

RÉSUMÉ ÉPIDÉMIOLOGIQUE HEBDOMADAIRE

Séquençage du génome entier du SARS-CoV-2 en Ontario, 5 avril 2022

Ce rapport présente un résumé des résultats du séquençage du génome entier du SARS-CoV-2 effectué par Santé publique Ontario le 31 mars 2022 et par des laboratoires partenaires du Réseau génomique COVID-19 de l'Ontario le 30 mars 2022.

Contexte

La surveillance continue des données génomiques mondiales sur le SARS-CoV-2 a permis d'identifier des modifications qui se produisent dans le génome à mesure qu'il se propage dans les diverses populations. Ces modifications ou mutations aléatoires se produisent au fil de l'évolution d'un virus. L'accumulation de ces mutations peut communément entraîner l'apparition d'une nouvelle lignée virale. Ces nouvelles lignées de séquence génomique légèrement différente s'appellent des variants. Bien que la capacité de propagation et le pouvoir pathogène d'un grand nombre de ces variants ne diffèrent pas, certains présentent des mutations susceptibles d'accroître la virulence et la transmissibilité du virus ou de lui permettre de déjouer l'immunité naturelle ou induite par un vaccin.

Le séquençage du génome entier (SGE) de certains échantillons permet de détecter les variants et les mutations d'un virus. La sérosurveillance mondiale du génome du SARS-CoV-2 a permis d'identifier de nombreux variants d'intérêt clinique ou de santé publique, appelés variants préoccupants (VP). Les VP actuellement connus sont le B.1.1.7 (Alpha), le B.1.351 (Bêta), le P.1 (Gamma), le B.1.617.2 (Delta) et le B.1.1.529 (Omicron). Le SGE a également permis de relever plusieurs variants d'intérêt (VI), qui peuvent avoir une ou plusieurs mutations en commun avec un VP, mais pour lesquels il n'existe actuellement pas suffisamment de données probantes pour être classés comme des VP (c.-à-d. des preuves de transmissibilité, de gravité ou d'échappement immunitaire accrus). Ces variants sont aussi caractérisés et surveillés au moyen de la surveillance génomique. Un variant d'intérêt peut être reclassé en variant préoccupant s'il y a suffisamment de preuves scientifiques pour soutenir cette désignation. Les catégories VP et VI évoquées dans le présent rapport proviennent de [l'Agence de la santé publique du Canada \(ASPC\)](#)¹, de [l'Organisation mondiale de la santé \(OMS\)](#)² et du [Centre européen de prévention et de contrôle des maladies \(CEPCM\)](#).³

À mesure que le SARS-CoV-2 évolue, les lignées se divisent naturellement en sous-lignées descendantes, soit un groupe étroitement lié génétiquement provenant d'une même souche virale ancestrale. De nouvelles dénominations sont attribuées aux lignées des branches descendantes, comme la représentation du variant Delta pour inclure les lignées AY (p. ex., AY.4.2). La désignation d'une lignée descendante ne signifie pas qu'elle présente une différence biologique par rapport à la lignée parentale, mais plutôt qu'elle représente un groupe génétique précis pouvant être suivi séparément. À l'heure actuelle, il n'existe aucune donnée probante indiquant que les lignées descendantes présentent des caractéristiques biologiques différentes (p. ex., échappement immunitaire) par rapport à la lignée parentale. D'autres recherches fourniront peut-être des données probantes sur l'existence d'une différence, après quoi l'OMS attribuera une autre lettre grecque au nouveau variant émergent.

Le Réseau génomique COVID-19 de l'Ontario (RGCO) effectue un séquençage du génome entier (SGE) des échantillons reçus à des fins de test de diagnostic du SARS-CoV-2 ou de test PCR pour le dépistage des VP. Les séquençages sont traités par le truchement d'analyses bioinformatiques et se voient attribuer une lignée Pango⁴ grâce à l'outil Pangolin⁵, ce qui permet d'identifier les VP, les VI et d'autres lignées.

Faits saillants

- Au total 7 367 cas ont été séquencés par le RGCO à des fins de surveillance représentative entre le 20 février et le 19 mars 2022.
- Au cours de la dernière semaine (du 13 au 19 mars 2022), la lignée BA.2 était la plus prévalente (574,0 %), suivie des lignées BA.1.1 (41,2 %) et BA.1 (4,9 %).
- Le pourcentage de cas de BA.2 identifiés au moyen de la surveillance représentative a augmenté entre la période du 6 au 12 mars 2022 (36,8 %) et celle du 13 au 19 mars 2022 (54,0 %).
 - Au cours des 12 dernières semaines, le taux de croissance hebdomadaire de la lignée BA.2 était 1,57 fois supérieur à celui de la lignée BA.1.
 - Au cours de la dernière semaine, le Bureau de santé de la région de Halton a rapporté le plus fort pourcentage de cas de BA.2 (68,3 %), suivi du Bureau de santé de la région de Peel (67,7 %), en excluant les bureaux de santé publique qui ont séquencés moins de 50 cas.
- Au total 3 699 cas de BA.2 ont été recensés depuis le 1^{er} janvier 2021.

Depuis le 31 décembre 2021, l'utilisation du test PCR comme outil de diagnostic était réservée aux populations les plus vulnérables. En conséquence, la surveillance représentative ne s'applique qu'aux populations testées.

Le RGCO est passé du séquençage de 20 % à 50 % des échantillons admissibles le 9 mars 2022.

