

Recommandations pour rehausser la surveillance de la lignée B.1.1.529 (Omicron) du SRAS-CoV-2 au Québec

10 décembre 2021, version 1.0

Résumé

En raison de l'augmentation récente du nombre de cas détectés de la lignée B.1.1.529 et de ses sous-lignées (Omicron) au niveau international, d'un nombre élevé de mutations préoccupantes au sein de cette lignée, de sa première détection au Québec et de son classement comme variant préoccupant par plusieurs organismes de santé publique, dont l'Organisation mondiale de la Santé (OMS) et l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC), le Comité d'experts en vigie génomique (CEVG) du SRAS-CoV-2 au Québec de l'Institut national de santé publique du Québec (INSPQ) a recommandé le 30 novembre dernier d'inclure dès maintenant le variant B.1.1.529 (Omicron) dans la liste des variants préoccupant du SRAS-CoV-2 au Québec. Cette nouvelle classification en variant préoccupant implique une surveillance au moyen du séquençage du génome entier (SGE) des voyageurs et de prélèvements ciblés, des analyses fonctionnelles du virus, des mesures de santé publique rehaussées afin d'en limiter la propagation, ainsi qu'une veille attentive de la littérature scientifique.

Mise en contexte et situation internationale

Le 25 novembre 2021, un nouveau variant du SRAS-CoV-2 de lignée B.1.1.529 a été rapporté en conférence de presse par la direction de la santé publique de la République d'Afrique du Sud en raison de l'augmentation exponentielle des cas de la COVID-19 déclarés¹ (1200 nouveaux cas en 24 heures ont été enregistrés le 24 novembre 2021, contre une centaine au début du mois). Le 26 novembre 2021, l'OMS a désigné ce variant sous l'appellation Omicron et l'a classifié comme variant préoccupant².

En date du 10 décembre 2021, la présence de cette lignée a été confirmée par séquençage de génome entier dans plus d'une cinquantaine de pays, incluant l'Afrique du Sud (n = 398 cas confirmés) et le Royaume-Uni (n = 334) (source : GISAID). Grâce à l'augmentation du nombre de séquences génomiques disponibles (total de 1104 en date du 8 décembre, source : GISAID), deux sous-lignées de ce variant ont été identifiées. Ces deux sous-lignées, nommée BA.1 et BA.2, présentent certaines différences au niveau des mutations touchant le gène de la protéine de spicule, tel que l'absence de la délétion $\Delta 69-70$ chez la sous-lignée BA.2.

Au Canada, en date du 9 décembre 2021, 85 cas ont été confirmés par séquençage dans 7 provinces (Alberta, Colombie-Britannique, Manitoba, Ontario, Saskatchewan, Yukon et Québec).

Au Québec, en date du 9 décembre 2021, 5 cas du variant Omicron ont été confirmés par séquençage. Il s'agissait de voyageurs. De plus, 5 cas présumptifs ont été détectés par criblage et en attente de confirmation par séquençage.

Préoccupations associées à la lignée B.1.1.529

Pour l'instant, l'inquiétude à l'égard de cette lignée est due à sa détection dans plusieurs pays du monde et à ses nombreuses mutations.

Le variant Omicron porte 50 mutations dans son génome comparé à la souche de référence Wuhan-Hu-1, dont 26 à 34 dans la protéine de spicule (*Spike*). À noter que plusieurs de ces mutations ont été retrouvées chez les variants préoccupants (Alpha, Bêta, Gamma et Delta), notamment dans le domaine de liaison au récepteur cellulaire ACE2 du spicule. En laboratoire (*in vitro*), ces mutations sont associées à une infectiosité accrue (N501Y, P681H)^{3,4} ou à un échappement immunitaire (K417N, N440K, G446S, S477N, E484A, Q493K)⁵⁻¹³.

À noter que la mutation en position 484 dans la protéine de spicule du variant B.1.1.529 (E484A) est différente de celle des variants Bêta et Gamma (E484K).

Plusieurs autres mutations moins familières pour les scientifiques devront être caractérisées afin d'en déterminer les impacts sur le phénotype du virus (notamment pour les mutations A67V, Δ69-70, T95I, G142D/Δ143-145, Δ211/L212I, ins214EPE).

Selon une évaluation de risque du *European Centre for Disease Prevention and Control* (ECDC), plus de données sur ce variant sont nécessaires pour se prononcer sur sa transmissibilité, sa virulence ou l'efficacité des vaccins contre la COVID-19 contre celui-ci.

Impact sur la gravité de la maladie

Selon un rapport de l'OMS, en date du 28 novembre, aucun cas de décès lié à ce variant n'a été rapporté¹⁴. On ne sait pas non plus si l'infection avec ce variant entraîne une maladie plus grave que les infections par d'autres variants. On remarque une augmentation des hospitalisations en Afrique du Sud, ce qui était attendu en raison de l'augmentation importante et rapide des cas. Il est cependant trop tôt pour se prononcer sur la virulence du variant Omicron par rapport au variant Delta : des études plus poussées sont requises.

