27ES JOURNÉES ANNUELLES DE SANTÉ PUBLIQUE

D'ACQUIS et D'AUDACE

Cette présentation a été effectuée le 3 décembre 2024, au cours de la journée « La génomique : un outil pour la détection et l'investigation d'éclosions » dans le cadre des 27es Journées annuelles de santé publique.

La génomique et l'épidémiologie des infections virales

Grégory Léon, PhD, Direction des risques biologiques (INSPQ)

Inès Levade, PhD, Laboratoire de santé publique du Québec (INSPQ)

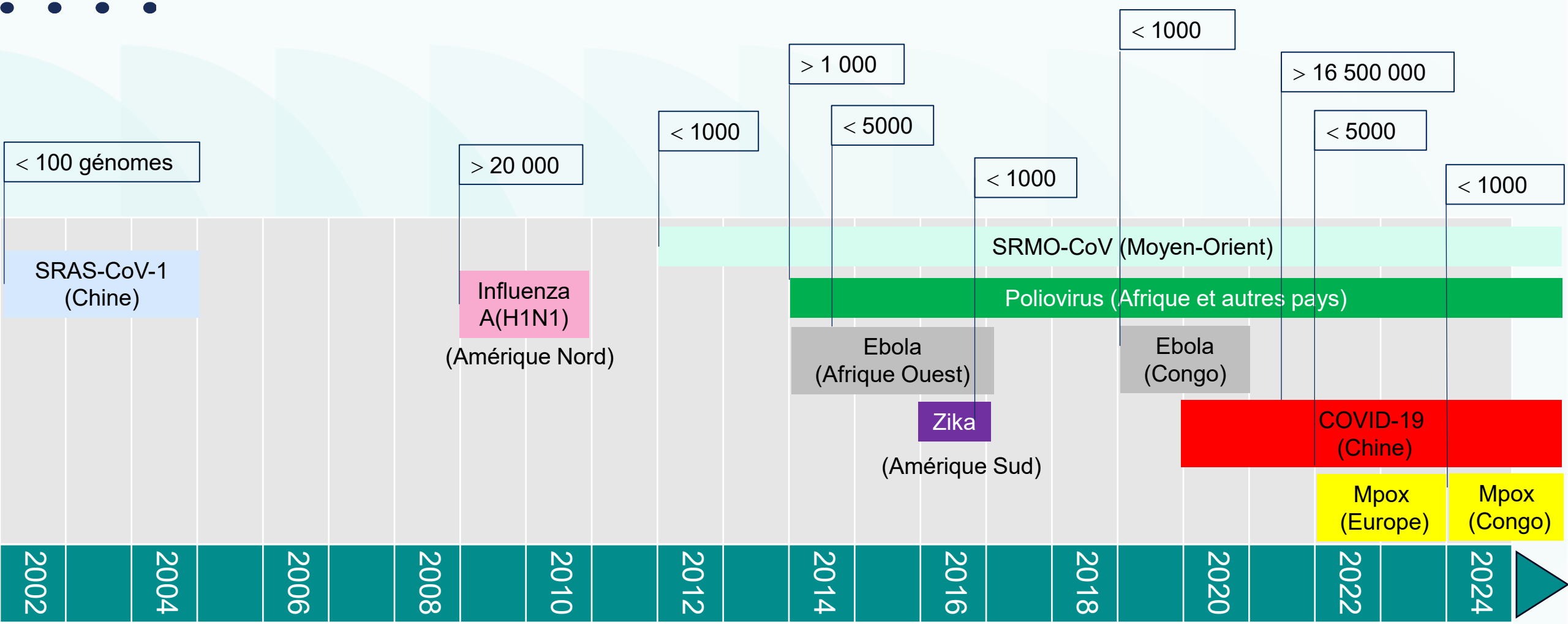
3 décembre 2024

Conflits d’intérêts

Plan de la présentation

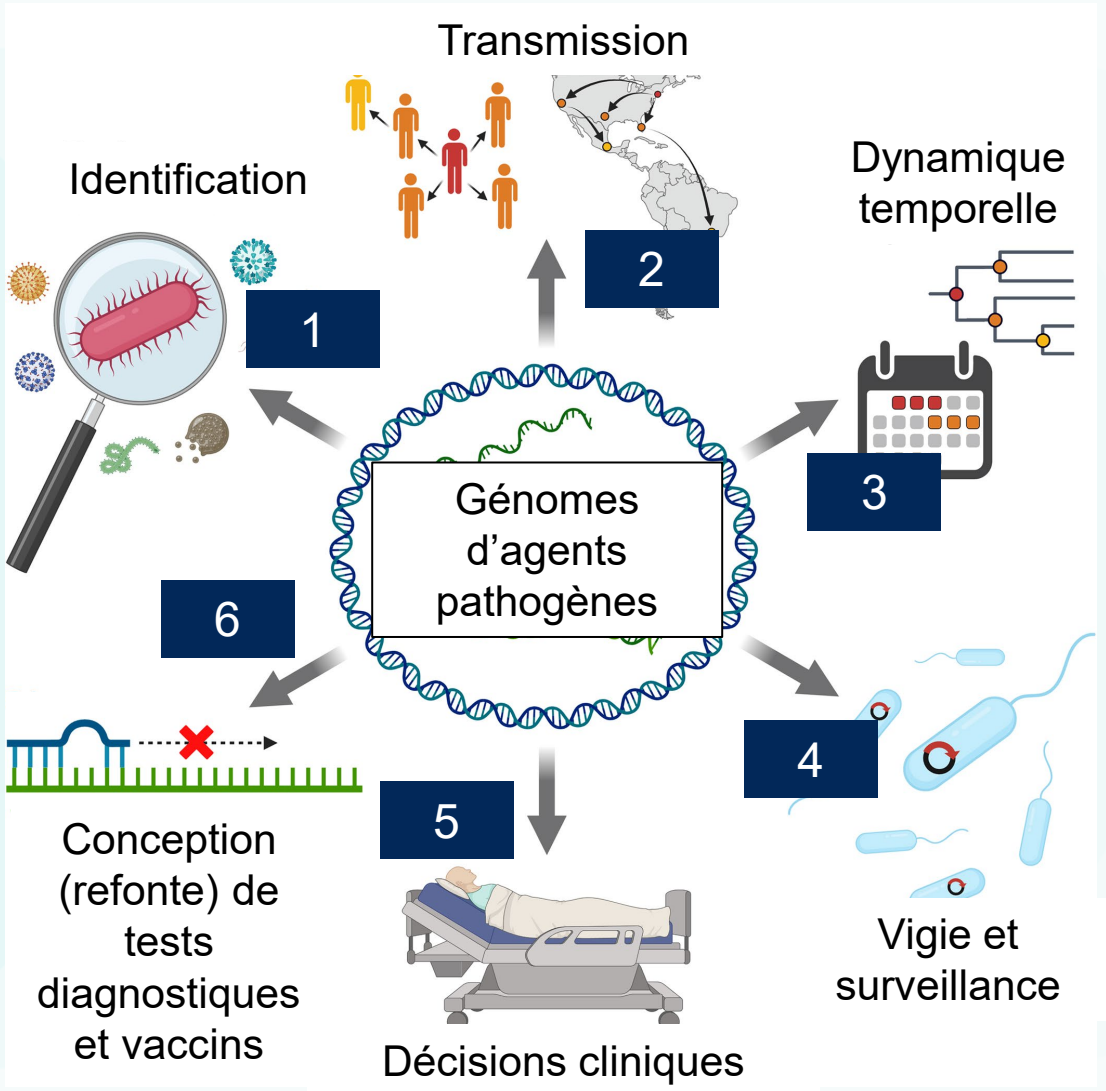
Contributions de la génomique dans le contexte d’épidémies virales

Historique des contributions lors d'épidémies virales



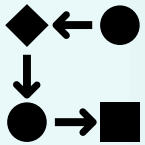
Wilder-Smith et Osman 2020, Journal of Travel Medicine, https://doi.org/10.1093/jtm/taaa227
Meganck et Baric 2021, Nature Medicine, https://doi.org/10.1038/s41591-021-01282-0
Hill et coll. 2023, Cell Host & Microbe, https://doi.org/10.1016/j.chom.2023.03.003

Utilités de la génomique dans un contexte d'épidémie



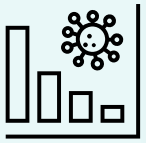
https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3002225

Défis à relever pour les organisations de santé publique



Ladner et Sahl 2023, PLOS Biology, https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3002225
Cunningham et Hopkins 2023, J. Antimicrob. Chemother, 10.1093/jac/dkad310
Agence de la santé publique du Canada, 2023, https://www.canada.ca/fr/sante-publique/organisation/transparence/rapports-gestion/evaluation/reponse-covid-19-lecons-apprises-resume.html

Potentiels actuels et futurs de la génomique



- Renforcement de la surveillance et de la vigie des virus
  - Cas cliniques - hôpitaux et cliniques
  - Communautés - eaux usées des villes et aéroports
  - Réservoirs animaux - élevages et environnement
  - Modélisations épidémiologiques