Representative Surveillance

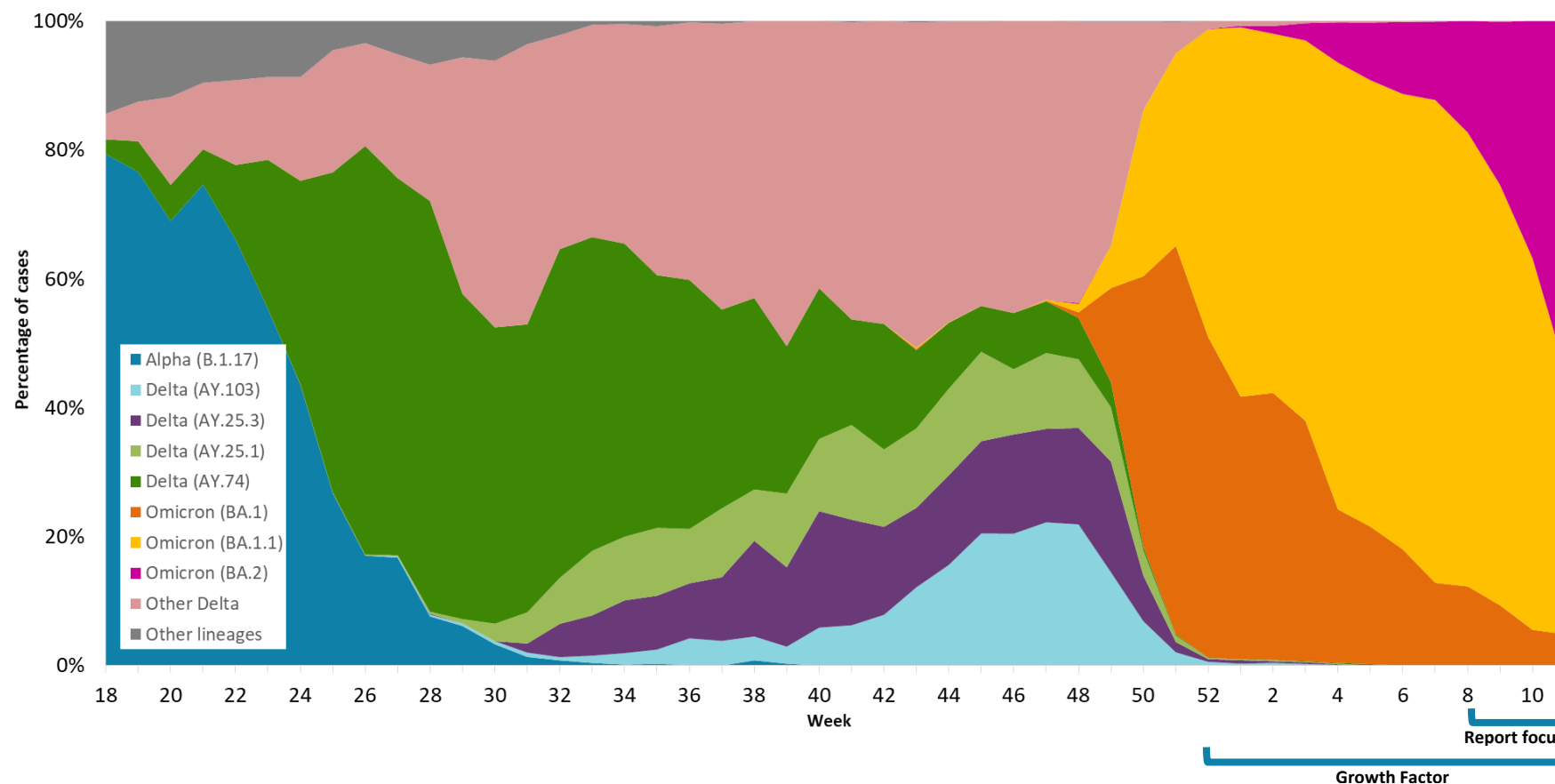
Table 1. Number of COVID-19 cases, number and percentage of cases sequenced for representative surveillance by week, Ontario, February 20 to March 19, 2022

Week	Number of cases	Number sequenced	Percentage sequenced
Week 8 (February 20 to February 26)	12,406	1,286	10.4%
Week 9 (February 27 to March 5)	11,411	1,251	11.0%
Week 10 (March 6 to March 12)	11,396	2,109	18.5%
Week 11 (March 13 to March 19)	11,311	2,721	24.1%
Total	46,524	7,367	15.8%

Note: ‘Number of cases’ is the number of confirmed positive cases of COVID-19 in Ontario. Date was assigned to best align with sample collection date, which may differ from other PHO products. ‘Number sequenced’ is the number of cases sequenced for representative surveillance. Results may not be representative of Ontario overall, and do not include all samples tested for other reasons including travel, outbreak investigation, coroner’s cases, reinfection or possible vaccine escape. ‘Percentage sequenced’ may be lower than the sampling proportion because not all cases are eligible to be sequenced (i.e. excludes samples with cycle threshold >30 or insufficient volume). For representative surveillance: details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Week was assigned based on earliest date available for a sample. Results for recent weeks are incomplete as not all sequencing and bioinformatics analyses were complete at the time of data extraction and will be included in subsequent reports.

Data source: CCM, PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program

Figure 1. Percentage of COVID-19 cases by the most prevalent lineages and week, representative surveillance, Ontario, May 2, 2021 to March 19, 2022



Note: Results may not be representative of Ontario overall, particularly in earlier weeks. Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Week was assigned based on earliest date available for a sample. If more than one sample was sequenced for a case, the most recent sample was included. Results for recent weeks are incomplete as not all sequencing and bioinformatics analyses were complete at the time of data extraction and will be included in subsequent reports.

