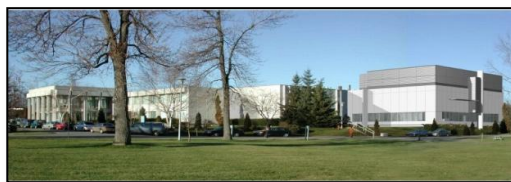




Institut national de santé publique du Québec
Vol. 13, no. 12, supplément, décembre 2014



Rapport sommaire du symposium *Les nouvelles approches de surveillance des maladies infectieuses – sous l'optique de la santé publique.*

Préambule

La surveillance en santé publique est définie comme un processus systématique de recueil, d'analyse, d'interprétation et de dissémination périodique des données relatives à la santé aux personnes concernées à des fins d'intervention, visant au contrôle et à la prévention de la morbidité et de la mortalité dans la population, en d'autres termes « l'information pour l'action ». Les méthodes traditionnelles de surveillance des maladies infectieuses (MI), dont celles basées sur la déclaration ou le signalement des cas, les enquêtes épidémiologiques et les résultats d'analyses de laboratoire (labovigilance), bien qu'elles aient déjà fait leurs preuves, peuvent bénéficier des nouvelles approches complémentaires développées au cours des dernières années.

Le Laboratoire de santé publique du Québec (LSPQ) de l'Institut national de santé publique du Québec (INSPQ) contribue de longue date aux fonctions de surveillance, tant par ses services d'expertise de laboratoire auprès des autorités de santé publique et de ses partenaires que par ses activités de labovigilance dans divers domaines, dont il est un des fers de lance.

Dans le cadre des festivités de la 120^e année de fondation du LSPQ, il est apparu pertinent de faire le point sur quelques unes de ces approches modernes en ce qui concerne les MI, sous l'optique de la santé publique, au moyen d'un symposium réunissant les principaux acteurs œuvrant en surveillance ou utilisant ses produits. Cette activité d'une journée (voir le programme à l'[annexe 1](#)) s'est déroulée le 22 mai 2014 à l'Université de Montréal (UdeM); elle a été réalisée en collaboration avec divers partenaires, soit l'UdeM (facultés de l'École de santé publique [ESPUM], de Médecine [Département de microbiologie, infectiologie et immunologie] et de Médecine vétérinaire) et la Direction des risques biologiques et de la santé au travail (DRBST) de l'INSPQ (voir la liste des membres du comité scientifique et organisateur à l'[annexe 2](#)).

Cent-huit participants y ont assistés, soit des médecins (MD) spécialistes en santé communautaire et en microbiologie-infectiologie, des MD omnipraticiens œuvrant en santé publique, des infirmiers et infirmières, des médecins vétérinaires (MV), des agent(e)s de planification, de programmation et de recherche, des chercheurs, enseignants et étudiants universitaires (UdeM, Université McGill et Université de Sherbrooke), des technologistes biomédicaux et des épidémiologistes, provenant du réseau de la santé publique (Directions de santé publique [DSP] des Agences de la santé et des services sociaux [ASSS] régionales, ministère de la Santé et des Services sociaux [MSSS], INSPQ et Agence de la santé publique du Canada [ASPC]), de la santé animale et de la salubrité alimentaire (ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec [MAPAQ]).



EXPERTISE
CONSEIL



INFORMATION



FORMATION



RECHERCHE
ÉVALUATION
ET INNOVATION



COLLABORATION
INTERNATIONALE



LABORATOIRES
ET DÉPISTAGE

Québec

L'objectif général de ce symposium était d'apprécier certaines approches et technologies novatrices de surveillance sous l'optique de la santé publique, leurs forces et faiblesses, ainsi que leurs possibilités d'application dans certains domaines des MI. Les objectifs spécifiques des conférences en plénière et des ateliers sont mentionnés sous chacune des rubriques ci-dessous. Les éléments essentiels présentés, ainsi que les conclusions et orientations suggérées pour le futur, le cas échéant, y sont résumés.

Conférences en plénière

Une conférence d'introduction décrivant le contexte a été suivie de quatre autres présentations sur les sujets suivants :

- génomique et méta-génomique;
- surveillance syndromique ou non-spécifique;
- géomatique et télé-épidémiologie;
- surveillance sentinelle.

Contexte (Cécile Tremblay, directrice scientifique, LSPQ, INSPQ)

Cette présentation, intitulée **Surveillance en maladies infectieuses – Vision d'avenir**, visait à mettre la table du symposium, en abordant les principaux éléments couverts au cours de la journée.

Il est fait état du contexte de la création de l'ancêtre du LSPQ (Laboratoire du Conseil provincial d'hygiène du Québec) en 1894, dans la foulée de la théorie microbienne mise de l'avant vers la fin du XIX^e siècle. Au cours des derniers 120 ans, on a assisté à une évolution majeure des méthodes employées dans le domaine de la microbiologie, passant des méthodes classiques pasteuriennes vers celles plus modernes et de dernier cri en génomique et métagénomique. Ces dernières disciplines révolutionnaires permettent de mieux comprendre les micro-organismes dans leur environnement, la transmission des gènes de virulence ainsi que les réseaux de transmission. L'étude du microbiome humain et ses interrelations avec le monde animal et végétal n'en est qu'à ses débuts et permet déjà d'entrevoir des percées majeures dans la compréhension de ces mécanismes et de la détermination des risques à la santé.

Dans ce contexte, il convient de repenser les approches de surveillance des MI. La liste des programmes de labovigilance et de surveillance épidémiologique impliquant la participation du LSPQ, en collaboration avec ses principaux partenaires, est présentée succinctement. Les principaux enjeux actuels sont les suivants : la santé est de juridiction nationale et régionale, alors que la mondialisation est à l'heure du jour; les microbes sont toujours étudiés individuellement, alors que les communautés microbiennes de l'environnement sont méconnues et méritent d'être explorées davantage; enfin, les systèmes de surveillance fonctionnent en modes autonomes et verticaux, alors que l'intégration transversale s'avère de plus en plus essentielle dans les divers domaines. Une mise en commun des expertises permettrait d'atteindre une vision davantage holistique de la surveillance des MI, sur les plans sociaux, démographiques, épidémiologiques, géomatiques, cliniques, génomiques et métagénomiques, tant chez l'humain et les animaux que dans les aliments et l'environnement.

Le projet d'Observatoire d'épidémiologie moléculaire (OEM) mis de l'avant en mai 2010 a pour objectif d'améliorer la performance des programmes de surveillance épidémiologique par la conciliation et l'intégration des signatures géniques et des données sociodémographique au moyen de la génomique et de la géomatique. Ce projet constitue une plateforme permettant l'entreposage, l'analyse et la diffusion des données appliquées à l'évolution du microbiome et du résistome des agents pathogènes microbiens dans le temps et l'espace. Les buts sont d'améliorer les tests diagnostiques et de contribuer à l'élaboration de stratégies de prévention et de contrôle des infections en temps opportun, au moyen de « l'intelligence épidémiologique ». Les étapes de création de l'OEM sont décrits (volets bioinformatique et de plateforme moléculaire).

Des exemples d'application de la génomique et de l'épidémiologie moléculaire en MI sont présentés, soit :

- sur le plan du diagnostic clinique, le séquençage poussé du génome du virus de l'immunodéficience humaine (VIH) permet de détecter des quasi-espèces portant des mutations de résistance et d'optimiser la thérapie antirétrovirale (TAR);
- les liens entre les cas, les véhicules, les sources ou les réservoirs peuvent être mieux étudiés et discriminés par le raffinement de la caractérisation des agents microbiens;
- de nouveaux agents pathogènes peuvent être découverts et les géotypes et facteurs de virulence sont davantage décrits.

Des modèles d'approches intégrées de surveillance collaborative sont décrits, par exemple celle du *public health grid* des *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC) des États-Unis, le Programme intégrée canadien de surveillance de la résistance aux antimicrobiens (PICRA) de l'ASPC et le Réseau des réseaux pancanadien d'information de laboratoire et d'intervention. Enfin, l'impact en termes économiques, de morbidité et de mortalité de la résistance des micro-organismes aux agents antimicrobiens est décrit, imposant un nouveau regard sur les MI sur le plan de guerre anti-microbienne, risquant d'être perdue, *versus* une écologie de la santé ayant probablement de meilleures chances de succès à long terme,

Génomique et méta-génomique (Morag Graham, Laboratoire national de microbiologie [LNM], ASPC)

Les objectifs *a priori* de cette conférence, intitulée **Exploiting genomics & metagenomics to benefit public health microbiology**, étaient :

- de démontrer les applications de la génomique et de la méta-génomique au regard de certains agents microbiens;
- de définir leurs forces et faiblesses en surveillance des MI.

Les principaux termes ont été définis, soit :

- génome (plan d'un micro-organisme inscrit dans son acide nucléique [ADN ou ARN], contenu dans des gènes et segments non-codants et organisé structurellement);
- génomique (technologie basée sur les acides nucléiques visant à caractériser le génome, par séquençage ou comparaison des séquences);
- méta-génomique (séquençage direct de matériel génique d'une communauté microbienne, sans culture préalable);
- microbiome (communauté microbienne non cultivée chez un hôte humain ou animal);
- bioinformatique (analyse des données biologiques assistée par ordinateur);
- mégadonnées (masse de données de formats et de sources variées);
- épidémiologie moléculaire (étude de la contribution des facteurs géniques et environnementaux à l'étiologie et la distribution des maladies, au moyen de la caractérisation moléculaire des acides nucléiques ou des acides aminés);
- phylogénétique (comparaison des séquences de gènes, des répétitions ou types moléculaire en utilisant des outils de visualisation; les liens sont inférés au moyens de branches et de matrices de distance, permettant de visualiser leur parenté et leur évolution);
- phylogénomique (adaptation de la phylogénétique au génome complet ou à une large portion de celui-ci).

L'épidémiologie moléculaire assiste les intervenants de santé publique entre autres par la détection des agrégats de cas, incluant ceux n'ayant pas de lien apparent entre eux ou à une source commune selon l'enquête épidémiologique, la mise en évidence de l'émergence de sous-types d'agents pathogènes et la documentation de l'élimination de souches particulières. Elle vise à répondre aux deux principales questions suivantes : Les isolats ou génomes microbiens sont-ils reliés? Sont-ils identiques?

On assiste au passage graduel de l'aire moléculaire à celle génomique grâce à la sophistication des technologies de laboratoire, dont une accélération des méthodes de séquençage, à des coûts plus abordables, et à une capacité croissante de la bioinformatique, permettant de gérer et d'analyser des mégadonnées de manière davantage intégrée.