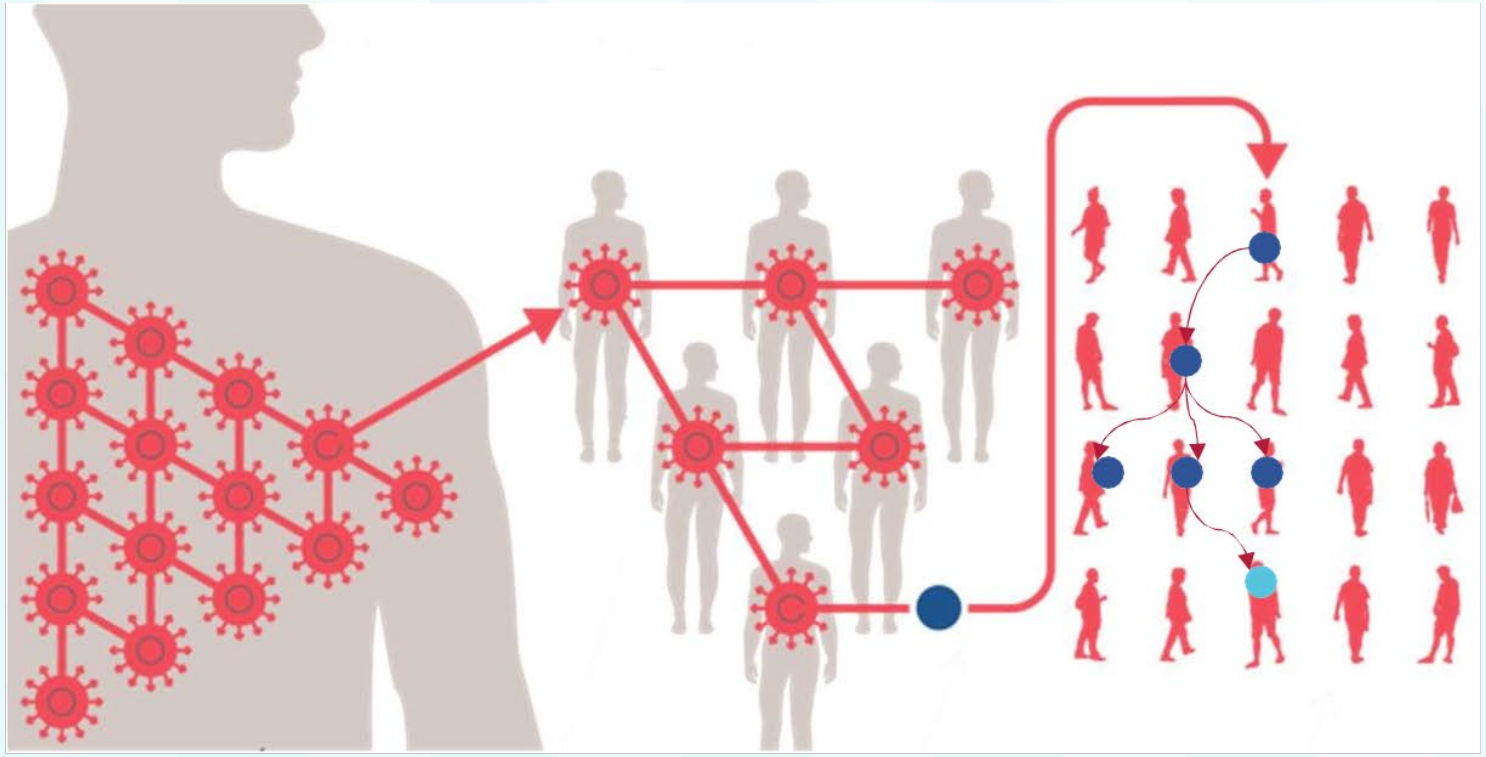
- Données génomiques disponibles en temps réel ?
  - Avancées dans les technologies de séquençage
  - Systèmes d'information mieux intégrés
  - Outils d'analyse alimentés par l'intelligence artificielle

https://doi.org/10.1038/s41564-022-01233-6

2024, Frontiers in Bacteriology, https://doi.org/10.3389/fbrio.2024.1326958

Applications de la génomique en santé publique: exemples de SRAS-CoV-2, Mpox et H5N1

Un virus accumule des mutations au cours du temps



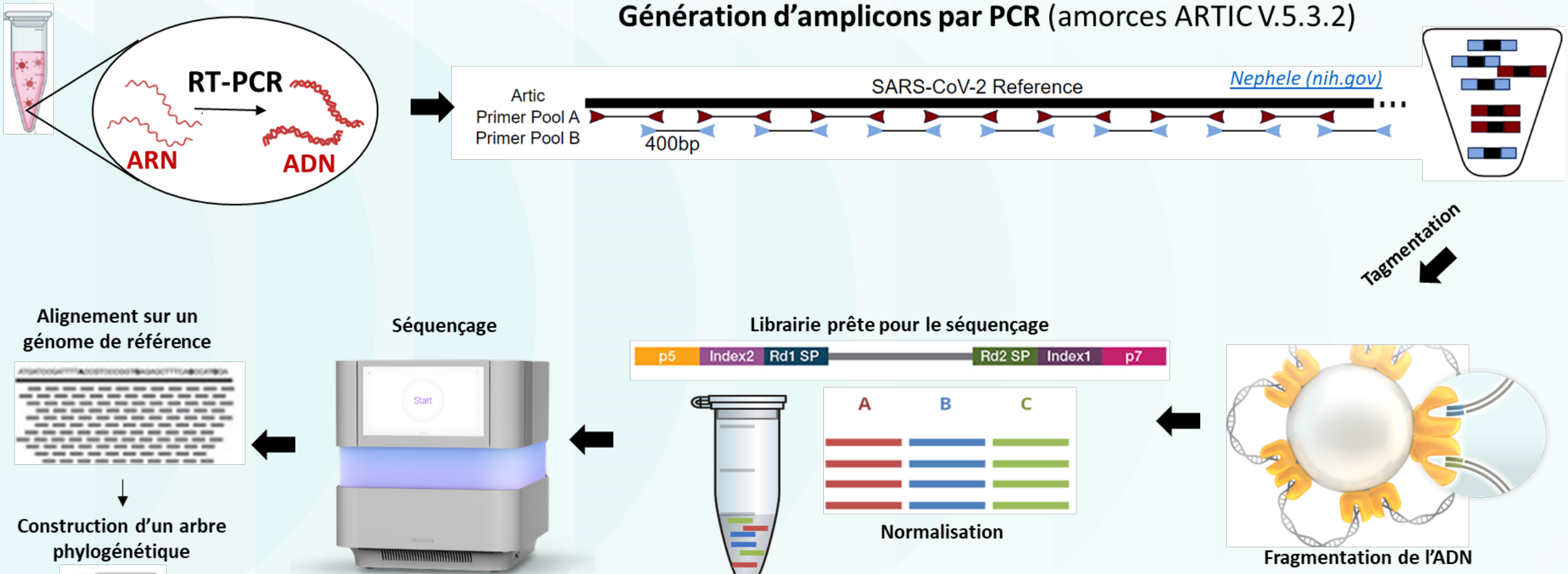
Le virus se réplique beaucoup chez l'hôte