Data source: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program

Table 2. Weekly relative growth rate by Pango lineage, representative surveillance, Ontario, December 26, 2021 to March 19, 2022

WHO label/Pango lineage	Number (% of total cases)	Weekly relative growth rate (95% Confidence Interval)
Delta	219 (1.0%)	0.63 (0.58 - 0.69)
Omicron		
BA.1	6,112 (27.4%)	0.80 (0.79 - 0.81)
BA.1.1	12,760 (57.2%)	1.00 (reference)
BA.2	3,231 (14.5%)	1.57 (1.54 - 1.60)
Total cases	22,322 (100%)	

Note: Includes Delta and all Omicron lineages detected in the past month. 'Number (% of total cases)' presents the number and percentage of cases for a given lineage out of all cases sequenced with lineages presented in the table. The weekly relative growth rate is a measure of a lineage's growth rate relative to the reference lineage. Details on the methodology used to calculate relative growth rates can be found in the technical notes.

Data source: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program

Table 3. Number and percentage of cases by Pango lineage and week, representative surveillance, Ontario, February 20 to March 19, 2022

WHO label/Pango lineage	Week 8 (February 20 to February 26)	Week 9 (February 27 to March 5)	Week 10 (March 6 to March 12)	Week 11 (March 13 to March 19)	Total (February 20 to March 19)
Delta	1 (0.1%)	1 (0.1%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	2 (<0.1%)
Omicron	1,285 (99.9%)	1,250 (99.9%)	2,109 (100%)	2,721 (100%)	7,365 (>99.9%)
BA.1	157 (12.2%)	117 (9.4%)	117 (5.5%)	132 (4.9%)	523 (7.1%)
BA.1.1	906 (70.5%)	816 (65.3%)	1,216 (57.7%)	1,121 (41.2%)	4,059 (55.1%)
BA.2	222 (17.3%)	317 (25.4%)	776 (36.8%)	1,468 (54.0%)	2,783 (37.8%)
Other lineages	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Total sequenced	1,286 (100%)	1,251 (100%)	2,109 (100%)	2,721 (100%)	7,367 (100%)

Note: Includes Delta and all Omicron lineages detected in the past month. Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Week was assigned based on the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for recent weeks were complete at the time of data extraction. Case counts for these weeks may increase in subsequent reports.

Data source: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program

Table 4. Number and percentage of cases by Pango lineage and age group, representative surveillance, Ontario, February 20 to March 19, 2022

WHO label/Pango lineage	Ages: 0-4	Ages: 5-11	Ages: 12-19	Ages: 20-39	Ages: 40-59	Ages: 60-79	Ages: 80 and over	Total
Delta	1 (0.5%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	1 (<0.1%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	2 (<0.1%)
Omicron	218 (99.5%)	425 (100%)	638 (100%)	2,680 (100%)	2,212 (>99.9%)	788 (100%)	400 (100%)	7,361 (>99.9%)
BA.1	18 (8.3%)	23 (5.4%)	29 (4.5%)	210 (7.8%)	163 (7.4%)	56 (7.1%)	23 (5.8%)	522 (7.1%)
BA.1.1	117 (53.7%)	220 (51.8%)	365 (57.2%)	1,417 (52.9%)	1,203 (54.4%)	476 (60.4%)	258 (64.5%)	4,056 (55.1%)
BA.2	83 (38.1%)	182 (42.8%)	244 (38.2%)	1,053 (39.3%)	846 (38.2%)	256 (32.5%)	119 (29.8%)	2,783 (37.8%)
Other lineages	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Total sequenced	219 (100%)	425 (100%)	638 (100%)	2,680 (100%)	2,213 (100%)	788 (100%)	400 (100%)	7,363 (100%)

Note: Includes Delta and all Omicron lineages detected in the past month. Age was assigned based on the birth date provided in OCGN, and if missing, based on the birth date from CCM; excludes cases with missing birth dates.

Data source: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program, CCM

Table 5. Percentage of BA.2 (Omicron) cases identified (number identified/total sequenced) by public health unit (PHU), region, and week, representative surveillance, Ontario, February 20 to March 19, 2022