Impact sur la transmission

En Afrique du Sud, le variant Omicron se transmet rapidement et serait plus contagieux que le variant Delta. Certaines analyses préliminaires de l'évolution des infections en Afrique du Sud ont permis d'estimer que le variant Omicron pourrait avoir un taux de reproduction de 3 à 4 fois plus élevé que celui du variant Delta¹⁵. Des études de laboratoire et des modélisations de la protéine du spicule suggèrent que les mutations présentes peuvent augmenter la liaison aux cellules humaines^{3,4}.

Impact sur l'efficacité des vaccins et anticorps monoclonaux

Des études en cours visent à évaluer l'impact potentiel d'Omicron sur l'efficacité des vaccins et des anticorps monoclonaux contre la COVID-19. Le grand nombre de mutations retrouvées dans Omicron comparativement à la souche de référence, qui initialement a été utilisée pour développer ces vaccins et traitements, laisse présager que leurs efficacités respectives pourraient être réduites^{16,17}.

Une étude réalisée sur la population sud-africaine présente une première indication que ce variant serait davantage capable de contourner l'immunité acquise par une infection que les variants précédents, avec un risque de réinfection constaté trois fois supérieur par rapport aux vagues liées aux variants Beta et Delta¹⁸.

Classification de la lignée B.1.1.529 (Omicron)

Avant de le classer comme variant préoccupant et de lui attribuer le nom de la lettre grecque Omicron, l'OMS a désigné le variant B.1.1.529 comme variant sous surveillance le 24 novembre 2021. Le 25 novembre, au Royaume-Uni, le *UK Health Security Agency* a désigné cette lignée comme variant faisant l'objet d'une surveillance avec une très haute priorité (VUI-21-NOV-01), faisant de ce variant le seul ayant cette désignation à date¹⁹. Cette lignée a aussi été déclarée variant préoccupant par l'ECDC le 26 novembre 2021²⁰.

L'ASPC a communiqué le 28 novembre 2021 durant le Comité consultatif technique des sciences et des connaissances (*technical advisory committee*) avec les laboratoires de santé publique des provinces et territoires pour signifier son intention de placer le variant B.1.1.529 (Omicron) sur la liste des variants préoccupants.

Le CEVG a recommandé lors de sa rencontre du 30 novembre 2021 de placer le variant B.1.1529 (Omicron) sur la liste des variants préoccupant au Québec.

Lors d'une classification d'un variant en variant préoccupant, les actions en santé publique suivantes peuvent être posées :

- ▶ Les variants préoccupants peuvent faire l'objet d'interventions prioritaires en santé publique envers les cas et leurs contacts dans le but d'en limiter (réduire ou retarder) la propagation dans la population.
- ▶ Les laboratoires de microbiologie désignés et le LSPQ doivent rapporter aux DSPublique régionales les résultats des lignées détectées par criblage (résultat présomptif) ou par SGE (confirmation).
- ▶ Les variants préoccupants doivent être inclus dans les statistiques de vigie; cette décision est prise en concertation avec la Direction de la vigie sanitaire (DVS) du ministère de la Santé et des Services sociaux (MSSS).
- ▶ La capacité de détection des variants préoccupants par les laboratoires de microbiologie désignés peut être rehaussée.
- ▶ En vigie génomique, une action rehaussée par SGE et des analyses fonctionnelles du SRAS-CoV-2 (virulence, immunité et autres), en conjonction avec les investigations épidémiologiques et cliniques appropriées peuvent être réalisées.

Recommandations

Considérant la situation internationale, le nombre élevé de mutations préoccupantes détectées chez cette lignée et par souci de cohérence avec et l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC), le Comité d'experts en vigie génomique (CEVG) du SRAS-CoV-2 au Québec de l'Institut national de santé publique du Québec (INSPQ) recommande de classer comme variant préoccupant la lignée B.1.1.529 et ses sous-lignées (Omicron). Cette classification a aussi pour but de favoriser des actions de santé publique nécessaires pour détecter plus rapidement une menace potentielle à la population. Un suivi serré de l'évolution des connaissances à son sujet ainsi que sa progression au Québec par l'intermédiaire de la vigie génomique sera effectué et des mises à jour seront faites au besoin.

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.

Variant : sous-type de virus dont le génome diffère par une ou plusieurs mutations par rapport au virus de référence.

Variant d'intérêt : variant ayant un impact épidémiologique ou clinique potentiel(s), qui est sous surveillance.

Variant préoccupant : variant d'intérêt ayant un impact épidémiologique ou clinique démontré(s), qui est sous surveillance rehaussée.