Plusieurs exemples sont fournis pour illustrer l'application de la génomique dans le domaine des MI. Les méthodes d'épidémiologie moléculaire classiques (par exemple, celles supportées par le réseau *PulseNet*) ont une assise solide en termes d'uniformisation et d'archives historiques étendues à des fins d'interprétation des résultats, mais leur application est limitée au sous-typage des isolats et leurs pouvoirs de discrimination sont relativement faibles; celles basées sur le séquençage complet du génome sont en cours d'exploration, de calibration et de validation, mais leurs applications sont plus vastes (entre autres sous-typage, profil de résistance aux antimicrobiens, facteurs de virulence et de transmission, détection directe d'agents pathogènes connus, découverte de nouveaux micro-organismes, traçage des sources et véhicules de transmission) et leurs pouvoirs discriminant sont beaucoup plus grands.

Les enjeux majeurs dans le paradigme de la surveillance phylogénomique sont ceux de bioinformatique (conversion et intégration des mégadonnées, constitution des bases de données et convivialité des outils d'analyse), d'utilisation des informations générées (accumulation des connaissances sur la diversité normale des profils microbiens et critères d'interprétation contextuelle des résultats) et de communication et de partage de ces dernières en temps opportun.

Le projet IRIDA (*Integrated Rapid Infectious Disease Analysis*) est un réseau pancanadien réunissant des partenaires de laboratoire (centrés sur les tests), épidémiologistes (centrés sur les cas) et microbiologistes-infectiologues (centrés sur les patients) visant à intégrer les différents aspects d'épidémiologie génomique et collaborant avec d'autres organisations au niveau mondial.

Les méthodes de détection des agents pathogènes microbiens sans étape préalable de culture appliquées actuellement ou à venir ont plusieurs avantages (rapidité du diagnostic et de notification des cas, potentiel de meilleur accès aux tests et découverte d'un plus grand nombre de cas, coûts éventuellement moins élevés, facilité du prélèvement des échantillons, souvent meilleure sensibilité, détection d'une plus large variété d'agents) et inconvénients (résultats faux positifs, enquêtes inutiles de faux cas et de pseudo-éclosions, perte de certains tests de sous-typage ou de sensibilité aux antimicrobiens, artéfacts et coûts de surveillance), tant au niveau du patient qu'à celui populationnel, qu'il convient de garder à l'esprit.

Surveillance syndromique ou non-spécifique (Robert Allard et David Buckeridge, DSP, ASSS de Montréal)

Les objectifs *a priori* de ces deux conférences, intitulées **Le tableau de bord montréalais de vigie sanitaire** et **Syndromic surveillance**, étaient :

- d'illustrer les applications de la surveillance syndromique des MI chez l'humain;
- d'anticiper ses possibilités de développement.

La vigie ou veille sanitaire (définie comme un processus d'identification [détection et caractérisation] des menaces à la santé de la population à des fins de protection) traditionnelle exercée par la DSP de Montréal a comme principal objet les maladies à déclaration obligatoire (MADO). Les données des déclarations provenant des laboratoires et des MD ou autres déclarants et concernant des cas de MADO résidant dans cette région sociosanitaire (RSS) sont saisies dans le système d'information DCI-MI (dossier client informatisé des MI). Le DCI-MI permet de produire des rapports de surveillance (quotidien, mensuel et annuel) et l'affichage des informations pertinentes sous forme d'un tableau de bord, aidant à visualiser les écarts significatifs de fréquence des cas observés par rapport à celle attendue.

La surveillance syndromique (définie comme une « surveillance basée sur l'énumération d'agrégats de symptômes plutôt que de cas diagnostiqués » [Last JM. *A dictionary of public health*, 2007. Traduction libre]) ou « pré-diagnostic » est exercée dans la RSS 06 à partir de diverses sources, soit :

- motifs d'appels à Info-santé;
- nombre de transports ambulanciers;
- nombre d'inscriptions à l'urgence et d'admissions [par hôpital], nombre de décès;
- motifs de consultation à l'urgence (non disponible actuellement);
- diagnostics de départ de l'urgence (à venir).

Les incitatifs à son implantation ont été :

- les menaces de bioterrorisme;
- les décès par chaleur accablante;
- le développement des méthodes d'analyse d'agrégations temporelle et spatio-temporelle;
- le meilleur accès en temps réel ou opportun aux données d'intérêt.

Les informations sont aussi présentées sous forme d'un tableau de bord, avec les valeurs observées et leurs écarts statistiques avec celles historiques plus ou moins récentes. L'unité spatiale d'analyse est les trois premiers caractères du code postal, lorsque disponible; les analyses sont effectuées et illustrées graphiquement au moyen du logiciel *SaTScan*. Quelques exemples sont présentés.

Les perspectives de développement de ce type de surveillance à Montréal sont :

- la diversification des indicateurs (nouvelles sources de données et meilleure exploitation de celles existantes);
- la spécialisation de certains indicateurs en fonction des problèmes émergents;
- la réduction de la proportion de signaux faux positifs.

On distingue deux grandes classes de surveillance, soit :

- celle basée sur les indicateurs (risques identifiés [MADO et labovigilance], risques émergents [dont les syndromes] et non basé sur les soins);
- celle basée sur les événements (monitorage des actualités domestiques et internationales et des informations échangées dans les médias sociaux).

Quelques exemples de systèmes de surveillance syndromique sont présentés (*BioSense* des CDC américains, *SurSaUD*[®] [Système de surveillance des urgences et des décès] de l'InVs [Institut national de Veille sanitaire] de France).

Ses caractéristiques principales sont l'automatisation (capture automatique et transfert électronique des données), l'absence de déclarant ou de geste de signalement, la rapidité d'obtention des données et leur sensibilité élevée (alerte précoce), au dépend de leur spécificité (d'où le terme « non-spécifique »).

Ses sources sont multiples, dont :

- consultations aux départements d'urgence ou ambulatoire externe;
- ventes de médicaments avec ou sans ordonnance;
- appels téléphoniques aux centres antipoisons, aux lignes 911 ou de renseignements sur la santé;
- absentéisme en milieu scolaire ou au travail.

Certaines normes sont proposées pour les données essentielles à capturer sur les plans démographique, de consultation et d'entité surveillée. Chaque rencontre est classée en syndrome en utilisant des données pré-codées ou des expressions du langage naturel, au moyen de modèles ou d'algorithmes (noms de la condition de santé, synonymes et concepts reliés). La validité de détection des cas en termes de sensibilité, spécificité, valeurs prédictives positive et négative peut être bonne pour les grandes catégories de syndromes. L'analyse automatique ou *ad hoc* vise à détecter des aberrations, par méthodes temporelles ou spatio-temporelles, en établissant et ajustant des seuils visant à atteindre une sensibilité et une promptitude raisonnables tout en réduisant la fréquence des fausses alarmes.

Cette surveillance, ne remplaçant pas les méthodes traditionnelles, doit être liée à l'action. Des investigations des aberrations détectés doivent être anticipées. Des ententes pour l'accès et l'utilisation des données doivent être établies. Un cadre de recherche et d'évaluation de cette surveillance doit être prévu (mesures statistiques, performance, résultats obtenus, coûts et efficience du système).

Géomatique et télé-épidémiologie (Pascal Michel, Sciences des risques pour la santé publique, ASPC)

Les objectifs *a priori* de cette conférence, intitulée ***L'apport de la géomatique et de la télé-épidémiologie à la surveillance des maladies infectieuses***, étaient :

- de décrire les outils et méthodes pertinents au domaine de la géomatique et de la télé-épidémiologie;
- d'illustrer leur application à la surveillance des MI.

Quelques défis pour la surveillance des MI en santé publique au Canada sont mentionnés : un vaste territoire; des régions éloignées; plusieurs petites communautés; l'accès parfois limité aux professionnels de santé; une population en mouvement et un environnement changeant; des données populationnelles parfois non-disponibles ou inexactes.

Les technologies satellitaires peuvent être utiles pour affronter ces défis; on en distingue trois types, soit :

- de positionnement;
- de communication;
- de télédétection.

Les satellites de positionnement (basés sur le système de positionnement mondial ou *global positioning system* [GPS] en anglais) sont de haute précision, ont une couverture globale et fonctionnent sous toutes conditions météorologiques.

Ceux de communication, au cœur de la télésanté, ne nécessitant pas de réseau de communication terrestre, sont utiles en situations d'urgence, liés à l'Internet et essentielles en régions éloignées.

Ceux de télédétection servent d'observation de la planète (monitorage de l'atmosphère, des océans et des surfaces terrestres), de manière précise et constante, et mesurent les changements environnementaux et des populations humaines.

La géomatique (terme composite de géographie et d'informatique) vise à intégrer les moyens d'acquisition et de gestion des données à référence spatiale pour produire une information d'aide à la décision; le système d'information géographique (SIG) en est l'outil principal. Le SIG fonctionne en combinant des couches multiples de données, en particulier :

- la topologie et l'élévation;
- les images captées par satellite;
- les frontières;
- l'hydrographie;
- les réseaux routiers;
- les bâtiments et infrastructures;
- les événements (ex. : cas selon leurs latitudes et longitudes).

La télé-épidémiologie (que l'on pourrait définir comme l'application des technologies satellitaires à la science épidémiologique) permet d'effectuer des mesures de paramètres physiques indiquant un risque potentiel à la santé et de reconnaître des objets ou des caractéristiques du territoire observé.

Quelques exemples de géomatique et de télé-épidémiologie sont fournis (qualité de l'eau potable et de baignade, gestion des sinistres, observation du trafic aérien, investigation d'éclousions de MI, distribution d'insectes-vecteurs, surveillance de la qualité de l'air et étude de ses liens avec la morbidité et la mortalité, prédiction du statut nutritionnel des communautés, changements climatiques et flots de chaleur).

Sur le plan international, on mentionne plusieurs initiatives et regroupements d'organisations, tels que :

- le rapport sur l'*application des techniques spatiales à l'amélioration de la santé publique* des Nations Unies;
- l'UNOOSA (*United Nations Office for Outer Space Affairs*);
- le GEO (*Group on Earth Observations*).

Ces développements visent à rehausser les capacités de vigie et d'intervention en intégrant les technologies spatiales à celles de l'information, ainsi que les biotechnologies et l'épidémiologie aux programmes de santé publique.

Surveillance sentinelle (Danuta Skowronski, *British Columbia Centre for Disease Control* [BCCDC])

Les objectifs *a priori* de cette conférence, intitulée **Sentinel surveillance : a platform for signal detection and scientific investigation**, étaient :

- de comprendre les principes d'implantation de la surveillance sentinelle;
- d'illustrer son apport pour l'estimation de l'efficacité vaccinale (EV).

On décrit ici les réalisations du *Sentinel Physician Surveillance Network* (SPSN) en lien avec la surveillance de l'influenza (ou grippe) et l'évaluation de l'EV contre cette MI, un exemple éloquent du pont entre la surveillance et la recherche.

On désire aussi démontrer :

- que la surveillance, en plus de détecter des signaux, permet de générer des connaissances scientifiques;
- qu'un estimé valable de l'EV contre une MI peut être fourni par des études observationnelles, et non seulement par des essais expérimentaux randomisés;
- que les experts en épidémiologie et en microbiologie gagnent beaucoup à agir en partenariat;
- que les agences ou organisations gouvernementales peuvent contribuer à fournir des réponses promptes à des questions de recherche.