Public Health Unit	Week 8 (February 20 to February 26)	Week 9 (February 27 to March 5)	Week 10 (March 6 to March 12)	Week 11 (March 13 to March 19)	Total (February 20 to March 19)
Northwestern Health Unit	20.8% (5/24)	14.3% (3/21)	21.4% (6/28)	25.0% (5/20)	20.4% (19/93)
Thunder Bay District Health Unit	13.3% (4/30)	13.0% (3/23)	6.7% (3/45)	7.0% (3/43)	9.2% (13/141)
TOTAL NORTH WEST	16.7% (9/54)	13.6% (6/44)	12.3% (9/73)	12.7% (8/63)	13.7% (32/234)
Algoma Public Health	16.7% (1/6)	0.0% (0/1)	50.0% (2/4)	60.0% (3/5)	37.5% (6/16)
North Bay Parry Sound District Health Unit	2.9% (1/34)	2.4% (1/42)	4.1% (2/49)	40.0% (4/10)	5.9% (8/135)
Porcupine Health Unit	0.0% (0/29)	10.0% (1/10)	5.0% (1/20)	12.5% (4/32)	6.6% (6/91)
Public Health Sudbury & Districts	0.0% (0/3)	0.0% (0/2)	0.0% (0/5)	28.6% (6/21)	19.4% (6/31)
Timiskaming Health Unit	0.0% (0/1)	0.0% (0/4)	28.6% (2/7)	14.3% (1/7)	15.8% (3/19)
TOTAL NORTH EAST	2.7% (2/73)	3.4% (2/59)	8.2% (7/85)	24.0% (18/75)	9.9% (29/292)
Ottawa Public Health	12.4% (12/97)	14.0% (14/100)	23.4% (25/107)	39.2% (49/125)	23.3% (100/429)
Eastern Ontario Health Unit	0.0% (0/16)	8.3% (2/24)	0.0% (0/27)	37.9% (11/29)	13.5% (13/96)
Hastings Prince Edward Public Health	12.5% (3/24)	0.0% (0/19)	17.6% (6/34)	36.5% (23/63)	22.9% (32/140)
Kingston, Frontenac and Lennox & Addington Public Health	6.6% (4/61)	10.0% (6/60)	22.9% (36/157)	39.3% (77/196)	25.9% (123/474)
Leeds, Grenville & Lanark District Health Unit	6.1% (2/33)	8.3% (2/24)	22.2% (6/27)	29.0% (9/31)	16.5% (19/115)
Renfrew County and District Health Unit	0.0% (0/25)	12.5% (3/24)	8.7% (2/23)	50.0% (16/32)	20.2% (21/104)
TOTAL EASTERN	8.2% (21/256)	10.8% (27/251)	20.0% (75/375)	38.9% (185/476)	22.7% (308/1,358)
Durham Region Health Department	13.5% (10/74)	19.2% (14/73)	44.1% (49/111)	57.1% (80/140)	38.4% (153/398)
Haliburton, Kawartha, Pine Ridge District Health Unit	0.0% (0/13)	0.0% (0/15)	8.0% (2/25)	56.7% (17/30)	22.9% (19/83)
Peel Public Health	39.2% (29/74)	54.1% (40/74)	52.4% (55/105)	67.7% (84/124)	55.2% (208/377)
Peterborough Public Health	23.1% (3/13)	14.3% (1/7)	42.1% (8/19)	43.5% (10/23)	35.5% (22/62)
Simcoe Muskoka District Health Unit	15.2% (7/46)	18.3% (11/60)	33.7% (33/98)	48.8% (79/162)	35.5% (130/366)
York Region Public Health	30.0% (18/60)	24.2% (16/66)	49.5% (49/99)	64.5% (80/124)	46.7% (163/349)
TOTAL CENTRAL EAST	23.9% (67/280)	27.8% (82/295)	42.9% (196/457)	58.0% (350/603)	42.5% (695/1,635)
Toronto Public Health	25.1% (47/187)	36.7% (80/218)	48.4% (184/380)	65.7% (353/537)	50.2% (664/1322)
TOTAL TORONTO	25.1% (47/187)	36.7% (80/218)	48.4% (184/380)	65.7% (353/537)	50.2% (664/1,322)
Chatham-Kent Public Health	4.5% (1/22)	11.8% (2/17)	9.1% (1/11)	29.4% (5/17)	13.4% (9/67)

Public Health Unit	Week 8 (February 20 to February 26)	Week 9 (February 27 to March 5)	Week 10 (March 6 to March 12)	Week 11 (March 13 to March 19)	Total (February 20 to March 19)
Grey Bruce Health Unit	5.6% (1/18)	12.5% (2/16)	18.5% (5/27)	28.1% (9/32)	18.3% (17/93)
Huron Perth Public Health	21.4% (3/14)	25.0% (2/8)	9.1% (1/11)	73.3% (22/30)	44.4% (28/63)
Lambton Public Health	0.0% (0/13)	16.7% (2/12)	26.3% (5/19)	61.5% (16/26)	32.9% (23/70)
Middlesex-London Health Unit	21.1% (12/57)	17.1% (7/41)	39.5% (32/81)	52.5% (53/101)	37.1% (104/280)
Southwestern Public Health	0.0% (0/18)	13.3% (2/15)	41.7% (10/24)	45.7% (16/35)	30.4% (28/92)
Windsor-Essex County Health Unit	20.9% (9/43)	39.5% (15/38)	37.9% (25/66)	61.5% (75/122)	46.1% (124/269)
TOTAL SOUTH WEST	14.1% (26/185)	21.8% (32/147)	33.1% (79/239)	54.0% (196/363)	35.7% (333/934)
Brant County Health Unit	22.2% (2/9)	57.1% (4/7)	31.0% (9/29)	52.9% (9/17)	38.7% (24/62)
City of Hamilton Public Health Services	15.6% (12/77)	34.7% (25/72)	42.9% (79/184)	54.9% (112/204)	42.5% (228/537)
Haldimand-Norfolk Health Unit	33.3% (4/12)	40.0% (6/15)	39.1% (9/23)	67.9% (19/28)	48.7% (38/78)
Halton Region Public Health	35.7% (15/42)	50.0% (19/38)	59.0% (36/61)	68.3% (69/101)	57.4% (139/242)
Niagara Region Public Health	7.1% (2/28)	30.6% (11/36)	40.4% (21/52)	67.4% (31/46)	40.1% (65/162)
Region of Waterloo Public Health and Emergency Services	20.0% (11/55)	32.6% (14/43)	52.6% (50/95)	53.7% (73/136)	45.0% (148/329)
Wellington-Dufferin-Guelph Public Health	14.8% (4/27)	34.6% (9/26)	39.3% (22/56)	63.4% (45/71)	44.4% (80/180)
TOTAL CENTRAL WEST	20.0% (50/250)	37.1% (88/237)	45.2% (226/500)	59.4% (358/603)	45.4% (722/1,590)
UNKNOWN	0.0% (0/1)	0.0% (0/0)	0.0% (0/0)	0.0% (0/1)	0.0% (0/2)
TOTAL ONTARIO	17.3% (222/1,286)	25.3% (317/1,251)	36.8% (776/2,109)	54.0% (1,468/2,721)	37.8% (2,783/7,367)