Le processus se répète à chaque nouvel hôte

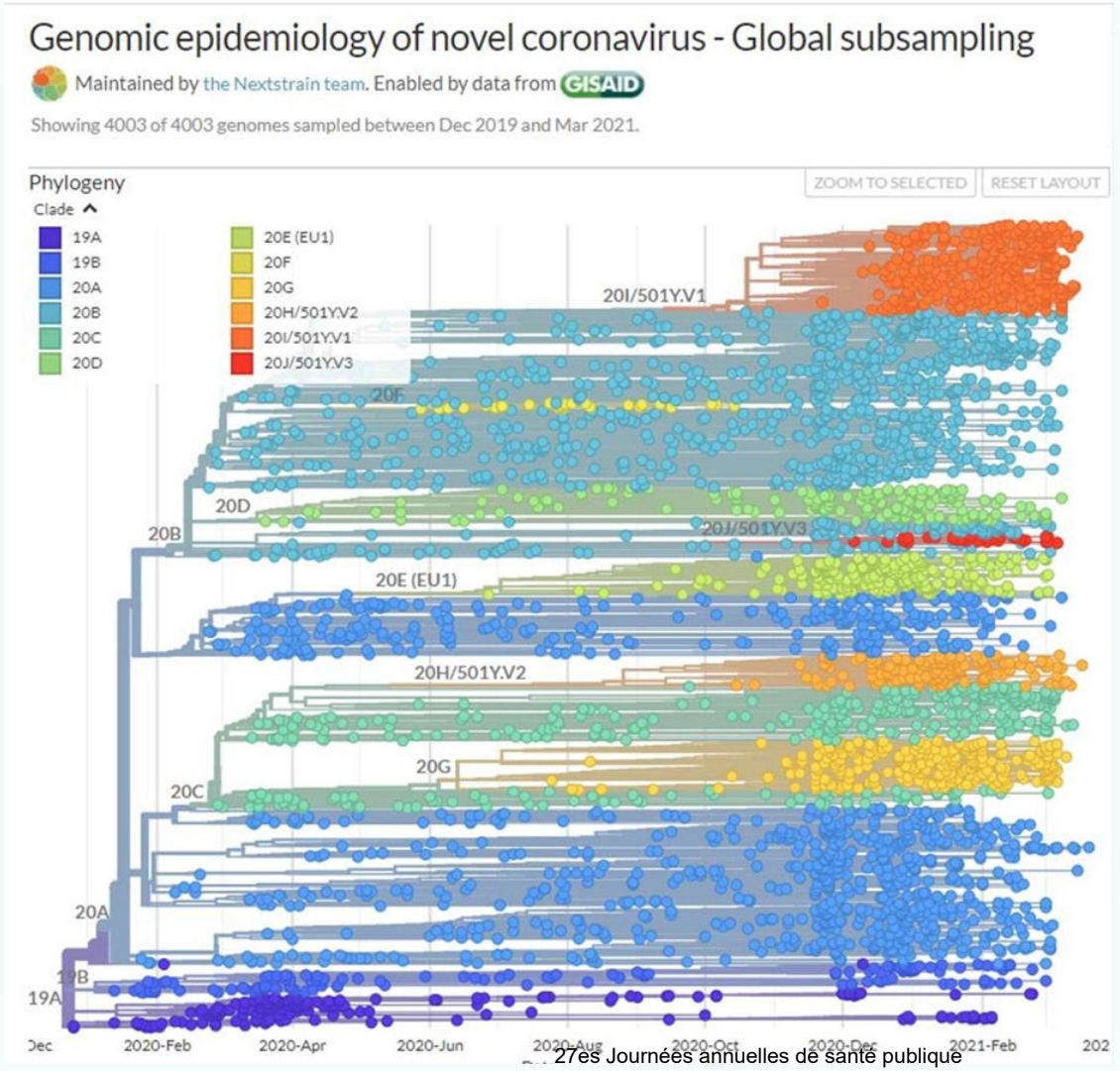
Lors de la réplication de son génome, le virus peut faire une erreur. Souvent, elle est sans conséquence pour le virus

- Lorsque l'on séquence le virus, on peut identifier ces mutations
  - SARS-CoV-2: 1 mutation / 10-15 jours