La surveillance des syndromes d'allure grippale (SAG ou *influenza-like illness* [ILI] en anglais) exige la contribution des laboratoires (dont ceux provinciaux), des épidémiologistes et des MD sentinelles pour la notification des cas, la confirmation du diagnostic clinique et la caractérisation des virus de l'influenza; le suivi de l'EV contre l'influenza a été ajouté aux activités de ce réseau au cours des récentes années.

Bien qu'un nombre important de canadiens soient vaccinés contre l'influenza annuellement, la performance réelle de ce vaccin est inconnue; or, les bénéfices de ce programme et le retour sur son investissement dépendent de la protection conférée par ce vaccin. Le virus de la grippe mute constamment (dérives ou cassures antigéniques) et les composantes du vaccin trivalent contre l'influenza (VTI) doivent habituellement être changées annuellement; ces composantes sont sélectionnées par l'Organisation mondiale de la Santé (OMS) 6 à 9 mois avant la prochaine saison grippale et sont évaluées par des essais approximatifs en laboratoire.

Le SPSN a adopté depuis 2004 le devis de test négatif (DTN) qui consiste à :

- uniformiser et systématiser la confirmation du diagnostic (sentinelles désignés, critères de définition de SAG, tests sensibles et spécifiques);
- standardiser le recueil des données (au moment de la consultation médicale, afin de réduire les biais);
- intégrer les informations des sources précitées pour le calcul de l'EV en ajustant (a) le rapport de cotes (RC) pour les facteurs de confusion, au moyen de la formule $EV = (1 - RC_a) \times 100 \%$.

Les sites sentinelles sont maintenant au nombre de 255 répartis dans 5 provinces (Colombie Britannique [en 2004], Alberta [en 2006], Québec [en 2007], Ontario [en 2008] et Manitoba [en 2011]).

De ce fait, il a pu être démontré que l'EV du VTI était beaucoup moindre (47 %; intervalle de confiance [IC] à 95 % de 18 à 65 %) que celle habituellement rapportée (70 à 90 %); une méta-analyse récente fournit un estimé d'EV chez les adultes de 59 % (IC 95 % de 51 à 67 %).

De plus, une interaction immunologique entre le VTI de la saison 2008-2009 et l'influenza H1N1 pandémique en 2009, accroissant le risque de maladie associée à ce dernier a été découverte, stimulant d'autres recherches fondamentales visant à mieux étudier ce phénomène.

Pour sa part, l'estimé de l'EV du vaccin pandémique selon le SPSN excédait 90 %.

On démontrait aussi une faible EV du VTI ($\leq 50 \%$) pour la saison 2012-2013, associée à une mutation de la souche d'influenza H3N2 de référence de l'OMS suite à son adaptation en culture sur des œufs embryonnés de poule avant la mise en production du vaccin.

Le SPSN fournit des informations :

- au cours de la saison d'influenza, afin d'orienter les mesures de prévention et de contrôle supplémentaires, lorsque requises;
- entre les saisons, afin de guider le choix des souches pour la production du VTI, de mesurer l'impact et le coût-efficacité du programme et pour répondre promptement aux questions par la recherche appliquée;
- à long terme, pour une appréciation des interactions potentielles sur le plan immunologique et épidémiologique, à des fins d'innovation et d'amélioration des agents immunisants visant à combattre l'influenza.

Ateliers interactifs

Les objectifs *a priori* des ateliers étaient :

- de décrire les contributions respectives, actuelles (au Québec, au Canada ou ailleurs dans le monde) et potentielles ou futures, anticipées ou souhaitées, de la génomique et méta-génomique, de la surveillance syndromique, de la géomatique et télé-épidémiologie, et de la surveillance sentinelle pour le contrôle et la prévention des MI du domaine couvert, soit :
 - o toxi-infections alimentaires (TIA);
 - o infections transmissibles sexuellement et par le sang (ITSS);
 - o infections respiratoires;
 - o zoonoses et maladies vectorielles;
- de discuter des autres éléments et enjeux d'intérêt en lien avec la surveillance traditionnelle et modernisée des MI du domaine en question.

Trois conférences étaient données par atelier, suivies d'une période d'échanges afin d'émettre certaines observations et des suggestions ou recommandations de développement (à prioriser en termes d'utilité et d'efficacité) de la surveillance des MI d'intérêt.

TIA :

Surveillance provinciale des agents de TIA (Sadja Bekal, LSPQ, INSPQ)

On liste les agents pathogènes entériques couverts par la labovigilance chez l'humain au Québec au fil des ans, soit :

- *Salmonella* (laboratoires hospitaliers sentinelles, pour l'ensemble des souches [depuis 1997]);
- *S. Enteritidis* (depuis 1995);
- *S. Typhimurium* (depuis 1999);
- *S. Heidelberg* (depuis 2003);
- *Salmonella* résistants aux antibiotiques (dans le cadre du PICRA de l'ASPC [depuis 2002]);
- *Listeria monocytogenes* (depuis 1997);
- *Escherichia coli* O157 (depuis 2000);
- autres (depuis 2003).

La plupart de ces agents sont également inclus dans la surveillance pancanadienne, soit le Programme national de surveillance des maladies entériques (PNSME) et le programme *PulseNet* du Réseau des laboratoires de surveillance du Canada (RLSC).

Les principaux objectifs de ces programmes de surveillance sont :

- détecter l'augmentation du nombre de souches des agents microbiens pathogènes d'intérêt;
- détecter les agrégats de cas dont les isolats présentent les mêmes profils géniques (profils d'électrophorèse sur gel en champ pulsé [EGCP] ou pulsovars) au Québec, au Canada ou ailleurs dans le monde;
- documenter les tendances dans la distribution des sérotypes;
- signaler en temps opportun les agrégats et éclosions aux autorités de santé publique concernées (régionales et provinciales) et au besoin au MAPAQ, selon les modalités des ententes sur les TIA et les zoonoses entre le MSSS, les DSP régionales, le MAPAQ et l'INSPQ (datant de 2007).

Un bilan succinct de la surveillance québécoise de certains agents est présenté. On note une nette diminution de la fréquence (nombre et taux d'incidence) d'infections à *E. coli* O157, mais l'absence de données provinciales sur les autres *E. coli* producteurs de Shiga-toxine, car il n'y a pas de consensus quant à la recherche de ces sérotypes à des fins de diagnostic; une étude de prévalence de ces derniers pourrait être effectuée chez les humains et les animaux afin d'orienter les décisions à ce sujet. On note une stabilité de la fréquence de la listériose depuis 5 ans, mais ce micro-organisme persiste dans l'environnement, sa détection dans les matrices alimentaires est difficile et cet agent a un impact négatif important sur l'industrie alimentaire, causant des rappels fréquents d'aliments; la génomique pourrait être utilisée sur les souches documentées chez les cas et lors d'éclosions afin d'en déterminer les facteurs de virulence. Concernant *Salmonella*, les enquêtes épidémiologiques de routine sont peu fructueuses et le pouvoir de discrimination de l'EGCP est limité pour certains sérotypes (notamment *S. Heidelberg*, *S. Enteritidis* et *S. Dublin*); d'autres méthodes de typages basées sur le séquençage de deuxième génération (génomique) devraient être explorées, un portrait de la salmonellose dans les aliments et chez les animaux devrait être effectué, et la candidature du Québec pour le réseau *FoodNet* Canada de l'ASPC devrait être réitérée.

En conclusion, les programmes de surveillance de ces entités sont bien implantés, les mécanismes d'alertes sont déjà établis, mais d'autres méthodes devraient être davantage explorées et intégrées en partenariat, telles que la génomique, la géomatique et l'attribution de sources, afin d'améliorer la vigilance, sa réactivité et son impact en termes de contrôle et de prévention des TIA.

Attribution de sources des TIA (André Ravel, Faculté de médecine vétérinaire [FMV], UdeM)

On distingue ici deux modes d'attribution de sources de TIA, soit :

- événementielle (lien causal entre des cas groupés [éclosion] et l'origine de leur infection);
- populationnelle (répartition des cas au sein de la population en fonction des origines spécifiques).

Dans le contexte des TIA, la source est composée du réservoir (origine) et du véhicule (exposition); les voies peuvent être alimentaire (œufs, volaille et autres produits carnés, produits laitiers, poissons et fruits de mer, faune sauvage et végétaux) ou hydrique (eau potable contaminée ou non traitée). Les aliments peuvent passer par certaines étapes de production, transformation, distribution et préparation avant leur consommation. Les circonstances d'exposition peuvent être indigènes (acquisition domestique) ou importées (acquisition lors de voyage hors du Canada).

Lors d'une éclosion de TIA (ou TIA collective [TIAC]), les investigations épidémiologique, microbiologique et environnementale (inspection de la source ou du véhicule) des cas, de l'agent étiologique et des circonstances peuvent permettre d'attribuer l'aliment responsable au cas; certains éléments d'attribution ne sont parfois pas présents, mais ceux disponibles permettent de porter un jugement sur ce lien (ex. : l'agent n'est pas détecté dans l'aliment, mais est isolé chez les cas, et les circonstances sont plausibles selon l'investigation épidémiologique).

Les méthodes d'attribution populationnelle utilisent différentes approches méthodologiques :

- l'analyse des éclosions résolues (évaluation de la qualité des données et de représentativité des événements, classement des mets composés dans des catégories spécifiques);
- la compilation des résultats des études cas-témoins (études isolées, revue systématique d'une série d'études, fraction imputable, facteurs de risque);
- les données d'épidémiologie descriptive (proportion des cas sporadiques importés);
- les comparaisons des sous-types microbiens (caractérisation phénotypique ou génique, comparaison épidémio-génético-mathématique [proportionnelle à la fréquence de détection; proportionnelle à la prévalence; modèle bayésien; modèle génétique ou *asymetric island model*]);
- l'évaluation quantitative des risques microbiens;
- l'évaluation comparative des expositions;
- les résultats d'évaluation d'interventions;
- les avis des experts.

Quelques exemples de résultats des comparaisons des sous-types microbiens sont présentés, concernant la campylobactériose.

Les conditions de réussite de ce genre d'analyse sont :

- des échantillons représentatifs de l'ensemble des sources pertinentes en effectifs suffisants;
- une caractérisation microbienne précise et suffisamment discriminante;
- une bonne spécificité de lien de certains types microbiens à certaines sources;
- des souches d'origine humaine en nombre adéquat.

Salmonella chez les animaux d'élevages (Geneviève Côté, MAPAQ)

Les salmonelles constituent des enjeux pour l'industrie alimentaire; à titre d'exemple :

- *Salmonella* est le plus important agent pathogène retrouvé chez le porc;
- en 1979, on assistait à l'émergence de *S. Enteritidis* dans la filière ponte (œufs de poule de table);
- la volaille (notamment, le poulet de chair) est une des principales sources de salmonellose humaine;
- en 2011, on notait l'émergence de *S. Dublin* multi-résistant aux antibiotiques chez les bovins, causant des infections invasives chez l'humain.