Note: Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Week was assigned based on the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for recent weeks were complete at the time of data extraction. Case counts for these weeks may increase in subsequent reports. Public health unit was assigned based on diagnosing health unit in CCM. If a case did not link to CCM (3.5%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

Data source: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program

Table 6. Number and percentage (row %) of cases by vaccine category and Pango lineage, representative surveillance, Ontario, February 20 to March 19, 2022

WHO label / Pango lineage	Unvaccinated	Post-series initiation	Post-series completion	Post-booster dose	Post-two booster doses	Total cases
Delta	2 (100%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	2 (100%)
Omicron	995 (14.0%)	156 (2.2%)	2,079 (29.3%)	3,750 (52.8%)	124 (1.7%)	7,104 (100%)
BA.1	82 (16.3%)	11 (2.2%)	132 (26.2%)	266 (52.9%)	12 (2.4%)	503 (100%)
BA.1.1	556 (14.2%)	90 (2.3%)	1,179 (30.2%)	2,009 (51.4%)	76 (1.9%)	3,910 (100%)
BA.2	357 (13.3%)	55 (2.0%)	768 (28.5%)	1,475 (54.8%)	36 (1.3%)	2,691 (100%)
Other lineages	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Total sequenced	997 (14.0%)	156 (2.2%)	2,079 (29.3%)	3,750 (52.8%)	124 (1.7%)	7,106 (100%)

Note: Includes Delta and all Omicron lineages detected in the past month. Cases include those that linked to CCM (96.5%). Individuals with a vaccine not approved by Health Canada were excluded. Vaccine category definitions can be found in the [Confirmed Cases of COVID-19 Following Vaccination in Ontario](#) report. A higher proportion of cases reported in post-series completion cases is a reflection of both trends in vaccine administration (increasing number of doses administered over time) and trends in COVID-19 incidence. Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Sample date represents the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for recent weeks were complete at the time of data extraction.

Data Sources: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program, Shared Hospital Laboratory, CCM, COVaxON

Table 7a. Percentage of ever hospitalized cases by vaccination status and Pango lineage, representative surveillance, Ontario, February 20 to March 19, 2022

WHO label / Pango lineage	Unvaccinated	Post-series initiation	Post-series completion	Post-booster dose	Post-two booster doses
Delta	0.0% (0/2)	0.0% (0/0)	0.0% (0/0)	0.0% (0/0)	0.0% (0/0)
Omicron	8.1% (81/994)	3.8% (6/156)	2.4% (50/2,079)	2.6% (96/3,750)	8.1% (10/124)
BA.1	6.1% (5/82)	9.1% (1/11)	3.8% (5/132)	5.3% (14/266)	8.3% (1/12)
BA.1.1	11.7% (65/556)	3.3% (3/90)	3.1% (37/1,179)	3.0% (61/2,009)	10.5% (8/76)
BA.2	3.1% (11/357)	3.6% (2/55)	1.0% (8/768)	1.4% (21/1475)	2.8% (1/36)
Other lineages	0.0% (0/0)	0.0% (0/0)	0.0% (0/0)	0.0% (0/0)	0.0% (0/0)
Total sequenced	8.1% (81/996)	3.8% (6/156)	2.4% (50/2,079)	2.6% (96/3,750)	8.1% (10/124)

Note: Includes Delta and all Omicron lineages detected in the past month. Percentage is the number of hospitalized cases divided by the total number of cases in that lineage and vaccine category. Cases include only those that linked to CCM (96.5%). Individuals with a vaccine not approved by Health Canada were excluded. Vaccine category definitions can be found in the [Confirmed Cases of COVID-19 Following Vaccination in Ontario](#) report. Hospitalized cases include cases that reported hospitalization at time of data extraction. Factors, such as age, that may affect the risk of COVID-19 hospitalization and death are not accounted for in these analyses. As a result, the proportion of severe outcomes following booster doses may be higher compared to other vaccination statuses since booster eligibility was initially restricted to older adults who are more likely to have severe outcomes and who also have the highest uptake for booster doses. Results may not be representative of Ontario overall. Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Sample date represents the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for recent weeks were complete at the time of data extraction.

Data Sources: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program, The Shared Hospital Laboratory, CCM (hospitalization indicator), COVaxON

Table 7b. Percentage of deceased cases by Pango lineage and vaccination status, representative surveillance, Ontario, February 20 to March 19, 2022

WHO label / Pango lineage	Unvaccinated	Post-series initiation	Post-series completion	Post-booster dose	Post-two booster doses
Delta	0.0% (0/2)	0.0% (0/0)	0.0% (0/0)	0.0% (0/0)	0.0% (0/0)
Omicron	1.6% (16/994)	0.6% (1/156)	0.2% (5/2,079)	0.3% (12/3,750)	0.0% (0/124)
BA.1	0.0% (0/82)	0.0% (0/11)	0.0% (0/132)	0.8% (2/266)	0.0% (0/12)
BA.1.1	2.5% (14/556)	1.1% (1/90)	0.4% (5/1,179)	0.4% (9/2,009)	0.0% (0/76)
BA.2	0.6% (2/357)	0.0% (0/55)	0.0% (0/768)	0.1% (1/1,475)	0.0% (0/36)
Other lineages	0.0% (0/0)	0.0% (0/0)	0.0% (0/0)	0.0% (0/0)	0.0% (0/0)
Total sequenced	1.6% (16/996)	0.6% (1/156)	0.2% (5/2,079)	0.3% (12/3,750)	0.0% (0/124)

