

Recommandations pour la surveillance du variant B.1.617 du SRAS-CoV-2 au Québec

10 septembre 2021, version 1.0

Résumé

En raison de la situation sanitaire internationale et de la prédominance mondiale du variant de lignée B.1.617.2 (delta) ayant émergé en Inde, le Comité d'experts en vigie génomique (CEVG) du SRAS-CoV-2 de l'Institut national de santé publique du Québec (INSPQ) recommande de maintenir le variant delta (et ses sous-lignées AY*) dans la liste des variants préoccupants du SRAS-CoV-2 au Québec. En accord avec la reclassification de l'Organisation mondiale de la santé (OMS) et en raison de leur relative faible occurrence, le CEVG recommande de rétrograder les variants B.1.617.1 (kappa) et B.1.617.3 dans la liste des variants d'intérêt.

Reclassification des variants B.1.617.1 (kappa), B.1.617.2 (delta) et B.1.617.3

L'Agence de santé publique d'Angleterre, *Public Health England* (PHE), a annoncé le 7 mai 2021 que le variant B.1.617.2 (delta) est désormais classé comme un variant préoccupant (VOC : *variant of concern*), tandis que les deux autres lignées (B.1.617.1 (kappa) et B.1.617.3) demeurent des variants d'intérêt (VOI : *variant of interest* ou VUI : *variant under investigation*). Cette décision s'appuie sur des données phylogénétiques et épidémiologiques de transmissibilité accrue. Une mise à jour de ces données par PHE le 11 juin 2021 évalue le variant B.1.617.2 (delta) comme étant 60 % plus transmissible que le variant B.1.1.7 (alpha). Une plus grande transmissibilité a également été démontrée, mais dans une moindre mesure, pour la lignée B.1.617.1 (kappa), (*PHE, technical briefing 18*)¹⁵.

Le 8 mai 2021, l'OMS a annoncé que le variant B.1.617 incluant ses trois lignées (B.1.617.1, B.1.617.2 et B.1.617.3) est désormais classifié comme un variant préoccupant. L'avis officiel a été publié le 11 mai 2021 (*Weekly epidemiological update on COVID-19, 11 may 2021*). L'avis précise que, puisque plusieurs juridictions n'ont pu distinguer les trois sous-lignées, et que des informations épidémiologiques de qualité moyenne existent quant à la transmissibilité des lignées B.1.617.1 (kappa) et B.1.617.2 (delta), il a été décidé de placer la lignée parentale et ses sous-lignées sur la liste des variants préoccupants.

L'Agence de la santé publique du Canada (ASPC) a communiqué le 12 mai 2021 avec les laboratoires de santé publique des provinces et territoires pour signifier son intention de placer l'ensemble des lignées du variant B.1.617 sur la liste des variants préoccupants. L'identification des trois lignées devra dorénavant être rapportée à l'ASPC.

Le 1^{er} juin 2021, l'OMS a mis à jour sa classification des trois lignées du variant B.1.617. Ainsi, la lignée B.1.617.2 (delta) et ses sous-lignées AY* sont toujours considérées comme des VOC à cause de leur plus grande transmissibilité et du nombre croissant de pays rapportant la présence de ce variant sur leur territoire, alors que la lignée B.1.617.1 (kappa) a été rétrogradée en variant d'intérêt (VOI : *variant of interest*) car bien

qu'étant plus transmissible, il apparaît que sa prévalence mondiale semble diminuer. La lignée B.1.617.3 n'est, quant à elle, plus considérée ni comme un VOC ni comme un VOI par l'OMS en raison du faible nombre de données disponibles (*Weekly epidemiological update on COVID-19, Edition 42, 1 June 2021*).