En 2013, 16 395 exploitants agricoles œuvraient dans la production du porc (14 %), de poulets de chair, dindes et poules pondeuses (10 %), de bovins de boucherie (35 %) et laitiers (41 %).

Le cycle de transmission est multifactoriel et nécessite une approche à plusieurs niveaux (de la ferme à la table) pour la prévention et le contrôle de la salmonellose.

Les objectifs de la surveillance de *Salmonella* dans ce domaine sont :

- détecter l'émergence ou la résurgence des souches;
- suivre les tendances dans la distribution des sérovars (sérotypes);
- intervenir lors d'éclosion ou des menaces à la santé de la population;
- évaluer les mesures de contrôle.

Les sources de données de cette surveillance dans la filière animale au Québec sont multiples, soit :

- inspection provinciale (abattoirs, transformation et vente au détail);
- programmes de monitoring et de contrôle (couvoirs et postes de classement des œufs, établissements d'élevage porcin);
- MV et producteurs;
- enquêtes de TIA ou TIAC et de cas ou éclosions de zoonoses;
- programmes de l'industrie;
- projets de recherche et études de prévalence.

Les échantillons ou souches peuvent être acheminées aux laboratoires du MAPAQ, privés ou universitaires. Les souches d'intérêt sont acheminées au LSPQ pour le typage et leur inclusion au PICRA. L'inspection fédérale (dont celle pour l'alimentation du bétail) et les programmes canadiens (PICRA et *FoodNet* Canada) sont en lien avec les laboratoires fédéraux (Agence canadienne d'inspection des aliments [ACIA], ASPC et autres).

Des exemples de résultats de descriptions des isolats de *Salmonella* produites par les Laboratoires de pathologie animale du MAPAQ chez la volaille, les porcs et les bovins de 2011 à 2013 sont présentés.

Les défis rencontrés dans cette surveillance sont les suivants :

- bien qu'il y ait plusieurs sources de données intéressantes, celles-ci sont actuellement peu exploitées;
- les proportions de soumission des échantillons et du typage des isolats sont affectées par divers facteurs;
- la représentativité des données n'est pas optimale;
- la qualité des données épidémiologiques est variable;
- la géo-localisation de certaines productions est imprécise.

Quelques pistes de solution sont proposées :

- le développement d'une surveillance active;
- la désignation de *Salmonella* dans la liste des MADO animales au niveau québécois;
- un typage systématique d'effectifs appropriés d'échantillons.

Il conviendrait de s'inspirer d'initiatives telles que celle du *British Columbia Integrated Surveillance of Foodborne Pathogens Working Group*.

ITSS :

Enjeux de surveillance du VIH (Cécile Tremblay, LSPQ, INSPQ)

Les objectifs de cette présentation étaient :

- d'identifier les lacunes dans la surveillance du VIH au Québec;
- de comprendre le rôle des nouvelles approches de surveillance de cette infection;
- d'anticiper leurs répercussions potentielles sur son contrôle et sa prévention.

En 2011, selon l'OMS, on estimait qu'environ 34 millions d'humains (adultes et enfants) étaient infectés par le VIH dans le monde, dont 2,5 millions nouvellement infectés. La TAR précoce supprimant la réplication virale entraîne une réduction de la transmission du VIH-1 de 96 % (IC 95 % de 73 à 99 %) chez les couples hétérosexuels séro-discordants (selon l'étude HPTN [HIV Prevention Trials Network] 052). On a assisté au cours des dernières années à un intérêt marqué pour la TAR dans l'optique de la prévention de la transmission du VIH; de ce fait, un cinquième de plus de cas ont initié ce traitement dans la dernière année et le taux de nouvelles infections a diminué de moitié dans 25 pays. Cependant, selon les pays, entre 20 et 80 % des individus infectés par le VIH ne connaissent pas leur statut d'infection et pour 1,4 millions de personnes débutant la TAR, 2,5 millions sont nouvellement infectés. En Colombie-Britannique, la proportion accrue de patients sous TAR hautement active (ou trithérapie) a été corrélée avec une diminution statistiquement significative des nouveaux diagnostics d'infection au VIH.

Au cours des dernières années, plusieurs essais cliniques sur la prophylaxie pré-exposition (PrEP) intravaginale ou par voie orale avec divers antirétroviraux (ARV) ont démontré des résultats variables; l'efficacité dépend entre autres du degré d'observance et certaines études manquent de puissance statistique. Diverses interventions peuvent avoir un impact sur la transmission du VIH (ex. : TAR à des fins préventive, circoncision mâle, PrEP orale chez les hommes ayant des relations sexuelles avec d'autres hommes, traitement des autres ITSS), et il convient d'en mesurer l'impact.

La cascade de soins (CDS) consiste en un portrait de la prise en charge des personnes vivant avec le VIH (PVVIH) dans une région donnée, indiquant la séquence des étapes afin d'obtenir une charge virale indétectable dans la population, ainsi que la proportion des PVVIH impliquée à chacune de ces étapes, pouvant inclure les suivantes :

- la prévalence;
- le diagnostic;
- l'arrimage aux soins;
- la continuité des soins;
- l'introduction du traitement;
- la suppression virologique.

Plusieurs exemples de CDS (États-Unis, Inde, France, Géorgie et Colombie-Britannique) sont fournis; au Québec, celle-ci pourrait permettre :

- de caractériser l'évolution de l'épidémie de VIH dans le temps;
- d'évaluer l'application des lignes directrices en matière de prise en charge des PVVIH, son efficacité et son impact sur la transmission du VIH;
- d'orienter les mesures et l'allocation des ressources de dépistage et de traitement du VIH, selon les étapes, en considérant les enjeux économiques et pharmacologiques.

Les défis de la constitution d'une CDS sont :

- l'accès aux données;
- la représentativité des données (contrôle des biais) par rapport à la population à l'étude;
- les changements dynamiques dans le temps (évolution des populations et des lignes directrices de traitement);
- la mesure adéquate de la prévalence de l'infection, incluant les PVVIH ignorant leur statut.

Ceux propres au Québec sont les suivants :

- l'absence d'un système centralisé de soins pour le VIH;
- l'absence d'identifiant unique permettant le jumelage entre les bases de données disponibles;
- les enjeux éthiques d'effectuer ces liens;
- les données manquantes;
- les difficultés de financement de la recherche épidémiologique.

Les programmes (surveillance du VIH, de la charge virale et de la résistance aux ARV) sont gérés par l'INSPQ, mandaté par le MSSS. La cohorte VIH de Montréal du réseau FRSQ-SIDA (Fonds de recherche Santé Québec-syndrome d'immunodéficience acquise) implique la participation de 4 sites et d'un comité scientifique, avec un large effectif de patients, une banque de données unique et des capacités de recherche. D'autres bases de données peuvent aussi être considérées (RAMQ [Régie de l'assurance maladie du Québec], pour les consultations médicales, MED-ÉCHO [Maintenance et Exploitation des Données pour l'Étude de la Clientèle Hospitalière], pour les séjours hospitaliers, et IMS Santé, pour l'utilisation des ARV). Une CDS québécoise est proposée, avec les proportions (%) en six étapes : I % PVVIH; II % diagnostic de séropositivité connu; III % arrimés à des soins; IV % retenus dans les soins; V % en traitement; VI % charge virale ≤ 200 copies/ml.

Les méthodes suggérées et les embûches pour réaliser chacune de ces étapes sont présentées. Enfin, le rôle de la génomique pour le VIH est souligné, notamment l'horloge moléculaire (virions du VIH transmetteurs et répliatifs) et la phylogénie, permettant de déterminer si l'infection est récente ou ancienne et de raffiner la caractérisation des réseaux de transmission.

L'apport de la génomique dans la surveillance de l'infection par le virus de l'hépatite C au Québec (Donald Murphy, LSPQ, INSPQ)

Le virus de l'hépatite C (VHC) est classé, par caractérisation de son ARN génomique, en génotypes (ceux-ci étant diversifiés en sous-types), soit :

- 1 (a à l);
- 2 (a à r);
- 3 (a à k);
- 4 (a à w);
- 5 (a);
- 6 (a à w et xa);
- 7 (a).

Certains génotypes/sous-types sont prédominants dans certaines régions du monde.

Le génotypage du VHC est offert par le LSPQ dans le cadre d'un service de diagnostic afin de dicter le choix de la thérapie au moyen des antiviraux ainsi que sa durée, et à titre d'indicateur de réponse au traitement. L'épidémiologie moléculaire du VHC peut orienter le développement d'antiviraux ainsi que la conception d'un éventuel vaccin, et fournit des indices sur les modes de transmission.

Les résultats du génotypage du VHC effectué par séquençage et inférence phylogénétique chez 17 032 cas québécois uniques entre 2002 et 2013 sont présentés; le segment du génome séquencé en premier choix est, dans 97 % des cas, la région NS5B (les régions C/E1 et 5'NC sont choisies respectivement en deuxième et troisième choix). Les génotypes (et sous-types) de VHC prédominants identifiés sont par ordre de fréquence 1 (surtout 1a), suivi de 3 (surtout 3a), 2 et 4; la répartition des profils varie sensiblement selon la RSS de résidence des cas. L'examen de l'arbre phylogénétique du génotype 1 de sous-type 1a permet de détecter des regroupements de profils dans certaines localisations géographiques. Des analyses du polymorphisme Q80K du segment NS3 en lien avec la réponse soutenue aux antiviraux ont également été effectuées.

Des analyses génomiques permettent aussi de déterminer la résistance du virus de l'hépatite B (VHB) aux antiviraux. Le génotypage du VHB est indiqué chez les patients pour lesquels un traitement est envisagé et aide à sélectionner le médicament à employer. Il peut également identifier les porteurs pouvant développer une hépatite chronique avec HBeAg négatif (*mutants core*).

En résumé, le séquençage d'un segment du génome viral du VHC permet :

- de déterminer le génotype;
- d'esquisser un portrait épidémiologique des souches circulantes;
- d'identifier des sources de transmission potentielles;
- d'identifier des substitutions amino-acidiques susceptibles d'influer sur la réponse au traitement et la relation évolutive entre les souches.

Le séquençage intégral de son génome viral permettrait en plus :

- d'élaborer des cartes géographiques de distribution des souches (en lien avec la géomatique);
- d'améliorer la surveillance et les stratégies d'intervention;
- d'évaluer les diverses options thérapeutiques.

Est-il vrai que qui s'assemble se ressemble? Analyse des réseaux sociaux pour l'investigation des liens entre les cas de syphilis (Geneviève Gravel, Bureau de surveillance et de vigie [BSV], MSSS)

Le terme « réseaux sociaux » est utilisé afin de décrire un ensemble de personnes et d'endroits (nœuds) et de liens entre eux. L'analyse de réseaux sociaux illustre la nature des liens (ex. : activités sexuelles, partages d'aiguilles, cohabitation, activités liées au travail ou de loisirs, cellule familiale) et leurs effets sur les activités dans un réseau, pouvant contribuer à explorer la structure sociale sur la transmission des MI chez l'humain (Cook et coll., 2007 [traduction libre]).