Note: Includes Delta and all Omicron lineages detected in the past month. Percentage is the number of deceased cases divided by the total number of cases in that lineage and vaccine category. Cases include only those that linked to CCM (96.5%). Individuals with a vaccine not approved by Health Canada were excluded. Vaccine category definitions can be found in the [Confirmed Cases of COVID-19 Following Vaccination in Ontario](#) report. Deceased cases include cases that reported a “Fatal” outcome and the type of death value in CCM was not ‘DOPHS was unrelated to cause of death’ at the time of data extraction. Factors, such as age, that may affect the risk of COVID-19 hospitalization and death are not accounted for in these analyses. As a result, the proportion of severe outcomes following booster doses may be higher compared to other vaccination statuses since booster eligibility was initially restricted to older adults who are more likely to have severe outcomes and who also have the highest uptake for booster doses. Results may not be representative of Ontario overall. Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Sample date represents the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for recent weeks were complete at the time of data extraction.

Data Sources: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program, The Shared Hospital Laboratory, CCM (deceased indicator), COVaxON

Table 8a. Number and percentage of cases by Pango lineage and public health unit (PHU), representative surveillance, North West Region, February 20 to March 19, 2022

WHO label / Pango lineage	Northwestern Health Unit	Thunder Bay District Health Unit	Total
Delta	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Omicron	93 (100%)	141 (100%)	234 (100%)
BA.1	21 (22.6%)	30 (21.3%)	51 (21.8%)
BA.1.1	53 (57.0%)	98 (69.5%)	151 (64.5%)
BA.2	19 (20.4%)	13 (9.2%)	32 (13.7%)
Other lineages	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Total sequenced	93 (100%)	141 (100%)	234 (100%)

Note: Includes Delta and all Omicron lineages detected in the past month. Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Sample date represents the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for recent weeks were complete at the time of data extraction. Public health unit was assigned based on diagnosing health unit in CCM. If a case did not link to CCM (3.5%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

Data source: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program, CCM

Table 8b. Number and percentage of cases by Pango lineage and public health unit (PHU), representative surveillance, North East Region, February 20 to March 19, 2022

WHO label / Pango lineage	Algoma Public Health	North Bay Parry Sound District Health Unit	Porcupine Health Unit	Public Health Sudbury & Districts	Timiskaming Health Unit	Total
Delta	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Omicron	16 (100%)	135 (100%)	91 (100%)	31 (100%)	19 (100%)	292 (100%)
BA.1	2 (12.5%)	5 (3.7%)	7 (7.7%)	2 (6.5%)	0 (0.0%)	16 (5.5%)
BA.1.1	8 (50.0%)	122 (90.4%)	78 (85.7%)	23 (74.2%)	16 (84.2%)	247 (84.6%)
BA.2	6 (37.5%)	8 (5.9%)	6 (6.6%)	6 (19.4%)	3 (15.8%)	29 (9.9%)
Other lineages	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Total sequenced	16 (100%)	135 (100%)	91 (100%)	31 (100%)	19 (100%)	292 (100%)

Note: Includes Delta and all Omicron lineages detected in the past month. Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Sample date represents the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for recent weeks were complete at the time of data extraction. Public health unit was assigned based on diagnosing health unit in CCM. If a case did not link to CCM (3.5%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

Data source: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program, CCM

Table 8c. Number and percentage of cases by Pango lineage and public health unit (PHU), representative surveillance, Eastern Region, February 20 to March 19, 2022

WHO label / Pango lineage	Eastern Ontario Health Unit	Hastings Prince Edward Public Health	Kingston, Frontenac and Lennox & Addington Public Health	Leeds, Grenville & Lanark District Health Unit	Ottawa Public Health	Renfrew County and District Health Unit	Total
Delta	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Omicron	96 (100%)	140 (100%)	474 (100%)	115 (100%)	429 (100%)	104 (100%)	1,358 (100%)
BA.1	8 (8.3%)	12 (8.6%)	42 (8.9%)	12 (10.4%)	50 (11.7%)	9 (8.7%)	133 (9.8%)
BA.1.1	75 (78.1%)	96 (68.6%)	309 (65.2%)	84 (73.0%)	279 (65.0%)	74 (71.2%)	917 (67.5%)
BA.2	13 (13.5%)	32 (22.9%)	123 (25.9%)	19 (16.5%)	100 (23.3%)	21 (20.2%)	308 (22.7%)
Other lineages	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Total sequenced	96 (100%)	140 (100%)	474 (100%)	115 (100%)	429 (100%)	104 (100%)	1,358 (100%)

Note: Includes Delta and all Omicron lineages detected in the past month. Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Sample date represents the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for recent weeks were complete at the time of data extraction. Public health unit was assigned based on diagnosing health unit in CCM. If a case did not link to CCM (3.5%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

Data source: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program, CCM

Table 8d. Number and percentage of cases by Pango lineage and public health unit (PHU), representative surveillance, Central East Region, February 20 to March 19, 2022