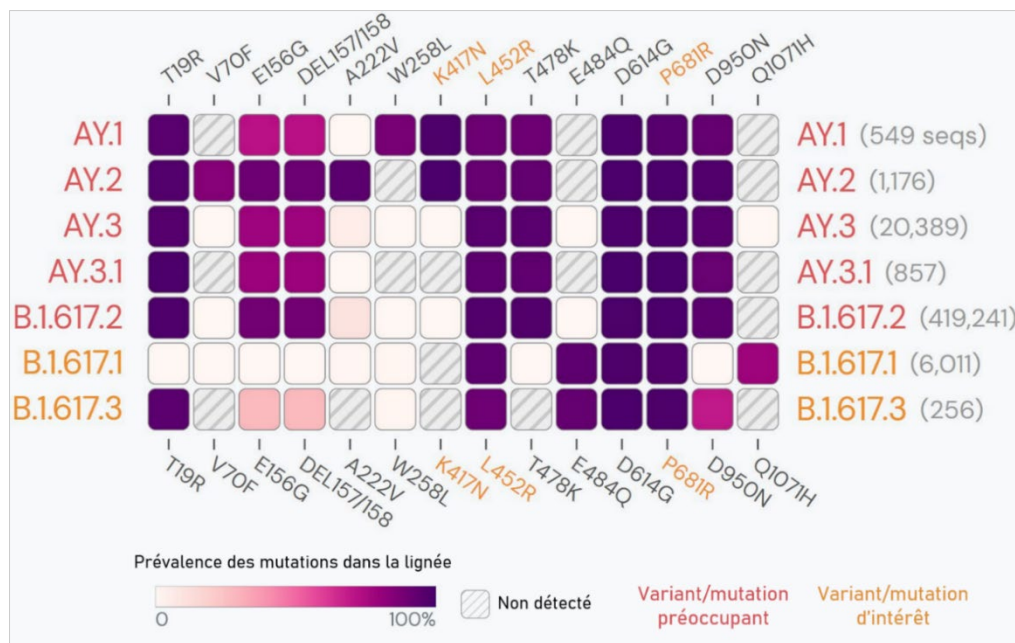
Le 15 juin 2021, l'ASPC a mis à jour son site internet, et actuellement, seule la lignée B.1.617.2 (delta) est considérée comme un variant préoccupant. Les lignées B.1.617.1 (kappa) et B.1.617.3 ont été rétrogradées au rang de variants d'intérêt.

Épidémiologie des variants B.1.617 et leurs sous-lignées

Le variant B.1.617 a été détecté en Inde pour la première fois le 4 juin 2020 (B.1.617.2 [delta], Outbreak.info, GISAID) et a, par la suite, été détecté dans plusieurs pays, dont le Canada. Suite à l'analyse d'un plus grand nombre de séquences provenant de cette lignée et à la diversité génétique des séquences, la lignée parentale B.1.617 a été divisée phylogénétiquement en trois sous-lignées, soit B.1.617.1 (kappa), B.1.617.2 (delta) et B.1.617.3. Récemment, de nouvelles analyses ont permis l'identification de quatre nouvelles sous-lignées de la lignée B.1.617.2 (delta) qui ont été désignées AY* (exemple : AY.1, AY.2, ...). Étant des sous-lignées d'un variant préoccupant (delta), elles sont aussi considérées préoccupantes et sont également nommées delta. Lorsque non précisé, les chiffres relatifs à la lignée B.1.617.2 (delta) incluent par défaut les chiffres des sous-lignées AY* en plus de B.1.617.2. Toutes les sous-lignées de la lignée parentale B.1.617 sont porteuses de la mutation L452R ainsi que de la mutation P681R sur la protéine du gène de la spicule (protéine S) (figure 1). La mutation E484Q est aussi présente dans les lignées B.1.617.1 (kappa) et B.1.617.3, mais elle est absente de la lignée B.1.617.2 et ses sous-lignées AY* (delta) (figure 1).

Il est important de garder à l'esprit que le virus continue d'évoluer et que le profil de mutations des lignées peut changer dans le temps. De plus, la mutation L452R est présente chez d'autres variants, dont deux classés comme variants d'intérêt aux États-Unis de lignées B.1.427/ B.1.429 (Epsilon).

Figure 1 Mutations retrouvées dans la séquence de la protéine S des sous-lignées du variant B.1.617 (présentes pour au moins 75 % des souches téléversées)



Modifiée depuis Outbreak.info, GISAID, 13 août 2021.

Dans le monde, en se basant sur les données de séquençage du 13 août 2021, la lignée B.1.617.2 (delta) et ses sous-lignées sont retrouvées dans plus de 142 pays¹ et sont majoritairement présentes aux États-Unis (95,9 % des cas séquencés dans les quatre dernières semaines) et au Royaume-Uni (99,2 %) (source : base de données GISAID). Au Canada, en date du 30 juillet 2021, des cas de variants B.1.617.2 (delta) ont été rapportés dans dix provinces et deux des trois territoires. En date de la semaine du 8 août 2021, 91 % des échantillons séquencés reportés par l'ASPC appartenaient à la lignée B.1.617.2 (delta)². Au Québec, en date du 10 septembre 2021, un total cumulatif de 2218 cas appartenant à la lignée B.1.617.2 (delta) ont été confirmés par séquençage depuis le 28 mars 2021. Sur la même période, seuls six cas de la lignée B.1.617.1 (kappa) et un cas de la lignée B.1.617.3 ont été détectés et confirmés par séquençage. Leur dernière détection au Québec remonte à la semaine du 8 mai 2021.