À titre d'exemple, si un individu X (nœud 1) est en lien avec un deuxième individu Y (nœud 2), que l'individu X est en lien avec un milieu Z (nœud 3) et que ce dernier milieu est en lien avec l'individu Y, les trois nœuds sont reliés entre eux par trois liens.

Outre les liens présentés sous forme de lignes reliant les nœuds, les nœuds peuvent être représentés par des formes, couleurs ou symboles désignant leur statut (ex. : sexe, groupe d'âge, cas, contact, dépisté avec résultat négatif ou dont le résultat de dépistage est inconnu, lieu physique ou virtuel, etc.).

L'utilisation des lieux comme indice épidémiologique peut être avantageux pour les principales raisons suivantes :

- il est moins gênant de nommer des lieux que des personnes (particulièrement les partenaires sexuels);
- la mémoire des endroits fréquentés est souvent meilleure que celles des noms des gens rencontrés (d'autant plus si les partenaires sont anonymes), palliant ainsi aux données manquantes;
- le nombre de contacts retracés peut être plus grand, car moins sujets aux biais de signalement;
- les milieux identifiés peuvent être ciblés pour une intervention visant un groupe d'individus à risque particulier.

L'analyse des réseaux sociaux permet d'identifier des personnes ou sous-groupes critiques ayant le potentiel de transmission persistante et de mettre en lumière des liens ou dynamiques insoupçonnés. L'intervention auprès d'un réseau social peut être plus globale, réduire la stigmatisation et identifier des cas en phase de contagiosité qui auraient pu être manqués (ex. : cas asymptomatique n'ayant pas consulté ou n'ayant pas été confirmé en laboratoire).

Cette approche peut être utile pour des populations vulnérables, sans domicile fixe, et a été appliquée pour des ITSS et la tuberculose. Ses limites sont le temps nécessaire et l'expérience d'utilisation des outils (ex. : le logiciel *Pajek*, bien qu'il soit gratuit, n'est pas très convivial), la difficulté d'effectuer les liens entre les cas et les biais associés aux informations manquantes (notamment dans le contexte d'éclosion suprarégionale).

Un exemple d'application de cette méthode est l'analyse du réseau sexuel des cas de syphilis âgés entre 15 et 19 ans et de leurs partenaires au Québec entre janvier 2012 et juin 2013. Les principaux résultats de cette analyse sont présentés. Des analyses stratifiées ont été effectuées (ex. : par groupes d'âge des cas et des partenaires, selon le stade d'infection lors du diagnostic, par RSS, par contexte de détection).

Plusieurs références bibliographiques et de logiciels d'analyse des réseaux sociaux sont fournies. Cette méthode mérite à être explorée davantage en d'autres circonstances, pouvant par exemple être utile pour identifier un groupe d'individu ou un milieu pour une intervention ciblée et rapide dans le contexte d'une éclosion.

Infections respiratoires :

Le diagnostic du virus influenza en santé animale (Carl Gagnon, FMV, UdeM)

Deux défis majeurs sont rencontrés en virologie :

- les mutations fréquentes des virus (entraînant des tests de diagnostic avec des résultats faussement négatifs);
- l'émergence de nouveaux virus (on assistait à un accroissement de 20 % du nombre de virus nouvellement identifiés en 6 ans selon l'*International Committee on Taxonomy of Viruses* [ICTV], en 2012).

La structure du virus de l'influenza (notamment les protéines antigéniques d'hémagglutinine [H ou HA, avec 18 sérotypes connus] et de neuraminidase [N ou NA, avec 11 sérotypes connus]) est décrite, ainsi que sa nomenclature internationale (genre/espèce d'origine [si animale]/lieu d'isolement initial/numéro d'identification/année d'isolement/catégories [facultatifs] d'H et N).

La transmission inter-espèces (humains, mammifères et aviaires [domestiques et sauvages]) est aussi illustrée. Celle-ci peut survenir dans certaines méthodes d'élevage et d'abattage. Les recombinaisons et le réassortiment sont les mécanismes d'échanges de matériel génétique.

Le virus de l'influenza porcine (*Swine influenza virus* [SIV] en anglais) est une MADO animale au Québec. Le SIV peut être identifié lors de la nécropsie ou par soumission d'échantillons (salive, sérum, sécrétion nasale, tissus) par les laboratoires du MAPAQ, de la FMV de l'UdeM, de l'ACIA et du secteur privé, au moyen de diverses épreuves (sérologie par ELISA de type A ou de sérotypes spécifiques ou par inhibition de l'hémagglutination [IHA], PCR [influenza A], identification des H et N, isolement viral).

Le volume et les résultats des activités du Laboratoire de diagnostic virologique vétérinaire (LDVV) et du Laboratoire de diagnostic moléculaire (LDM) de la FMV sont résumés; pour l'influenza, on note une large prédominance des tests sérologiques (97 %) par rapport à la PCR (3 %).

Les tests sérologiques sont utilisés pour le monitoring des troupeaux, déterminer l'efficacité de la vaccination, les échanges commerciaux et la biosécurité. L'isolement viral sur cellules MDCK (*Madin-Darby canine kidney*) et œufs embryonnés de poule servent à la mise à jour pour les tests sérologiques par IHA et pour le développement des vaccins autogènes. Ces derniers visent à offrir une meilleure couverture que ceux commerciaux en termes de souches virales pour l'immunisation des animaux, spécifique à l'espèce; toutefois, leur production est difficile, laborieuse et coûteuse, et ils ne sont accessibles que pour les productions animales volumineuses.

D'autres épreuves de diagnostic virologique sont effectuées à la FMV, soit la microscopie électronique et les biopuces virales; celles-ci permettent également de détecter le SIV.

Le financement des projets de recherche et de l'infrastructure provient de divers partenaires gouvernementaux, des domaines public et privé.

Outils moléculaires de surveillance en laboratoire de la grippe (Hugues Charest, LSPQ, INSPQ)

La surveillance de la grippe est composée de plusieurs éléments, soit :

- le suivi de l'activité grippale;
- la caractérisation des souches circulantes;
- la vigie des maladies respiratoires sévères infectieuses en émergence;
- l'évaluation de l'impact de la grippe sur la population;
- la description des collectivités affectées et des groupes à risque.

Les volets de laboratoire et épidémiologiques sont couverts par diverses sources de données et implique la participation de plusieurs partenaires, dont les laboratoires de microbiologie médicale et les MD sentinelles, le LSPQ de l'INSPQ, le BSV du MSSS, l'ASPC (programme *FluWatch*, partageant aussi les informations recueillies avec les CDC et l'OMS), Info-santé, les consultations à l'urgence, les diagnostics au congé de l'hôpital (MED-ÉCHO), les éclosions en centres d'hébergement et de soins de longue durée (système central des éclosions du Québec) et le programme IMPACT (*Immunization Monitoring Program ACTive*); la coordination de la surveillance de la grippe au Québec est assurée par le GPSVI (Groupe provincial de surveillance et de vigie de l'influenza) et l'ensemble des résultats consolidés sont présentés hebdomadairement dans le bulletin *Flash grippe*, qui est diffusé aux partenaires concernés.

Actuellement, 45 points de services des laboratoires sentinelles pour la surveillance des infections virales sont répartis dans 16 (89 %) des 18 RSS du Québec, par rapport à 5 (28 %) en 1990. En 2009, 83 (73 %) des 114 laboratoires hospitaliers du Québec offraient des services pour le diagnostic de l'influenza (80 effectuaient la détection d'antigènes, 7 la culture virale et 3 les tests d'amplification d'acides nucléiques [TAAN]).

Certains résultats issus de la surveillance en laboratoire de l'influenza au fil des ans sont présentés. Les TAAN ont été utilisés de façon accrue lors de la pandémie d'influenza A(H1N1)p en 2009; lors des première et deuxième vagues de cette pandémie, respectivement 2 812 (23 %) des 12 294 et 11 361 (30 %) des 37 330 tests effectués par le LSPQ, les laboratoires désignés et associés, étaient positifs. Depuis 2009, les TAAN sont les épreuves effectuées de façon prédominante. Lors des pics des saisons d'influenza de 2006-2007 à 2010-2011, la proportion des tests positifs variait de 7 à 13 %.

La situation de l'émergence du SIV A(H3N2)v recombinant avec l'influenza A(H1N1)p en 2011 est relatée, où des échantillons porcins provenant du LDVV/LDM de la FMV de l'UdeM ont été soumis au LSPQ afin d'évaluer les épreuves de TAAN de routine de l'influenza pour la mise en évidence de ce variant.

Cet événement a soulevé des enjeux en lien avec la détection des souches circulantes de l'influenza en émergence, soit :

- la nécessité d'une communication accrue, voire une interface entre la surveillance humaine et animale;
- la pertinence d'une surveillance sentinelle clinique en zone rurale;
- un possible monitoring des travailleurs de l'industrie porcine;
- une meilleure caractérisation des souches humaines et porcines par la génomique (ex. : optimisation par l'amplification du génome segmenté du virus de l'influenza A);
- une vigie rehaussée.

Plusieurs de ces enjeux pourraient être adressés par le projet d'OEM mis de l'avant par le LSPQ, tel que décrit précédemment.

La tuberculose (Christine Lacroix, DSP, ASSS de la Montérégie)

Le génotypage des souches du complexe *Mycobacterium tuberculosis* vise à analyser l'ADN microbien afin d'identifier des souches similaires. Des mutations spontanées de l'ADN dans le temps entraînent des souches aux profils différents. Des souches identiques chez plusieurs cas peuvent indiquer une transmission récente. Combiné aux données épidémiologiques, le génotypage permet d'établir des liens et d'orienter les interventions visant à limiter la propagation de la maladie.

Il est effectué au moyen de trois principales méthodes :

- le polymorphisme par cartographie différentielle de restriction (*restriction fragment length polymorphism typing* [RFLP]) IS6110;
- le spoligotypage (*spoligotyping* ou *spacer oligonucleotide typing*);
- les unités mycobactériennes répétitives intercalées – séquences répétées variables en tandem (*mycobacterial interspersed repetitive unit – variable number tandem unit* [MIRU-VNTR]) à 24 loci ou MIRU 24 (profils définis selon le nombre de copies de séquences répétées dans des régions spécifiques de l'ADN microbien appelées locus).

Le RFLP, quoique considéré comme épreuve de référence, est difficile à standardiser. Pour sa part, le spoligotypage est moins discriminant que le RFLP et le MIRU 24. L'analyse par MIRU 24, effectuée par le CNRM (Centre national de référence sur les mycobactéries) de l'ASPC, par l'entremise du LSPQ, peut être automatisée et ses résultats sont interprétés facilement; son pouvoir discriminant est puissant mais parfois insuffisant.