Séquençage nouvelle génération par amplicon: exemple du SRAS-CoV-2



Le système de classification des variants de SRAS-CoV-2: Pango et OMS



SARS-Cov-2 : vigie des variants

Institut national de santé publique Québec

Point

ÉTAT DE SITUATION

En suivi de	11 janvier 2022

SUJET	Sous-lignées et recombinants du variant Omicron du SRAS-CoV-2 au Québec (mises à jour depuis la dernière version en jaune)

BUT DE LA PRÉSENTATION	Décision ☐	Information ☒	Discussion ☐

CONTEXTE ET ENJEUX (Résumé du dossier)

À retenir

- XBB.1.5 est en progression au niveau international, notamment aux États-Unis où il est dominant dans les États du nord-est. CH.1.1* (sous-lignées de BA.2.75.3) sont en croissance rapide à l'échelle internationale, notamment en Europe.
- XBB.1.5 et CH.1.1* présentent un taux de croissance hebdomadaire supérieur à BQ.1.1* au niveau mondial. Parmi les sous-lignées sous surveillance, XBB.1.5 et CH.1.1* montrent un échappement aux anticorps (monoclonaux ou induits par la vaccination) le plus élevé.
- Actuellement, il n'y a pas d'indication d'un changement de virulence des cas liés à XBB* et BA.2.75* comparativement à d'autres sous-lignées d'Omicron.
- Au Québec, pour la semaine CDC 02 du 08 au 14 janvier 2023, voici les données provenant du séquençage représentatif des lignées circulantes en communauté pour les principales lignées, incluant leurs sous-lignées : BA.2.75 = 3,3%, BA.4.6 = 1,0%, BA.5 (excluant BF.7 et BQ.1) = 11,5%, BF.7 = 1,4%, BQ.1 (excluant BQ.1.1) = 15,3% et BQ.1.1 = 57,3%, XBB (excluant XBB.1.5) = 1,4%, XBB.1.5 = 7,8%.

Équipe multi-direction

(LSPQ, DRB, BIESP, DSETT)

Suivi d'éclosion : service d'hémodialyse

Salle E, Lu-Me-Ve
3) nouvelle: MARIE

Salle F, Ma-Je-Sa
2) GUY
3) LANI, BELIM

Salle D, Ma-Je-Sa
2) BARNEY

Salle C, Lu – Me – Ve
1) CELIM, BLAKE, WILL

Infirmière
2) LARA

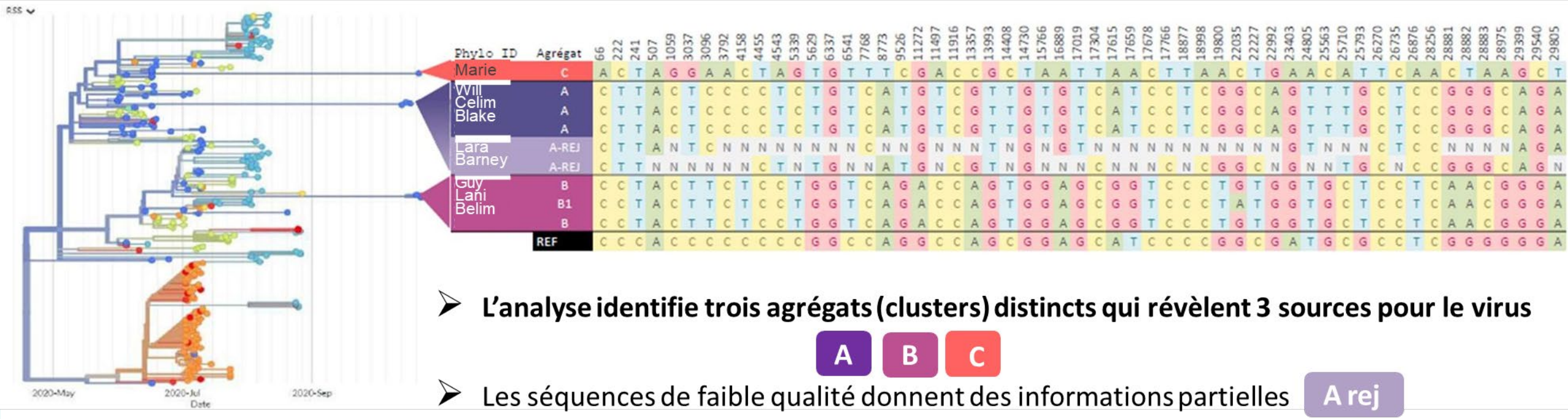
Transport STM

Salle d'attente

Les noms sont fictifs

- *Les patients dans une même salle ont-ils la même souche ?*
- *D'où vient la souche de la nouvelle patiente MARIE ?*

Suivi d'éclosion : service d'hémodialyse



- **L'analyse identifie trois agrégats (clusters) distincts qui révèlent 3 sources pour le virus**

A **B** **C**

- Les séquences de faible qualité donnent des informations partielles **A rej**
- À l'intérieur d'un agrégat, on ne peut pas systématiquement inférer la source et la direction de la transmission (Ex.: Lani)

