

## ***Par courrier électronique***

Sainte-Anne-de-Bellevue, le 23 mars 2021

Aux responsables des laboratoires de microbiologie  
Aux médecins microbiologistes infectiologues  
Aux coordonnateurs techniques des laboratoires  
Aux directeurs de santé publique  
Aux codirecteurs OPTILAB

### **Objet : Détection des variants du SRAS-CoV-2 sous surveillance rehaussée**

---

Madame,  
Monsieur,

Suite au déploiement dans les laboratoires du réseau de nouvelles épreuves TAAN de détection des mutations associées aux variants sous surveillance rehaussée (VSSR), nous souhaitons préciser la sensibilité de cette méthode et clarifier les limites d'interprétation des résultats.

Il existe actuellement plus de 4000 lignées de SRAS-CoV-2 décrites. Au Québec, quatre variants font l'objet d'une surveillance rehaussée; le variant B1.1.7 (d'émergence du Royaume-Uni), le variant B1.351 (d'émergence d'Afrique du Sud), le variant P1 (d'émergence du Brésil) et le variant B1.525 (d'émergence du Nigéria). Ces lignées possèdent des mutations qui peuvent avoir un impact sur la transmission, la sévérité de la maladie et la réponse vaccinale. En plus de la surveillance basée sur le séquençage aléatoire et ciblé déjà en place, une stratégie additionnelle basée sur les TAAN de détection des mutations associées à ces variants (501Y, del 69-70, E484K) est déployée dans le réseau des laboratoires du Québec afin de dresser un portrait plus précis de leur prévalence, de leur distribution dans la province et surtout d'informer rapidement les directions régionales de santé publique de la présence présomptive de VSSR sur leur territoire.

Les épreuves TAAN pour la recherche de mutation et le séquençage du génome entier ont des sensibilités moindres que les épreuves diagnostiques pour les SRAS-CoV-2. Il est attendu que les échantillons ayant une quantité d'ARN plus faible (au-delà d'une Ct de 30 avec le PCR du LSPQ) pourraient ne pas générer de résultats interprétables, dû à leur charge virale trop faible. Entre 20 et 30 % des analyses de séquences ne sont pas réussies à cause de la charge virale trop faible ou de la mauvaise qualité de l'ARN lorsque les conditions de transport ou d'entreposage des échantillons ne sont pas bien respectées.

Pour le moment, il est important de **ne pas surinterpréter** les résultats de criblage. En effet, il est encore prématuré de conclure à la présence d'une lignée spécifique à partir du résultat d'une ou

quelques mutations du SRAS-CoV-2. De plus, une mutation peut ne pas être détectée au test de criblage, mais que le VSSR soit tout de même confirmé au séquençage. À l'inverse, une mutation peut être détectée sans que la séquence génétique trouvée ne corresponde pas à un VSSR. Par conséquent, et pour l'instant dès qu'une des mutations (délétion 69/70, mutation N501Y ou mutation E484K) est détectée par le test de criblage, le cas doit être considéré comme un variant sous surveillance rehaussée **présomptif** et confirmer par séquençage du génome entier. Toutefois, il est possible, dans un avenir rapproché, que les laboratoires sortent un résultat final sans confirmation par séquençage basé sur une combinaison de mutations qui définissent avec justesse le variant.

Le LSPQ est en mesure de faire des tests de criblage et séquençage complet du virus. Chacune des demandes d'analyses doit être accompagnée d'une requête PHAGE :

- Pour une demande de criblage, veuillez sélectionner l'analyse **Coronavirus (SARS-CoV-2) : criblage de variant à surveillance rehaussée**;
- Pour une demande de séquençage complet, veuillez sélectionner l'analyse **Coronavirus (SARS-CoV-2) : séquençage prioritaire**.

En comptant sur votre collaboration habituelle, veuillez recevoir, Madame, Monsieur, nos meilleures salutations.

---

Michel Roger, M.D., Ph. D., FRCPC  
Directeur médical

---

Judith Fafard, M.D., FRCPC  
Médecin microbiologiste-infectiologue conseil