Informations supplémentaires

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

Références

1. Alerts. NICD <https://www.nicd.ac.za/media/alerts/>.
2. 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](https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-(b.1.1.529)-sars-cov-2-variant-of-concern).
3. Gong, S. Y. *et al.* Contribution of single mutations to selected SARS-CoV-2 emerging variants Spike antigenicity. 2021.08.04.455140 <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2021.08.04.455140v1> (2021) doi:10.1101/2021.08.04.455140.
4. Saito, A. *et al.* SARS-CoV-2 spike P681R mutation, a hallmark of the Delta variant, enhances viral fusogenicity and pathogenicity. 2021.06.17.448820 <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2021.06.17.448820v2> (2021) doi:10.1101/2021.06.17.448820.
5. Starr, T. N. *et al.* Prospective mapping of viral mutations that escape antibodies used to treat COVID-19. 2020.11.30.405472 <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.11.30.405472v1> (2020) doi:10.1101/2020.11.30.405472.
6. Rappazzo, C. G. *et al.* Broad and potent activity against SARS-like viruses by an engineered human monoclonal antibody. *Science* **371**, 823–829 (2021).
7. Weisblum, Y. *et al.* Escape from neutralizing antibodies by SARS-CoV-2 spike protein variants. *eLife* **9**, e61312 (2020).
8. Baum, A. *et al.* Antibody cocktail to SARS-CoV-2 spike protein prevents rapid mutational escape seen with individual antibodies. *Science* **369**, 1014–1018 (2020).
9. Clark, S. A. *et al.* SARS-CoV-2 evolution in an immunocompromised host reveals shared neutralization escape mechanisms. *Cell* **184**, 2605–2617.e18 (2021).
10. Liu, Z. *et al.* Identification of SARS-CoV-2 spike mutations that attenuate monoclonal and serum antibody neutralization. *Cell Host Microbe* **29**, 477–488.e4 (2021).
11. Greaney, A. J. *et al.* Comprehensive mapping of mutations in the SARS-CoV-2 receptor-binding domain that affect recognition by polyclonal human plasma antibodies. *Cell Host & Microbe* **29**, 463–476.e6 (2021).
12. Chen, R. E. *et al.* Resistance of SARS-CoV-2 variants to neutralization by monoclonal and serum-derived polyclonal antibodies. *Nat Med* **27**, 717–726 (2021).
13. Zhang, Q. *et al.* Potent and protective IGHV3-53/3-66 public antibodies and their shared escape mutant on the spike of SARS-CoV-2. *Nat Commun* **12**, 4210 (2021).
14. Enhancing Readiness for Omicron (B.1.1.529): Technical Brief and Priority Actions for Member States. [https://www.who.int/publications/m/item/enhancing-readiness-for-omicron-\(b.1.1.529\)-technical-brief-and-priority-actions-for-member-states](https://www.who.int/publications/m/item/enhancing-readiness-for-omicron-(b.1.1.529)-technical-brief-and-priority-actions-for-member-states).
15. NATIONAL COVID-19 DAILY REPORT. NICD <https://www.nicd.ac.za/diseases-a-z-index/disease-index-covid-19/surveillance-reports/national-covid-19-daily-report/>.
16. Variant Omicron: Les vaccins existants seront moins efficaces, selon le patron de Moderna. *La Presse* (2021).
17. Omicron pourrait réduire l'efficacité du traitement de Regeneron. *La Presse* (2021).
18. Pulliam, J. R. C. *et al.* Increased risk of SARS-CoV-2 reinfection associated with emergence of the Omicron variant in South Africa. <http://medrxiv.org/lookup/doi/10.1101/2021.11.11.21266068> (2021) doi:10.1101/2021.11.11.21266068.
19. Oral Statement on B.1.1.529 variant. GOV.UK <https://www.gov.uk/government/speeches/oral-statement-on-b11529-variant>.
20. ECDC publishes Threat assessment brief - Emergence of SARS-CoV-2 variant B.1.1.529. *European Centre for Disease Prevention and Control* <https://www.ecdc.europa.eu/en/news-events/ecdc-publishes-threat-assessment-brief-emergence-sars-cov-2-variant-b11529> (2021).

Recommandations pour rehausser la surveillance de la lignée B.1.1.529 (Omicron) du SRAS-CoV-2 au Québec

AUTEURS

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

Inès Levade, Ph. D., conseillère scientifique spécialisée
Laboratoire de santé publique du Québec

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

Hany Geagea, Ph. D., conseiller scientifique spécialisé
Direction des risques biologiques et de la santé au travail

Sandrine Moreira, Ph. D., conseillère scientifique spécialisée
Laboratoire de santé publique du Québec

SOUS LA DIRECTION

Judith Fafard, M.D., FRCPC, directrice médicale
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 : 3188

**Institut national
de santé publique**

Québec 