WHO label / Pango lineage	Durham Region Health Department	Haliburton, Kawartha, Pine Ridge District Health Unit	Peel Public Health	Peterborough Public Health	Simcoe Muskoka District Health Unit	York Region Public Health	Total
Delta	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Omicron	398 (100%)	83 (100%)	377 (100%)	62 (100%)	366 (100%)	349 (100%)	1,635 (100%)
BA.1	30 (7.5%)	5 (6.0%)	22 (5.8%)	1 (1.6%)	16 (4.4%)	23 (6.6%)	97 (5.9%)
BA.1.1	215 (54.0%)	59 (71.1%)	147 (39.0%)	39 (62.9%)	220 (60.1%)	163 (46.7%)	843 (51.6%)
BA.2	153 (38.4%)	19 (22.9%)	208 (55.2%)	22 (35.5%)	130 (35.5%)	163 (46.7%)	695 (42.5%)
Other lineages	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Total sequenced	398 (100%)	83 (100%)	377 (100%)	62 (100%)	366 (100%)	349 (100%)	1,635 (100%)

Note: Includes Delta and all Omicron lineages detected in the past month. Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Sample date represents the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for recent weeks were complete at the time of data extraction. Public health unit was assigned based on diagnosing health unit in CCM. If a case did not link to CCM (3.5%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

Data source: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program, CCM

Table 8e. Number and percentage of cases by Pango lineage and public health unit (PHU), representative surveillance, Toronto Region, February 20 to March 19, 2022

WHO label / Pango lineage	Toronto Public Health	Total
Delta	1 (0.1%)	1 (0.1%)
Omicron	1,321 (99.9%)	1,321 (99.9%)
BA.1	71 (5.4%)	71 (5.4%)
BA.1.1	586 (44.3%)	586 (44.3%)
BA.2	664 (50.3%)	664 (50.3%)
Other lineages	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Total sequenced	1,322 (100%)	1,322 (100%)

Note: Includes Delta and all Omicron lineages detected in the past month. Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Sample date represents the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for recent weeks were complete at the time of data extraction. Public health unit was assigned based on diagnosing health unit in CCM. If a case did not link to CCM (3.5%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

Data source: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program, CCM

Table 8f. Number and percentage of cases by Pango lineage and public health unit (PHU), representative surveillance, South West Region, February 20 to March 19, 2022

WHO label / Pango lineage	Chatham-Kent Public Health	Grey Bruce Health Unit	Huron Perth Public Health	Lambton Public Health	Middlesex-London Health Unit	Southwestern Public Health	Windsor-Essex County Health Unit	Total
Delta	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Omicron	67 (100%)	93 (100%)	63 (100%)	70 (100%)	280 (100%)	92 (100%)	269 (100%)	934 (100%)
BA.1	6 (9.0%)	4 (4.3%)	4 (6.3%)	3 (4.3%)	17 (6.1%)	4 (4.3%)	10 (3.7%)	48 (5.1%)
BA.1.1	52 (77.6%)	72 (77.4%)	31 (49.2%)	44 (62.9%)	159 (56.8%)	60 (65.2%)	135 (50.2%)	553 (59.2%)
BA.2	9 (13.4%)	17 (18.3%)	28 (44.4%)	23 (32.9%)	104 (37.1%)	28 (30.4%)	124 (46.1%)	333 (35.7%)
Other lineages	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Total sequenced	67 (100%)	93 (100%)	63 (100%)	70 (100%)	280 (100%)	92 (100%)	269 (100%)	934 (100%)

Note: Includes Delta and all Omicron lineages detected in the past month. Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Sample date represents the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for recent weeks were complete at the time of data extraction. Public health unit was assigned based on diagnosing health unit in CCM. If a case did not link to CCM (3.5%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

Data source: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program, CCM

Table 8g. Number and percentage of cases by Pango lineage and public health unit (PHU), representative surveillance, Central West Region, February 20 to March 19, 2022

WHO label / Pango lineage	Brant County Health Unit	City of Hamilton Public Health Services	Haldimand-Norfolk Health Unit	Halton Region Public Health	Niagara Region Public Health	Region of Waterloo Public Health and Emergency Services	Wellington-Dufferin-Guelph Public Health	Total
Delta	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	1 (0.3%)	0 (0.0%)	1 (0.1%)
Omicron	62 (100%)	537 (100%)	78 (100%)	242 (100%)	162 (100%)	328 (99.7%)	180 (100%)	1,589 (99.9%)
BA.1	2 (3.2%)	37 (6.9%)	5 (6.4%)	12 (5.0%)	7 (4.3%)	31 (9.5%)	13 (7.2%)	107 (6.7%)
BA.1.1	36 (58.1%)	272 (50.7%)	35 (44.9%)	91 (37.6%)	90 (55.6%)	149 (45.4%)	87 (48.3%)	760 (47.8%)
BA.2	24 (38.7%)	228 (42.5%)	38 (48.7%)	139 (57.4%)	65 (40.1%)	148 (45.1%)	80 (44.4%)	722 (45.4%)
Other lineages	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Total sequenced	62 (100%)	537 (100%)	78 (100%)	242 (100%)	162 (100%)	329 (100%)	180 (100%)	1,590 (100%)

Note: Includes Delta and all Omicron lineages detected in the past month. Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Sample date represents the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for recent weeks were complete at the time of data extraction. Public health unit was assigned based on diagnosing health unit in CCM. If a case did not link to CCM (3.5%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

Data source: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program, CCM

Table 9. Number and percentage (row %) of outbreak-associated and non outbreak-associated cases by Pango lineage, representative surveillance, Ontario, February 20 to March 19, 2022

WHO label / Pango lineage	Outbreak-associated	Non outbreak-associated	Total cases
Delta	0 (0.0%)	2 (100%)	2 (100%)
Omicron	560 (7.9%)	6,545 (92.1%)	7,105 (100%)
BA.1	42 (8.3%)	461 (91.7%)	503 (100%)
BA.1.1	353 (9.0%)	3,557 (91.0%)	3,910 (100%)
BA.2	165 (6.1%)	2,527 (93.9%)	2,692 (100%)
Other lineages	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
Total sequenced	560 (7.9%)	6,547 (92.1%)	7,107 (100%)

Note: Includes Delta and all Omicron lineages detected in the past month. Cases include only those that linked to CCM (96.5%). 'Outbreak-associated cases' include cases linked to a confirmed outbreak as declared by the local medical officer of health or their designate. Details on the proportion of eligible samples sequenced by the OCGN can be found in the technical notes. Sample date represents the earliest date available for the sample. Not all sequencing and bioinformatics analyses for recent weeks were complete at the time of data extraction.