Préoccupations associées au variant B.1.617.2

Selon des études de laboratoire, deux mutations de la protéine de spicule, L452R et E484Q, se sont révélées préoccupantes en raison de leur potentiel d'échappement immunitaire³⁻⁶. Des études épidémiologiques menées par *Public Health England* (PHE), et confirmées par plusieurs autres travaux de recherche internationaux, confirment la plus grande transmissibilité du variant B.1.617.2 (delta) par rapport au variant B.1.1.7 (alpha). De plus, en Inde, l'augmentation de la proportion des lignées B.1.617.1 (kappa) et B.1.617.2 (delta) par rapport aux autres variants circulants pointe vers une transmissibilité accrue de ces deux lignées comparativement à B.1.1.7 (alpha).

Le variant B.1.617.2 (delta) serait également associé à une plus grande gravité de la maladie (risque accru d'hospitalisation) et d'une diminution de l'efficacité de la vaccination⁷⁻⁹. En effet, lorsque comparé à la souche de référence (B.1), une légère diminution de la neutralisation par les anticorps contre le variant B.1.617.2 (delta) a été observée en laboratoire à partir du plasma de personnes à la suite d'une infection naturelle (2,4 à 4,1 fois) ou vaccinées (1,6 à 2,4 fois)¹⁰. De plus, des données préliminaires de trois études¹¹⁻¹³ suggèrent une diminution du pouvoir de neutralisation des anticorps contre le variant B.1.617.1 (kappa) comparativement à la souche de référence (bien que l'impact clinique de ces observations soit incertain) ainsi qu'une diminution de l'efficacité d'un anticorps monoclonal, tel que le bamlanivimab, utilisé dans le traitement de la COVID-19. Selon une étude d'efficacité vaccinale, après une dose du vaccin à ARNm Pfizer-BioNTech l'efficacité était nettement plus faible chez les personnes présentant le variant delta (30,7 %) que chez celles présentant le variant alpha (48,7 %). L'efficacité de la deuxième dose était de 93,7 % chez les personnes infectées par le variant alpha et de 88 % chez les personnes présentant le variant delta¹⁴. Les données cliniques probantes soutenant le maintien des variants B.1.617.1 (kappa) et B.1.617.3 dans la liste des variants préoccupants sont cependant absentes pour l'instant.

Recommandations

Par souci de cohérence avec l'ASPC, le CEVG a proposé que les lignées B.1.617.1 (kappa) et B.1.617.3 soient rétrogradées et placées sur la liste des variants d'intérêt. Seule la lignée B.1.617.2 (delta) reste considérée comme un variant préoccupant au Québec.

Compte tenu de la situation sanitaire internationale et de la progression actuelle des cas du variant de la lignée B.1.617.2 (delta) au Québec, le CEVG du SRAS-CoV-2 de l'INSPQ recommande de maintenir le classement de la lignée B.1.617.2 (delta) et de ses sous-lignées AY* comme variants préoccupants, et de les maintenir sous une surveillance rehaussée. Le CEVG recommande que les lignées B.1.617.1 (kappa) et B.1.617.3 soient rétrogradées en variants d'intérêt.

Définitions

Lignée : un ensemble de virus descendant d'une même souche ancestrale.

Sous-lignée : subdivision d'une lignée descendant également d'une même souche ancestrale.

Informations supplémentaires

Définitions pour la vigie sanitaire des variants du SRAS-CoV-2 et classification des lignées détectées au Québec. ([lien](#))

Revue de la littérature scientifique sur le variant delta : transmission, virulence et efficacité vaccinale. ([lien](#))