Des souches de profils MIRU 24 identiques peuvent indiquer une transmission récente entre les cas d'intérêt ou une faible diversité des isolats dans cette population. Des souches aux profils distincts indiquent l'absence de transmission entre les cas d'intérêt. Un isolat avec un profil unique parmi l'ensemble des souches génotypées à ce jour peut indiquer la réactivation d'une ancienne infection tuberculeuse ou résulter de l'absence de la souche « index » dans la banque de données. La situation est simple quand les résultats de génotypage sont concordants avec ceux de l'enquête épidémiologique (c.-à-d. profils identiques et présence d'un lien épidémiologique ou profils différents et absence d'un lien épidémiologique). La présence d'un lien épidémiologique apparent mais des profils différents permet d'infirmar ce lien et de limiter l'étendue des interventions; cette situation est rencontrée particulièrement dans les groupes avec incidence élevée de tuberculose. L'absence d'un lien épidémiologique apparent mais avec des profils identiques est plus difficile à interpréter et à gérer. Cette situation peut révéler une transmission récente non reconnue (ex. : nouveau lieu, éclosion), mais l'interprétation dépend de la diversité des profils des souches dans la population d'intérêt et la recherche du lien entraîne des démarches supplémentaires qui peuvent ne pas être efficaces; cette investigation nécessite des balises en termes de temps, lieu et personne (ex. : facteurs de risque des cas, pays de naissance, etc.).

Le génotypage de *M. tuberculosis* permet également :

- d'identifier les contaminations de laboratoire (et éviter des investigations et traitements inutiles);
- de distinguer les réinfections des réactivations;
- de surveiller la répartition des profils de souches sur un territoire et d'estimer le degré de transmission;
- d'évaluer la performance du programme de contrôle de la tuberculose.

Des exemples d'indicateurs de surveillance dans ce contexte seraient les suivants :

- le nombre de nouveaux cas dans un agrégat connu (pouvant indiquer que la propagation se poursuit);
- la proportion des cas liés en agrégats comme indice de transmission dans un territoire (dépend de la variabilité des profils de souches dans la population de référence et des connaissances sur les caractéristiques épidémiologiques des cas);
- le nombre de nouveaux agrégats de cas;
- le nombre de nouveaux profils de souches sur le territoire.

Le génotypage peut être effectué sur demande (en présence d'un lien épidémiologique apparent, en suspicion d'une contamination de laboratoire ou lors d'un deuxième épisode de tuberculose chez un cas) ou de façon systématique (afin d'identifier des liens épidémiologiques non reconnus, d'élargir la base de données sur les profils de souches à des fins de comparaison, aidant à la surveillance et l'évaluation de programme).

Les enjeux principaux sont :

- l'identification des profils de souches identiques en temps opportun;
- l'infrastructure nécessaire pour traiter et interpréter les données et partager les informations générées (mise à jour des informations sur les agrégats, échanges d'informations entre les DSP régionales, intégration des données épidémiologiques, ressources d'expertise);
- l'interprétation juste des résultats de surveillance.

Zoonoses et maladies vectorielles :

Approches de surveillance des agents de zoonoses (Isabelle Picard, MAPAQ)

Les contributions actuelles et potentielles, ainsi que leurs forces et faiblesses de la génomique, de la géomatique et de la surveillance syndromique et sentinelle en lien avec les agents de zoonoses (AZ) sont abordées, en citant quelques exemples dans le contexte québécois.

Pour la génomique des AZ, on cite les exemples du SIV, de *Campylobacter jejuni* (*comparative genomic fingerprinting* [CGF]), de *L. monocytogenes* (facteurs de virulence) et du virus de l'encéphalite équine de l'Est. Ces techniques aident à caractériser les souches en termes de variations de profils et de pathogénicité et d'associer celles-ci aux réservoirs, sources, véhicules ou vecteurs, permettant d'en établir les dynamiques au sein des populations. L'enjeu principal est l'obtention des ressources nécessaires pour supporter cette approche.

Concernant la géomatique des AZ, des cartographies des risques et les modélisations ont été appliquées entre autres pour la maladie de Lyme et la rage du raton laveur. Cette approche permet d'anticiper les risques et facilite l'identification des facteurs de propagation, donc d'orienter les actions envers les AZ (ex. : proportion des rats laveurs à vacciner afin d'établir une barrière immunitaire). Toutefois, la limite de cette méthode est déterminée par la précision des données alimentant les modèles (ex. : densité de la population de rats laveurs) et elle nécessite aussi des ressources importantes.

La surveillance syndromique chez les animaux peut être utile pour les MI émergentes et récurrentes (ex. : atteintes neurologiques détectées par le Réseau d'épidémiologie et de surveillance en pathologie équine [RESPE], SIV). Ses faiblesses ou enjeux sont les suivants :

- la nécessité du recrutement et de la mobilisation des MV praticiens;
- les difficultés d'obtenir des données représentatives des populations étudiées;
- l'embûche de discerner les tendances temporelles lorsque les effectifs sont faibles (ex. : avortements chez les petits ruminants);
- la masse importante de données à traiter;
- le problème d'établir un seuil d'alerte à la fois sensible et spécifique;
- les moyens exigés pour rehausser la surveillance afin de confirmer l'étiologie (ex. : gratuité des analyses de laboratoire);
- la promptitude du système.

L'exemple modèle de la surveillance sentinelle des AZ est le Réseau d'alertes et d'information zoosanitaire (RAIZO), basé sur les signalements volontaires des MV praticiens, ceux sentinelles et celui responsable de la coordination du RAIZO.

Ses forces sont les suivantes :

- son rapport coûts-bénéfices est avantageux;
- il favorise la récolte de données sur l'ensemble du territoire, permettant une vigie sur le terrain;
- il supporte les actions de contrôle et de prévention au moyen de la sensibilisation aux problématiques et la communication des recommandations.

Ses principales faiblesses sont :

- la nécessité du recrutement et de la mobilisation des MV sentinelles;
- la difficulté d'obtenir un échantillon représentatif de la population d'intérêt;
- l'animation et la coordination importantes essentielles;
- les moyens exigés pour rehausser la surveillance afin de confirmer l'étiologie.

En conclusion, toutes ces approches ont chacune leurs avantages et inconvénients; il faut savoir sélectionner les meilleures et les combiner en fonction des objectifs visés et des ressources disponibles.

La place de la géomatique dans l'évaluation du risque de transmission du virus du Nil occidental (Anne-Marie Lowe, Direction des risques biologiques et de la santé au travail [DRBST], et Steve Toutant, Direction de la santé environnementale et de la toxicologie [DSET], INSPQ)

L'infection par le virus du Nil occidental (VNO) est maintenue par un cycle primaire de transmission et d'amplification oiseau-moustique-oiseau; d'autres espèces animales et l'humain (hôte accidentel) peuvent être impliqués dans un cycle secondaire. Le VNO s'est introduit au Québec en 2002, entraînant une surveillance rehaussée (dont celle entomologique) et des interventions de contrôle jusqu'en 2006-2007; une résurgence du VNO était constatée en 2011, exigeant la réinstitution des mesures de surveillance et de contrôle.

La cartographie sous forme de taux d'incidence par grandes aires (ex. : États américains ou provinces et territoires canadiens) donne une image peu nuancée du risque à la population. Quelques exemples d'utilisation de la géomatique tirés du Système intégré de données de vigie sanitaire (SIDVS) du VNO sont présentés (cartographie des lots de moustiques infectés et du nombre de cas humains et par RSS et municipalités).

Dans le cadre de la caractérisation du risque (risque = probabilité de survenue x impact) de transmission du VNO chez l'humain, une analyse spatiale a été effectuée sur le territoire du Québec. À ce titre, les données Agrométéo de 1979 à 2008 ont été utilisées (moyenne du nombre de degrés-jours [DJ] >10°C par saison/km²); l'impact (conséquences) était défini comme le nombre de cas humains d'infection au VNO avec atteinte neurologique, mesuré indirectement par la densité de la population globale et celle des individus de ≥50 ans.

Cinq zones (A à E) ont été circonscrites en fonction des conditions météorologiques en termes de températures (du plus chaud au plus froid); une matrice adaptée de l'OMS a été utilisée pour la présentation tabulaire des résultats des niveaux de risque. Sur le total de 145 cas déclarés entre 2002 et 2013, 53 (37 %) se retrouvaient dans la zone A, 66 (45 %) dans la zone B, 16 (11 %) dans la zone C, 4 (3 %) dans la zone D, et 6 (4 %) dans la zone E; les zones A et B ont été qualifiées à risque élevé, celle C à risque modéré, et celles D et E à risque faible.

Dans le cadre de la surveillance du VNO, la géomatique permet de cartographier les zones à risque à l'échelle provinciale, les pools de moustiques infectés, les cas humains, aviaires et équins, les secteurs ou individus vulnérables et les facteurs protecteurs, mais son utilité dépend de la qualité et de la complétude des données disponibles; les analyses spatiales produisent des nouvelles informations en termes d'indicateurs de risques à la santé, pouvant guider les stratégies de santé publique.

Surveillance intégrée de la maladie de Lyme (Karine Thivierge, LSPQ, INSPQ)

La maladie de Lyme (ML) est causée par *Borrelia burgdorferi* et est transmise à l'humain par des vecteurs, certaines tiques du genre *Ixodes*. Son tableau clinique et ses complications sont décrites succinctement. Son cycle de transmission, réparti sur deux ans, est résumé; l'humain est un hôte accidentel. Les tiques adventices (voyageant avec les oiseaux migrants) favorisent leur dispersion et les nymphes sont plus à risque de transmettre l'infection car elles sont plus petites et plus difficiles à détecter promptement.

Un programme québécois de surveillance passive des tiques à pattes noires a été établi par le LSPQ en 1990, en collaboration avec les MD cliniciens et les MV praticiens. La ML est devenue une MADO en novembre 2003. La ML est en émergence depuis quelques années au Québec, où des cas indigènes ont été déclarés plus récemment dans certaines RSS. Le nombre de tiques *I. scapularis* soumises au LSPQ (dont les nymphes) a également augmenté, surtout depuis 2006 et de façon marquée en 2013; en 2009, la soumission des tiques d'origine animale dans la RSS 16 a été interrompue, celle-ci étant dorénavant considérée endémique.

Des projets de recherche active dans l'environnement (prélèvement de tiques par flanelle sur le terrain), effectués en 2007 et 2008, et de 2010 à 2012, ont démontré 13 sites dans 3 RSS avec une population de tiques établies (c.-à-d. avec les trois stades [larve, nymphe et adulte] pendant ≥ 2 années consécutives) et infectées par *B. burgdorferi*.

Les niveaux de risque sont déterminés à partir des indicateurs de surveillance passive et active des tiques et de surveillance passive des cas humains, et sont catégorisés comme zones non endémique (risque très faible) et endémique (risques modéré ou élevé). Les critères de définition utilisés sont présentés. Plusieurs zones à risque potentiel restent à explorer en termes d'établissement des trois stades de tiques.