Suivi d'éclosion : service d'hémodialyse

Salle E, Lu-Me-Ve
3) nouvelle: MARIE

Salle F, Ma-Je-Sa
2) GUY
3) LANI, BELIM

Transport STM

Salle d'attente

Salle D, Ma-Je-Sa
2) BARNEY

Salle C, Lu – Me – Ve
1) CELIM, BLAKE, WILL

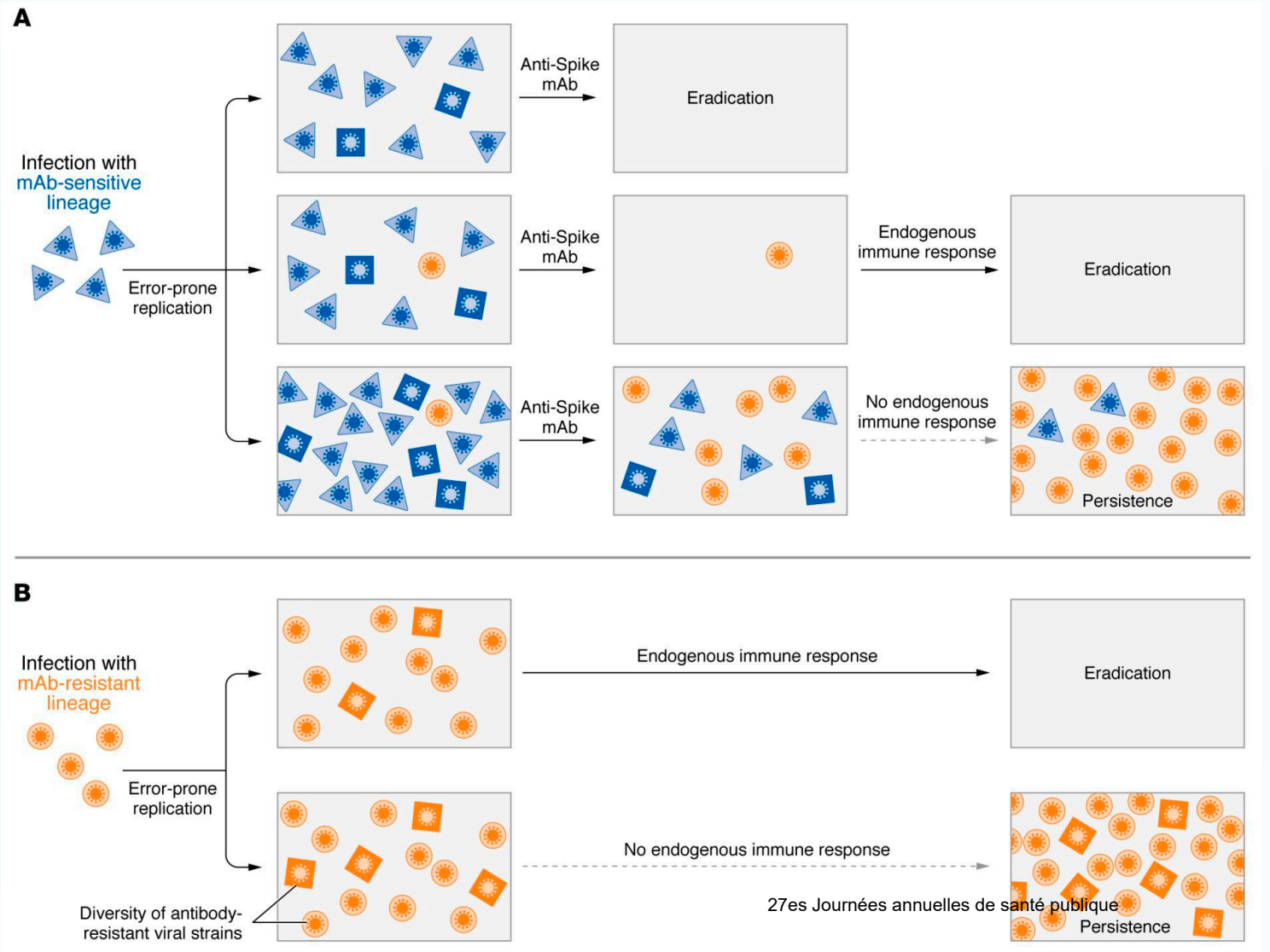
Infirmière
