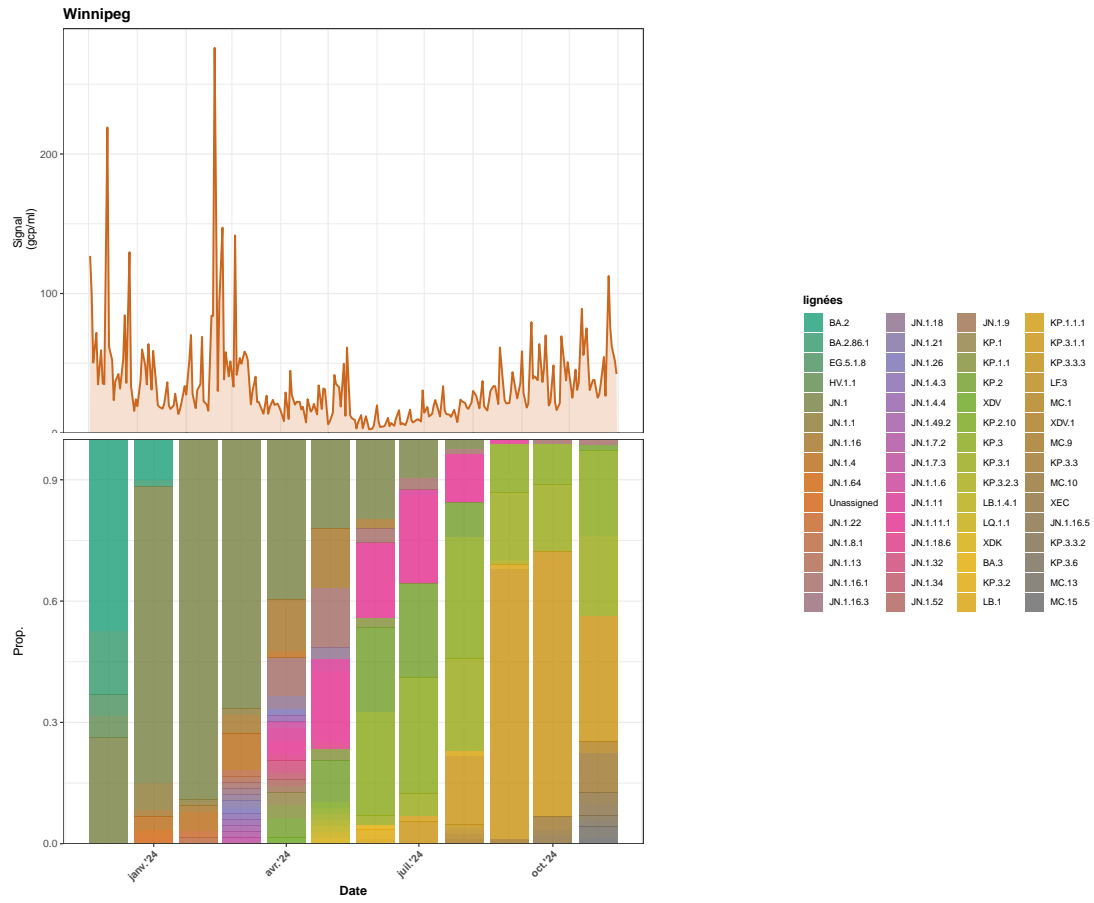
Ville	Date
Winnipeg	2024-12-12

Annexes

Annexe 1: Données historiques avec les variantes du SARS-CoV-2



Annexe 2: signal et lignées séquencées du SRAS-CoV-2 dans les eaux usées



Annexe 3: Documentation technique

Ce document a pour but de fournir des informations de base sur le rapport mensuel des eaux usées du CCNMI. Nous y décrivons les étapes pour produire les données des eaux usées, modéliser les niveaux et les tendances de SRAS-CoV-2, et rapporter des commentaires.

Collecte d'échantillons: Les eaux usées sont prélevées à partir de nombreux sites dans les villes à travers le pays. Chaque ville a un nombre différent de sites d'où les échantillons sont collectés (Tableau 1). De plus, chaque site a un calendrier différent de prélèvement et d'expédition des échantillons; par exemple, les sites de Winnipeg sont échantillonnés plus fréquemment que ceux des autres villes (Tableau 1). Le Tableau 1 montre le pourcentage de la population de la ville et de la province qui est échantillonné par les sites de surveillance des eaux usées. Les valeurs de ce tableau sont basées sur les données du Recensement canadien de 2021.

Tableau 1: Caractéristiques d'échantillonnage des régions

	Nombre de sites	Echantillons moyens par semaine	% couverture (Ville)	% couverture (Province)
Toronto	4	2.44	100.00	19.84
Vancouver	5	2.49	99.73	52.70
Edmonton	1	2.35	90.71	21.51
Montreal	2	2.71	100.00	24.14
Halifax	3	2.43	51.19	23.23
Winnipeg	3	6.02	79.79	49.62
Regina	1	2.20	97.17	19.43
St. John's	1	2.33	61.15	25.46

Génération de données: Les échantillons sont traités par le Laboratoire National de Microbiologie à Winnipeg. Des tests de réaction en chaîne par polymérase quantitative à transcriptase inverse (RT-qPCR) sont utilisés pour quantifier la quantité de génome de SRAS-CoV-2 présente dans les échantillons, mesurée en copies de génome par ml (gcp/ml ; axe vertical ci-dessus). Tous les échantillons sont effectués en double pour assurer la stabilité des mesures. Cependant, les eaux usées sont un échantillon complexe ; des réactions PCR inhibées, des changements rapides des quantités de génome et des aberrations temporelles sont fréquents, et peuvent entraîner des incertitudes dans les données. Nous travaillons avec le LNM pour identifier ces incohérences et les signaler dans les mises à jour mensuelles.

Modélisation des données:

Les niveaux: Les données issues des tests RT-qPCR sont collectées chaque semaine et ajoutées à notre base de données. Des seuils d'activité sont calculés à partir de ces données pour déterminer les niveaux faibles, moyens et élevés de la concentration pour chaque région. Les valeurs faibles sont définies comme étant en dessous du 25ème centile historique depuis l'émergence d'Omicron ; les valeurs élevées sont définies comme étant au-dessus du 75ème centile historique sur la même période; les valeurs comprises entre les 25ème et 75ème centiles sont considérées comme moyennes.

Les tendances: Les tendances sont calculées à l'aide de fonctions polynomiales ajustées aux données des six mois précédents. La pente moyenne (taux de variation) des fonctions au cours du mois précédent fournit un indice de tendance qui correspond (approximativement) à la variation des niveaux déclarés (augmentation, stabilité ou diminution). Cependant, l'indice nécessite une certaine interprétation avant d'être rapporté. L'équipe de modélisation, ainsi que le LNM, observent les données récentes, les indices de tendance et les graphiques polynomiaux pour déterminer les tendances récentes rapportées dans nos mises à jour mensuelles.