Références

1. Weekly epidemiological update on COVID-19 - 8 June 2021. <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---8-june-2021>.
2. Agence de la santé publique du Canada. Mise à jour quotidienne sur l'épidémiologie de la COVID-19. *aem* <https://sante-infobase.canada.ca/covid-19/resume-epidemiologique-cas-covid-19.html#VOC> (2020).
3. Aj, G. *et al.* Complete Mapping of Mutations to the SARS-CoV-2 Spike Receptor-Binding Domain that Escape Antibody Recognition. *Cell host & microbe* **29**, (2021).
4. Q, L. *et al.* The Impact of Mutations in SARS-CoV-2 Spike on Viral Infectivity and Antigenicity. *Cell* **182**, (2020).
5. Z, L. *et al.* Identification of SARS-CoV-2 spike mutations that attenuate monoclonal and serum antibody neutralization. *Cell host & microbe* **29**, (2021).
6. Wang, Z. *et al.* mRNA vaccine-elicited antibodies to SARS-CoV-2 and circulating variants. *bioRxiv* 2021.01.15.426911 (2021) doi:10.1101/2021.01.15.426911.
7. Wall, E. C. *et al.* Neutralising antibody activity against SARS-CoV-2 VOCs B.1.617.2 and B.1.351 by BNT162b2 vaccination. *The Lancet* **0**, (2021).
8. Investigation of SARS-CoV-2 variants of concern: variant risk assessments. *GOV.UK* <https://www.gov.uk/government/publications/investigation-of-sars-cov-2-variants-of-concern-variant-risk-assessments>.
9. Bernal, J. L. *et al.* Effectiveness of COVID-19 vaccines against the B.1.617.2 variant. *medRxiv* 2021.05.22.21257658 (2021) doi:10.1101/2021.05.22.21257658.
10. Chen, X. *et al.* Neutralizing antibodies against SARS-CoV-2 variants induced by natural infection or vaccination: a systematic review and pooled meta-analysis. *Clinical Infectious Diseases* (2021) doi:10.1093/cid/ciab646.
11. Yadav, P. D. *et al.* Neutralization of variant under investigation B.1.617 with sera of BBV152 vaccinees. *bioRxiv* 2021.04.23.441101 (2021) doi:10.1101/2021.04.23.441101.
12. Edara, V.-V. *et al.* Infection and vaccine-induced neutralizing antibody responses to the SARS-CoV-2 B.1.617.1 variant. *bioRxiv* 2021.05.09.443299 (2021) doi:10.1101/2021.05.09.443299.
13. Ferreira, I. *et al.* SARS-CoV-2 B.1.617 emergence and sensitivity to vaccine-elicited antibodies. *bioRxiv* 2021.05.08.443253 (2021) doi:10.1101/2021.05.08.443253.
14. Lopez Bernal, J. *et al.* Effectiveness of Covid-19 Vaccines against the B.1.617.2 (Delta) Variant. *N Engl J Med* **385**, 585–594 (2021).
15. Investigation of SARS-CoV-2 variants of concern: technical briefings. *GOV.UK* <https://www.gov.uk/government/publications/investigation-of-novel-sars-cov-2-variant-variant-of-concern-20201201>.

Recommandations pour la surveillance du variant B.1.617 du SRAS-CoV-2 au Québec

AUTEURS

Comité d'experts en vigie génomique du SRAS-CoV-2

Judith Fafard, M.D., FRCPC, médecin-conseil
Sandrine Moreira, Ph. D., conseillère scientifique spécialisée
Inès Levade, Ph. D., conseillère scientifique spécialisée
Annabelle Mouammine, Ph. D., coordonnatrice de la recherche
Laboratoire de santé publique du Québec

Christophe Garenc, Ph. D., conseiller scientifique spécialisé
Rodica Gilca, M.D., Médecin spécialiste
Direction des risques biologiques et de la santé au travail

Grégory Léon, Ph. D. conseiller scientifique spécialisé
Bureau d'information et d'études en santé des populations

SOUS LA DIRECTION

Michel Roger, M.D., Ph. D., FRCPC, directeur médical,
Laboratoire de santé publique du Québec

RÉVISEURS

Comité d'experts en vigie génomique du SRAS-CoV-2

MISE EN PAGE

Kim Bétournay, agente administrative
Laboratoire de santé publique du Québec

Ce document est disponible intégralement en format électronique (PDF) sur le site Web de l'Institut national de santé publique du Québec au : <http://www.inspq.qc.ca>.

Les reproductions à des fins d'étude privée ou de recherche sont autorisées en vertu de l'article 29 de la Loi sur le droit d'auteur. Toute autre utilisation doit faire l'objet d'une autorisation du gouvernement du Québec qui détient les droits exclusifs de propriété intellectuelle sur ce document. Cette autorisation peut être obtenue en formulant une demande au guichet central du Service de la gestion des droits d'auteur des Publications du Québec à l'aide d'un formulaire en ligne accessible à l'adresse suivante : <http://www.droitauteur.gouv.qc.ca/autorisation.php>, ou en écrivant un courriel à : droit.auteur@cspq.gouv.qc.ca.

Les données contenues dans le document peuvent être citées, à condition d'en mentionner la source.

© Gouvernement du Québec (2021)

N° de publication : 3170

**Institut national
de santé publique**

Québec