2) LARA

A B C A rej

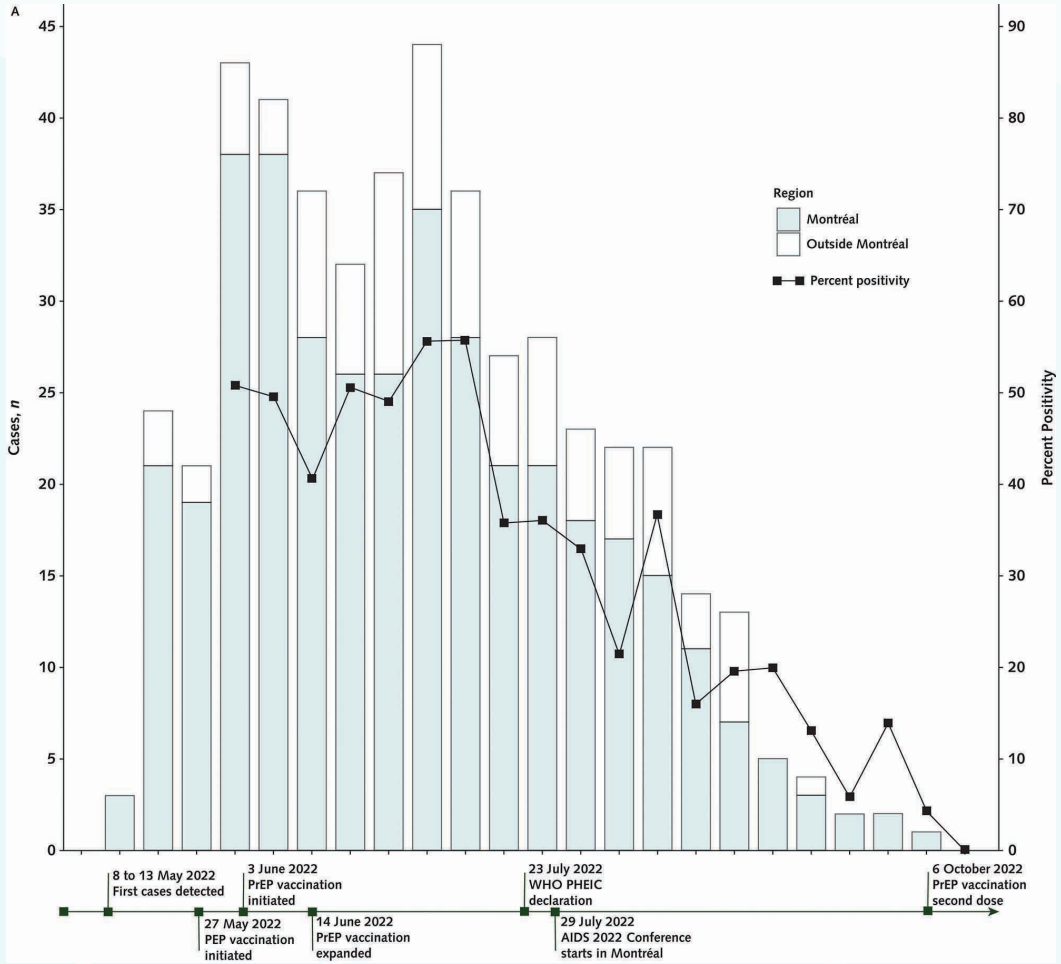
Noms fictifs

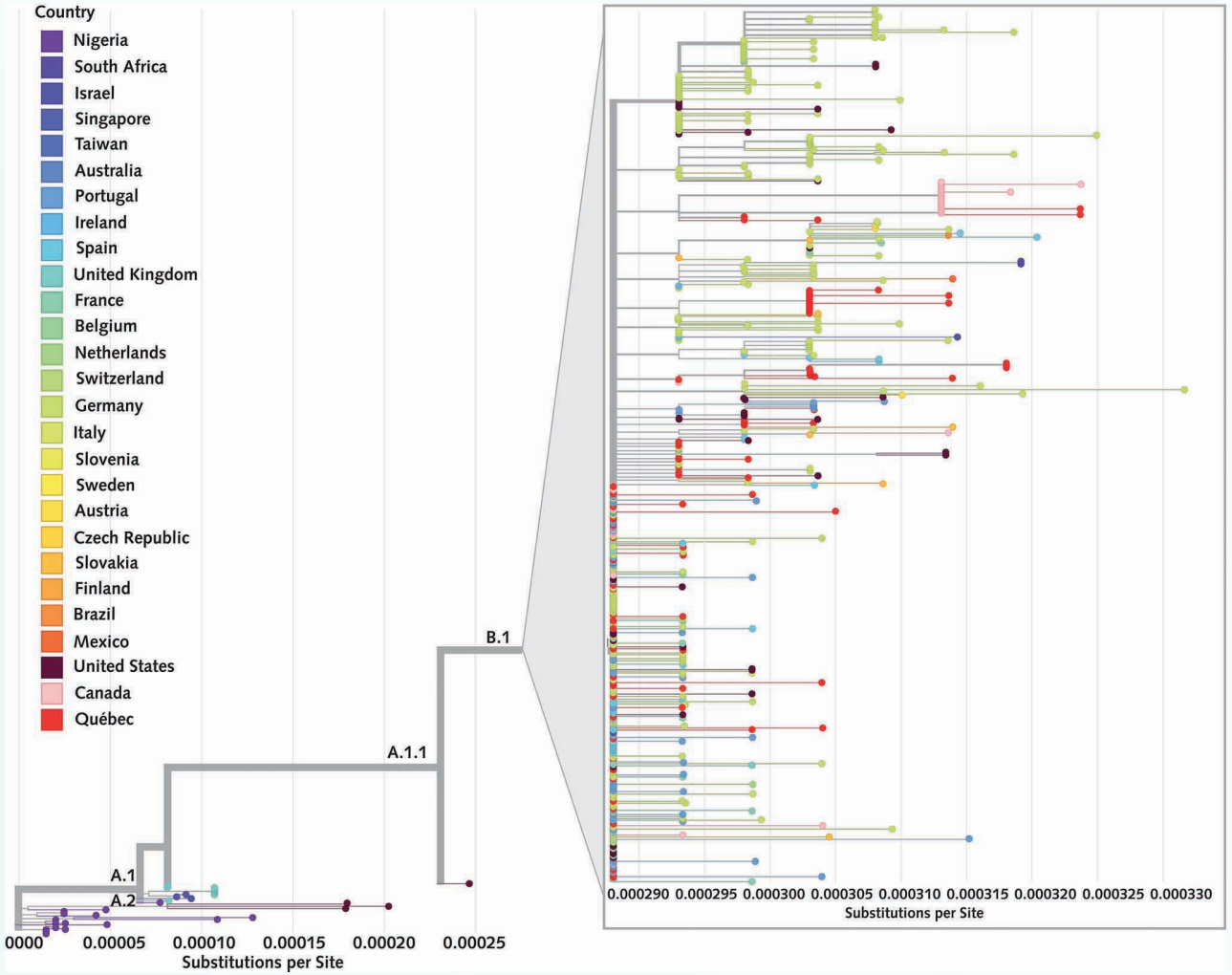
- *Les patients dans une même salle ont-ils la même souche ?* ***Oui, mais …***
- *D'où vient la souche de la nouvelle patiente MARIE ?* ***Source communautaire***