Le plan d'intervention envers la ML en 2014 comporte deux volets, ceux de surveillance et de communication.

Concernant la surveillance, il s'agit :

- de déterminer l'expansion des populations de tiques *I. scapularis* installées;
- d'estimer la proportion de tiques infectées par *B. burgdorferi* dans les zones où elles sont installées;
- de mieux définir les zones à risque au moyen d'une cartographie mise à jour annuellement.

Un avantage supplémentaire de maintenir une surveillance active des tiques dans les zones endémiques est la détection de *Babesia microti* (agent étiologique de la babébiose) et d'*Anaplasma phagocytophilum* (agent étiologique de l'anaplasmose), micro-organismes transmissibles par les mêmes vecteurs; elle permet aussi de suivre la progression de la proportion des tiques infectées par *B. burgdorferi*.

Concernant la communication, il s'agit, dans les zones endémiques et celles à explorer :

- de rehausser l'éducation sanitaire de la population sur la ML, ses modes de transmission, les moyens préventifs et les mesures à prendre en cas de piqûre par une tique et en présence de symptômes et signes cliniques évocateurs, nécessitant une consultation médicale;
- de sensibiliser les professionnels de la santé afin d'améliorer le diagnostic et d'offrir le traitement approprié.

Discussion en plénière et suivis prévus (Réjean Dion, LSPQ, INSPQ)

L'objectif de cette discussion était de présenter les résultats des discussions au sein des ateliers et de prendre note de celles en plénière afin de produire un rapport sommaire du symposium. Le présent document constitue le dit rapport, dont le contenu a été validé par certains membres du comité scientifique et organisateur, ainsi que plusieurs conférenciers et rapporteurs des ateliers.

TIA (Simon Lévesque, LSPQ, INSPQ)

La détection de l'émergence de *S. Dublin* multi-résistant aux antibiotiques chez l'animal et l'humain est un exemple de collaboration fructueuse et de partenariat; toutefois, l'EGCP n'était pas suffisamment discriminante pour ce sérotype de *Salmonella*, mais la génomique a contourné cette embûche.

La génomique gagnerait à être davantage utilisée pour des études d'attribution de sources alimentaires. Pour bénéficier de son plein potentiel, il conviendrait d'obtenir les souches pertinentes (ex. : *E. coli* producteurs de Shiga-toxine autres qu'O157); cependant, un consensus est nécessaire concernant les agents étiologiques à rechercher chez les cas et les modalités de confirmation du diagnostic de routine.

La surveillance syndromique permettrait potentiellement de détecter plus rapidement les éclosions d'infections entériques (dont des TIAC) et dans ce contexte stimuler une collecte suffisante d'échantillons cliniques; cependant, des directives sur les modalités de recherche des agents étiologiques devraient être développées et adoptées. L'impact de la surveillance syndromique sur la détection des TIA ou TIAC reste toutefois à démontrer.

La géomatique devrait être exploitée davantage en liant les données de typage des agents microbiens d'intérêt avec celles de géo-localisation; cependant, le lieu de résidence des cas étant celui utilisé par défaut pour cette localisation, l'absence d'information sur les voyages hors du Canada limitera son utilité, puisqu'il ne sera pas possible de distinguer les cas indigènes de ceux importés. L'intérêt et le besoin de réalisation de projet pilote d'intégration et de partage des données concernant les TIA est exprimé; cependant, on note une réduction des informations épidémiologiques (notamment celles sur les expositions tirées des enquêtes de cas) malgré des renseignements de laboratoire plus riches.

Un site de *FoodNet* Canada au Québec permettrait de rehausser plusieurs de ces capacités, sous forme de surveillance sentinelle ou exhaustive intégrée. Une étude économique sur les coûts estimés des TIA et des retours d'investissements dans la surveillance, le contrôle et la prévention de ces entités pourrait justifier les demandes de financement complémentaires dans ce domaine.

ITSS (Diane Sylvain, LSPQ, INSPQ)

L'élaboration d'une CDS pour le VIH peut être réalisée grâce à un système nominal de prise en charge centralisée des cas. Le Québec demeure la seule juridiction canadienne à posséder un système anonyme, où la possibilité d'éditer les informations et de les jumeler avec d'autres banques de données est absente. Un identifiant commun et unique pour chaque usager pourrait être créé afin d'établir ces liens, mais ceci soulève des enjeux de confidentialité. Des éléments de la CDS sont disponibles dans le système d'information de laboratoire (LAB) du LSPQ (diagnostic d'infection au VIH et charge virale). Le LSPQ développe un algorithme, en cours de validation, visant à déterminer si l'infection au VIH est récente (RITA [*recent infection testing algorithm*]), permettant d'estimer l'incidence des nouvelles infections. La limite principale d'une CDS demeure les personnes non dépistées et les informations serviraient surtout aux fins de la surveillance et de la documentation de l'efficacité globale des interventions plutôt que celles cliniques individuelles.

Le séquençage intégral du génome viral du VHC permettrait de créer une base de données enrichie sur le plan de la caractérisation fine des souches via la plateforme de l'observatoire moléculaire du LSPQ, mais nécessite des ressources en bioinformatique et financières suffisantes. La phylogénie des souches peut aider à établir des liens entre des cas selon le lieu, mais ne mesure pas leur virulence. Le clivage entre les systèmes LAB et MADO, le fait qu'une faible proportion des cas soient enquêtés et que les données sur les expositions ne soient pas saisies limitent la portée de cette surveillance rehaussée.

La caractérisation des souches de *Treponema pallidum* couplée à l'analyse des réseaux sociaux pour la syphilis pourrait être explorée afin d'évaluer si elle permettrait de mieux circonscrire les groupes à risque et les milieux où ils évoluent. Vu le temps et l'expertise nécessaires pour ce type d'analyse, il serait plus réaliste de la faire à petite échelle pour les cas récidivants. La possibilité d'intégrer la cartographie des cas de syphilis à l'intervention préventive auprès des personnes atteintes d'ITSS et de leurs partenaires sexuels pourrait être évaluée et aussi explorée dans le cadre de la surveillance du VIH.

Infections respiratoires (Josée Dubuque et Hugues Charest, BSV, MSSS)

Les méthodes pour le diagnostic de la grippe utilisées chez le porc et chez l'humain diffèrent grandement. Les TAAN sont de plus en plus utilisés par les laboratoires de microbiologie médicale depuis la pandémie de grippe A(H1N1)p 2009, surpassant en nombre les tests rapides de détection d'antigènes. Dans le domaine vétérinaire, les épreuves sérologiques sont les plus fréquentes. Comme les virus de la grippe évoluent rapidement au niveau antigénique, que les réassortiments sont fréquents chez le SIV, et que les échanges commerciaux entre juridictions en Amérique du Nord sont fréquentes, la performance des anticorps utilisés dans les essais sérologiques doit constamment être revalidée. Dès lors, il devient pratiquement impossible de corréliser les résultats des laboratoires cliniques et vétérinaires.

Des SIV réassortants (variants) sont apparus au cours des années suivant la pandémie de grippe A(H1N1)p 2009 d'origine porcine. Le H3N2v, entre autres, a causé des centaines d'infections chez l'humain. Cette émergence de nouvelles combinaisons génétiques de virus influenza a mis en lumière deux enjeux :

- les tests de détection d'antigènes et les TAAN classiques ne ciblant qu'une région génique ne permettent pas toujours de détecter l'apparition des nouveaux variants chez le porc ou l'humain;
- la nécessité d'utiliser des approches génomiques (identification dite définitive) pour des activités de surveillance concertées entre les laboratoires cliniques et les laboratoires vétérinaires, afin de comparer sur une même base les virus de l'influenza A circulant dans les deux populations.

Diverses épreuves de génotypage des souches de *M. tuberculosis* peuvent être utilisées, mais avec des pouvoirs discriminants différents. Couplés aux données épidémiologiques, ces résultats permettent l'investigation de foyers d'éclosions en vue d'actions de santé publiques. Le manque de données sur l'identité génétique des souches ainsi que les difficultés de partager les données épidémiologiques entre juridictions sont les maillons faibles de la surveillance actuelle.

Zoonoses et maladies vectorielles (Christian Therrien, LSPQ, INSPQ)

On souhaite le développement d'une plateforme d'échanges et, si possible, d'intégration des informations sur les AZ entre les réseaux de santé animale et de santé humaine dans une optique de santé publique. Une démarche de priorisation des AZ d'importance en santé publique a été effectuée récemment, mais un consensus reste à atteindre sur l'échange systématique entre la MAPAQ et les autorités de santé publique régionales et provinciale concernant certaines entités (*Coxiella burnetii* [agent étiologique de la fièvre Q] et *Chlamydophila psittaci* [agent étiologique de la psittacose]). La bonification de la liste des MADO animales au Québec pourrait stimuler le signalement des cas chez les animaux.

Un partenariat plus intense entre les MV, les MD cliniciens, les autorités de santé publique et de santé animale et les autres acteurs concernés doit être recherché. Des interfaces restent à développer entre les systèmes MADO, LAB du LSPQ et le SIDSV du VNO afin d'éviter la saisie redondante des données. La possibilité de calculer des taux d'incidence par zones climatiques reste à explorer, mais l'estimation du dénominateur populationnel peut être malaisée à réaliser. On note l'absence de modèle prédictif des éclosions de VNO et le besoin d'en uniformiser la surveillance. L'immunité de la population aviaire devrait être étudiée afin de vérifier si celle-ci pourrait avoir une influence sur l'incidence des cas humains d'infection au VNO.

L'éducation des MD cliniciens sur la ML devrait être intensifiée et plusieurs démarches ont été faites au cours des dernières années à ce sujet. Des ressources financières et humaines supplémentaires sont requises afin de maintenir et d'intensifier au besoin les activités de surveillance intégrée de la ML déjà en place.

Remerciements :

Outre les membres du comité de programme, les conférenciers, modérateurs et rapporteurs, l'auteur du présent rapport désire remercier particulièrement Céline Farley, Mélanie Fournier, Valentine Danvin et Alizée Rico, de l'unité Valorisation des connaissances et développement des compétences à la Vice-présidence aux affaires scientifiques de l'INSPQ, pour leur support précieux dans les démarches d'accréditation, d'inscription des participants, de publicité et d'évaluation de cette activité de formation, ainsi que Guylaine Meloche et Kim Betournay, du LSPQ de l'INSPQ, pour les aspects de communication et d'organisation de la journée du symposium.

Rédigé par :

Réjean Dion, M.D.
INSPQ/LSPQ

(2014-12-30)

Annexe 1. Horaire du programme.

