

Secrétariat général

PAR COURRIEL

Québec, le 25 mars 2022

[REDACTED]

**OBJET : Réponse – Demande d'accès aux documents**  
**N/Réf. (dossier) : 6410/2022-27**

[REDACTED]

La présente est en réponse à votre demande d'accès aux documents datée du 18 février 2022 en lien avec les sous-variants de la COVID-19, plus précisément :

1. « Svp fournir (a) une copie de tout plan ou recommandation de mesures sanitaires ou autres qui pourraient être appliquées dans l'éventualité d'une émergence d'un autre variant préoccupant du Covid-19 et/ou d'une autre vague, (b) de tout document discutant de ce plan ou recommandations. »

Réponse : L'Institut national de santé publique du Québec ne détient aucun document en lien avec un plan ou des recommandations liées spécifiquement à l'émergence d'un autre variant ou d'une autre vague. On ne peut prévoir des recommandations à l'avance puisqu'il faut s'ajuster en fonction du variant et de ses caractéristiques (transmissibilité, virulence, échappement vaccinal).

2. « Svp fournir toutes les données existantes sur les sous-variants du variant Omicron au Québec (je vise surtout les sous-variants BA.1, BA.2 et BA.3), notamment (a) la date du premier cas détecté pour chaque sous-variant, (b) le nombre de cas de chaque sous-variant, ventilées temporellement, (c) toutes les données quant à la virulence de chaque lignée. »

Réponse : Les données concernant les sous-lignées BA.1 et BA.2 sont en cours d'analyse et seront disponibles dans les prochains jours sur le site Web de l'Institut. L'information concernant la transmissibilité, la virulence et l'échappement immunitaire de ces sous-lignées sera aussi disponible dans les prochains jours.

3. « Svp fournir tout document en lien avec les questions suivantes : quelles analyses sont effectuées sur un échantillon séquencé? Ces analyses se limitent-elles à identifier la lignée du virus à la base de l'échantillon? (item vise l'INSPQ seulement) »

Réponse : Deux types de séquençage peuvent être utilisés au Laboratoire de santé publique du Québec. Le séquençage Sanger est une analyse de la séquence des différents nucléotides qui composent une fraction du génome d'un virus ciblé (ici le SRAS-CoV-2, à partir d'un échantillon positif), ce qui permet d'en détecter des variations génétiques et d'en identifier la lignée.

...2

Le séquençage du génome entier est une analyse d'un échantillon positif au SRAS-CoV-2 qui permet de séquencer l'entièreté du génome d'un virus et de générer de multiples lectures de séquence. Pour les travaux de vigie génomique, les échantillons sont généralement analysés par l'outil Pangolin dont le système de nomenclature des lignées intègre des méthodes statistiques et des critères épidémiologiques en fonction des mutations en présence afin de leur assigner une lignée et une sous-lignée.

Sur demande ou dans le cadre de projets particuliers, des analyses de mutations spécifiques peuvent être effectuées pour expliquer, par exemple, des échecs à des traitements. Lors d'éclosion, des analyses sont aussi effectuées pour calculer le nombre de différences (mutations génétiques) entre les échantillons.

De façon plus large, les données de séquences sont aussi utilisées pour des analyses visant à identifier de nouvelles lignées ou sous-lignées en émergence sur le territoire québécois ou canadien. Des études ont aussi été conduites pour établir si une personne avait été infectée par deux virus différents (cas de réinfection).

4. « Svp fournir les comptes-rendus des demandes médias entre le 1er janvier 2022 et le 15 février 2022. »

Réponse : Vous trouverez ci-joint les rapports quotidiens des demandes médias détenus par l'Institut pour la période visée. En vertu des articles 53, 54 et 59 de la Loi sur l'accès aux documents des organismes publics et sur la protection des renseignements personnels, les documents ont été caviardés puisqu'ils comportaient des renseignements personnels pour lesquels les personnes concernées n'ont pas consenti à leur communication.

Vous trouverez ci-annexée une note explicative concernant l'exercice du droit de recours en révision devant la Commission d'accès à l'information.

Veillez agréer, [REDACTED], l'expression de nos sentiments les meilleurs.

La responsable de l'accès aux documents,

[REDACTED]  
**Julie Dostaler**  
**Secrétaire générale et**  
**Directrice de la valorisation scientifique et qualité**

p. j. - Avis de recours

N/Réf. (correspondance) : 2022-8323