Séquencage prioritaire de SRAS-CoV-2: patients immunosupprimés et résistances aux traitements



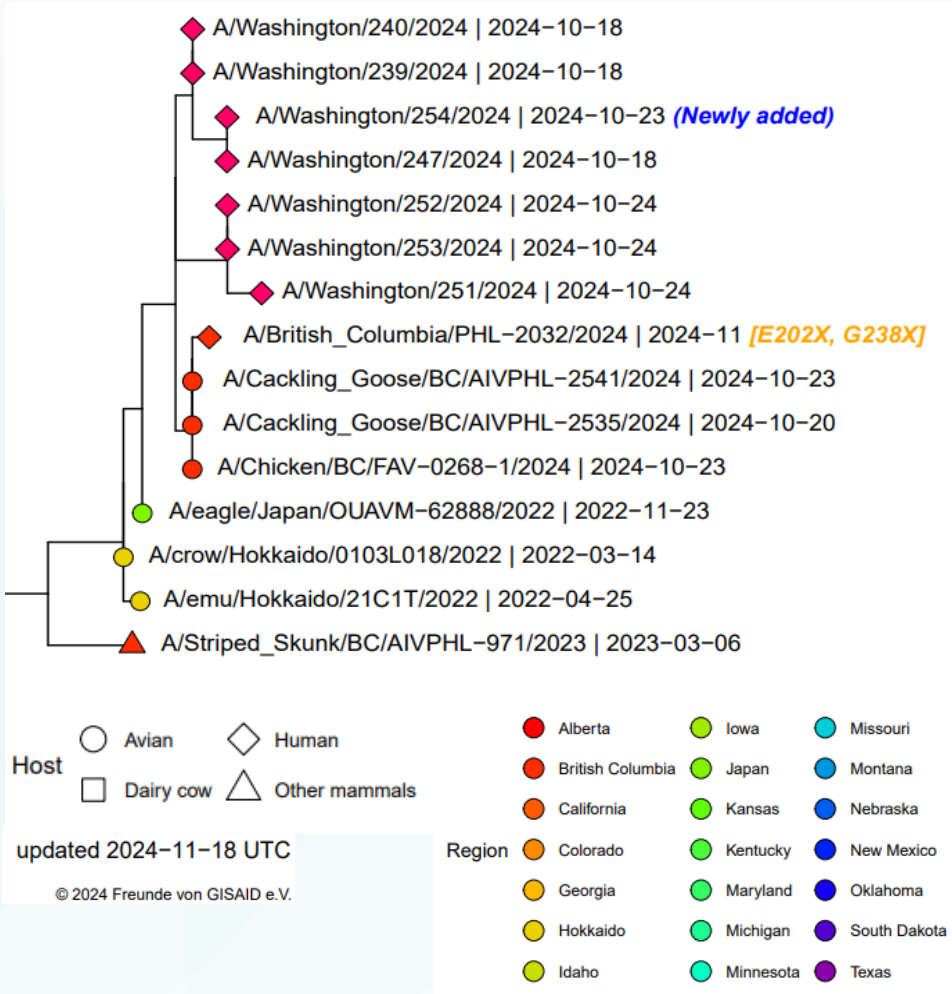
Epidémiologie moléculaire de Mpox en 2022 au Québec





Premier cas humain de H5N1 détecté au Canada

- Origine du cas ? Transmission épizootique ou humaine?
- Profil mutationnel ? Mutation d'adaptation à l'hôte humain ? Résistance aux antiviraux ?



Génomique des virus: projets et développements en cours au LSPQ

- Surveillance génomique de SRAS-CoV-2 à partir d'échantillons cliniques (176 échantillons séquencés aux deux semaines)
- Séquencage des eaux usées de l'aéroport de Montréal pour la détection de SRAS-CoV-2

✳ En développement:

- Séquencage du virus respiratoire syncytial: surveillance, résistance aux vaccins et traitements (ex: Nirsévimab)
- Séquencage du virus Influenza A: surveillance des sous-types circulants, résistance aux vaccins et traitements.