Moment et lieu	Titres, sujets ou thèmes, objectifs	Conférencier(s)	Modérateur (M) et rapporteur (R)	
07:30 à 08:15 Salle P-310	Accueil	-	-	
08:15 à 08:45 Salle P-310	Mot de bienvenue et contexte	Cécile Tremblay, INSPQ, LSPQ Hugo Soudeyans, UdeM, FMD, DMII Pierre Fournier, UdeM, ESPUM André Ravel, UdeM, FMV	M : Hugues Charest, INSPQ, LSPQ	
08:45 à 09:30 * Salle P-310	Génomique et méta-génomique – leurs apports à l'investigation épidémiologique <u>Objectifs</u> : - démontrer les applications de la génomique et de la méta-génomique au regard de certains agents microbiens; - définir les forces et faiblesses de ces méthodes en surveillance.	Morag Graham, ASPC, LNM	M : Sadjia Bekal, INSPQ, LSPQ	
09:30 à 10:15 * Salle P-310	Surveillance syndromique – le tableau de bord de la RSS de Montréal et les perspectives futures de la surveillance non spécifique <u>Objectifs</u> : - illustrer l'application de la surveillance non spécifique chez l'humain; - anticiper ses possibilités de développement.	Robert Allard et David Buckeridge, DSP de Montréal	M : Réjean Dion, INSPQ, LSPQ	
10:15 à 10:30	Pause-santé	-	-	
10:30 à 11:15 * Salle P-310	Géomatique et télé-épidémiologie – leurs apports à la surveillance <u>Objectifs</u> : - décrire les outils et méthodes pertinents aux domaines de la géomatique et de la télé-épidémiologie; - illustrer l'application de ces outils et méthodes à la surveillance.	Pascal Michel, ASPC	M : André Ravel, UdeM, FMV	
11:15 à 12:00 * Salle P-310	Surveillance sentinelle – une plateforme pour le signalement et l'investigation scientifique <u>Objectifs</u> : - comprendre les principes d'implantation d'une surveillance sentinelle; - illustrer l'apport de cette approche pour l'estimation de l'efficacité vaccinale.	Danuta Skowronski, BCCDC	M : Hugues Charest, INSPQ, LSPQ	
12:00 à 13:30	Dîner et réseautage	-	-	
	Ateliers en parallèle <u>Objectifs</u> : - décrire les contributions respectives, actuelles et potentielles, de la génomique/méta-génomique, géomatique/télé-épidémiologie, surveillance syndromique/non spécifique et sentinelle pour le contrôle et la prévention des maladies infectieuses (MI); - discuter des autres éléments et enjeux en lien avec la surveillance traditionnelle et modernisée des MI.	-	-	
13:30 à 15:30 †	Salle P-310	Toxi-infections alimentaires (TIA) : Agents pathogènes bactériens transmissibles par les aliments contaminés	M : Danielle Ramsay, MAPAQ R : Simon Lévesque, INSPQ, LSPQ	
		Attribution des sources des TIA <i>Salmonella</i> chez les animaux d'élevage	André Ravel, UdeM, FMV Geneviève Côté, MAPAQ	
		Infections transmissibles sexuellement et par le sang (ITSS) : Virus de l'immunodéficience humaine (VIH) Virus des hépatites B (VHB) et C (VHC)	Cécile Tremblay, INSPQ, LSPQ Donald Murphy, INSPQ, LSPQ	
	Salle P-312	Réseaux sociaux pour l'investigation des liens entre les cas de syphilis	Geneviève Gravel, MSSS, BSV	M : Sylvie Venne, MSSS, DPSP R : Diane Sylvain, INSPQ, LSPQ
		Salle N-425-3	Infections respiratoires (RESP) : Influenza et autres virus porcins	Carl Gagnon, UdeM, FMV
	Influenza humain et maladies respiratoires sévères infectieuses (MRSI)		Hugues Charest, INSPQ, LSPQ	R : Josée Dubuque, MSSS, BSV

		Tuberculose	Christine Lacroix, DSP de la Montérégie	
Salle P-318		Zoonoses et maladies vectorielles (ZOO/VECT) : Agents de zoonoses	Isabelle Picard, MAPAQ	M : Mirna Panić, INSPQ, DRBST
		Géomatique pour le virus du Nil occidental (VNO)	Anne-Marie Lowe, INSPQ, DRBST Steve Toutant, INSPQ, DSET	R : Christian Therrien, INSPQ, LSPQ
		Surveillance intégrée de la maladie de Lyme (ML)	Karine Thivierge, INSPQ, LSPQ	LSPQ
15:30 à 15:45		Pause-santé	-	-
15:45 à 17:00 † Salle P-310		Discussion en plénière et suivi prévu <u>Objectif :</u> - présenter les résultats des discussions au sein des ateliers et prendre note de celles en plénière afin de produire un rapport sommaire du symposium.	R : Simon Lévesque, Diane Sylvain, Josée Dubuque et Christian Therrien	M & R : Réjean Dion, INSPQ, LSPQ
17:00 à 17:15 Salle P-310		Mot de clôture et instructions concernant l'évaluation	Cécile Tremblay, INSPQ, LSPQ	M : Hugues Charest, INSPQ, LSPQ

* Conférences en plénière; présentation(s) de 40 minutes suivies d'une période de 5 minutes de questions.

† Ateliers interactifs simultanés en parallèle; 3 présentations de 15 minutes avec 5 minutes de questions, suivies d'échanges pendant 60 minutes.

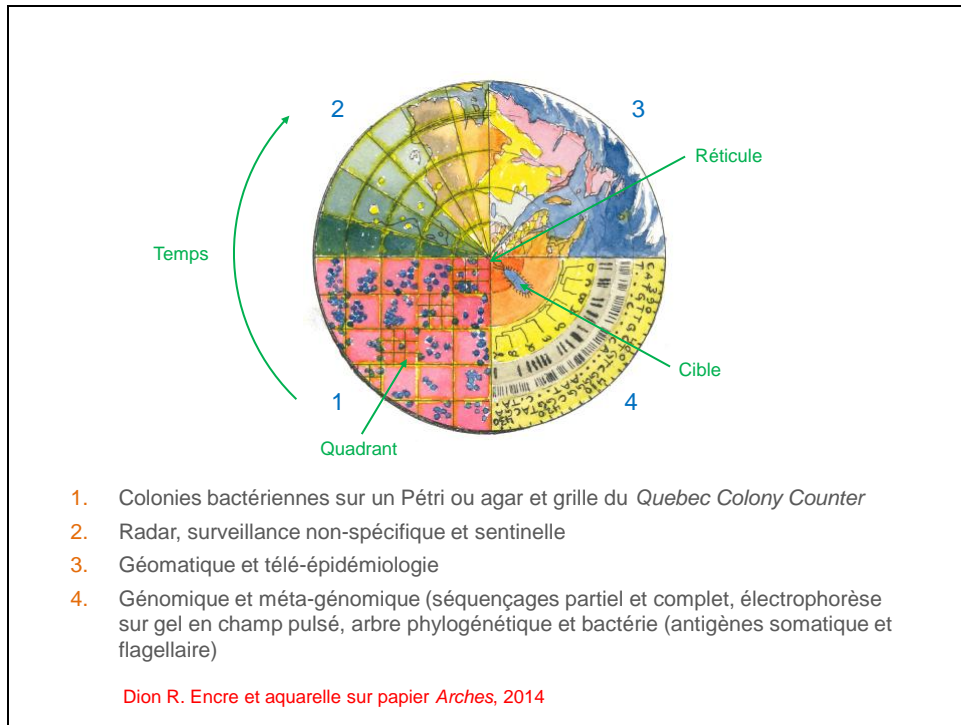
‡ Résumé des 4 rapporteurs de 15 minutes par atelier suivi d'une discussion de 15 minutes.

Signification des acronymes : INSPQ : Institut national de santé publique du Québec; LSPQ : Laboratoire de santé publique du Québec; UdeM : Université de Montréal; FMD : Faculté de médecine; DMII : Département de microbiologie, infectiologie et immunologie; ESPUM : École de santé publique de l'UdeM; FMV : Faculté de médecine vétérinaire; ASPC : Agence de la santé publique du Canada; LNM : Laboratoire national de microbiologie; DSP : Direction de santé publique; BCCDC : *British Columbia Centre for Disease Control*; MAPAQ : ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec; DRBST : Direction des risques biologiques et de la santé au travail; MSSS : ministère de la Santé et des Services sociaux; DPSP : Direction de la protection de la santé publique; BSV : Bureau de surveillance et de vigie; DSET : Direction de la santé environnementale et de la toxicologie.

Annexe 2. Liste des membres du comité scientifique et organisateur du symposium.

- INSPQ, LSPQ :
 - o Cécile Tremblay
 - o Hugues Charest
 - o Sadjia Bekal
- UdeM, FMD, DMII :
 - o Hugo Soudeyans
- UdeM, ESPUM :
 - o Réjean Dion
- UdeM, Faculté de MV :
 - o André Ravel
- INSPQ, DRBST :
 - o Anne Fortin

Annexe 3. Signification des quatres quadrants du logo du symposium.



Notes aux lecteurs:

La diffusion de ce bulletin en partie ou en totalité au sein de vos établissements respectifs est permise et même encouragée, à la condition explicite d'en citer la source. Les renseignements contenus dans ce rapport peuvent être provisoires; il est important de garder ce fait en mémoire lors de l'interprétation de ces données.

Ce bulletin est distribué mensuellement par courriel entre autres aux membres de l'Association des médecins microbiologistes infectiologues du Québec (AMMIQ). Il est déposé sur le site Web de l'INSPQ (à <http://www.inspq.qc.ca/lspq/Default.aspx?pageid=455&annee=2014>) 5 jours ouvrables après sa diffusion aux lecteurs.

Les personnes souhaitant recevoir ce bulletin par courrier électronique sont priées d'en aviser madame Guylaine Meloche, en envoyant un message par courriel à guylaine.meloche@inspq.qc.ca indiquant à Objet «Ajout à la liste d'envoi STATLABO» et dans le corps du message leurs noms et adresses de courriel. Les personnes désirant être retirées de la liste d'envoi de ce bulletin sont priées d'en aviser également madame Guylaine Meloche en envoyant un message par courriel à la même adresse indiquant à Objet «Retrait de la liste d'envoi STATLABO» et dans le corps du message leurs noms adresses de courriel.

Les commentaires concernant ce rapport périodique sont les bienvenus et doivent être adressés au D^r Réjean Dion, INSPQ/LSPQ (courriel: rejean.dion@inspq.qc.ca; tél.: [514] 457-2070 poste 325; fax: [514] 457-6346).

Remerciements:

Nous désirons remercier particulièrement tous les professionnels du LSPQ ainsi que l'AMMIQ pour leur participation à ce projet. Nous remercions également les laboratoires qui acheminent les souches, spécimens et informations utiles au LSPQ (Sources: membres du comité éditorial du bulletin *STATLABO* [Réjean Dion, Marc-Christian Domingo, Philippe Dufresne et Simon Lévesque], INSPQ/LSPQ).

Citation suggérée:

Nous suggérons la citation suivante pour ce bulletin:

Titre de la rubrique (au besoin). Institut national de santé publique du Québec (INSPQ), Laboratoire de santé publique du Québec (LSPQ). Bulletin *STATLABO*. Statistiques d'analyses du LSPQ. *Année;volume(numéro);page(s)*.