Data Sources: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program, The Shared Hospital Laboratory, CCM (outbreak Indicator)

Cumulative Whole Genome Sequencing Results

Table 10. Number of cases by Pango lineage, cumulative counts, Ontario, January 1, 2021 to March 19, 2022

WHO label / Pango lineage	January 1, 2021 – February 19, 2022	February 20 – March 19, 2022	Total
Variant of concern (VOC)			
Alpha	11,879	0	11,879
B.1.1.7	11,856	0	11,856
Q.1	23	0	23
Beta	1,236	0	1,236
B.1.351	1,217	0	1,217
B.1.351.2	3	0	3
B.1.351.3	16	0	16
Gamma	3,928	0	3,928
P.1	221	0	221
P.1.10	2	0	2
P.1.12	2	0	2
P.1.12.1	1	0	1
P.1.13	1	0	1
P.1.14	3,664	0	3,664
P.1.17	33	0	33
P.1.7	4	0	4
Delta	46,107	3	46,110
B.1.617.2	1,463	0	1,463
AY.1	2	0	2
AY.10	23	0	23
AY.100	748	0	748
AY.101	1	0	1
AY.102	135	0	135
AY.103	5,122	0	5,122
AY.103.2	4	0	4
AY.104	8	0	8
AY.105	43	0	43
AY.106	37	0	37
AY.107	66	0	66
AY.108	53	0	53
AY.109	26	0	26
AY.110	24	0	24
AY.111	6	0	6
AY.112	56	0	56
AY.113	36	0	36
AY.114	3	0	3
AY.116	72	0	72
AY.116.1	10	0	10
AY.117	116	0	116

WHO label / Pango lineage	January 1, 2021 – February 19, 2022	February 20 – March 19, 2022	Total
AY.118	37	0	37
AY.119	323	0	323
AY.119.1	3	0	3
AY.119.2	227	0	227
AY.120	50	0	50
AY.120.1	5	0	5
AY.120.2	1	0	1
AY.121	105	0	105
AY.121.1	3	0	3
AY.122	1,336	0	1,336
AY.122.1	10	0	10
AY.122.4	8	0	8
AY.123	1	0	1
AY.124	11	0	11
AY.124.1	3	0	3
AY.124.1.1	5	0	5
AY.125	63	0	63
AY.126	142	0	142
AY.127	396	0	396
AY.127.1	21	0	21
AY.128	15	0	15
AY.129	30	0	30
AY.13	48	0	48
AY.131	8	0	8
AY.133	7	0	7
AY.14	39	0	39
AY.15	155	0	155
AY.16	122	0	122
AY.16.1	2	0	2
AY.18	10	0	10
AY.19	106	0	106
AY.2	2	0	2
AY.20	195	0	195
AY.22	5	0	5
AY.23	13	0	13
AY.23.1	4	0	4
AY.24	157	0	157
AY.25	1,369	0	1,369
AY.25.1	4,313	1	4,314
AY.25.1.2	11	0	11
AY.25.2	38	0	38
AY.25.3	5,266	0	5,266
AY.26	96	0	96
AY.27	3,131	1	3,132
AY.28	32	0	32

WHO label / Pango lineage	January 1, 2021 – February 19, 2022	February 20 – March 19, 2022	Total
AY.29	7	0	7
AY.3	1,014	0	1,014
AY.3.1	7	0	7
AY.3.2	5	0	5
AY.3.3	4	0	4
AY.30	3	0	3
AY.32	6	0	6
AY.33	87	0	87
AY.33.1	5	0	5
AY.34	33	0	33
AY.34.1	30	0	30
AY.35	1	0	1
AY.36	383	0	383
AY.37	30	0	30
AY.38	3	0	3
AY.39	269	0	269
AY.39.1	32	0	32
AY.39.1.2	1	0	1
AY.4	699	0	699
AY.4.12	2	0	2
AY.4.15	1	0	1
AY.4.2	47	0	47
AY.4.2.1	208	0	208
AY.4.2.2	15	0	15
AY.4.2.3	4	0	4
AY.4.3	1	0	1
AY.4.4	14	0	14
AY.4.5	7	0	7
AY.4.6	4	0	4
AY.4.7	5	0	5
AY.4.9	2	0	2
AY.40	33	0	33
AY.41	7	0	7
AY.42	40	0	40
AY.43	613	0	613
AY.43.3	1	0	1
AY.43.4	9	0	9
AY.43.8	5	0	5
AY.44	1,168	0	1,168
AY.45	128	0	128
AY.46	63	0	63
AY.46.1	8	0	8
AY.46.2	16	0	16
AY.46.4	6	0	6
AY.46.5	4	0	4

WHO label / Pango lineage	January 1, 2021 – February 19, 2022	February 20 – March 19, 2022	Total
AY.46.6	31	0	31
AY.47	119	0	119
AY.48	8	0	8
AY.49	1	0	1
AY.5	31	0	31
AY.5.2	1	0	1
AY.5.3	9	0	9
AY.5.4	2	0	2
AY.5.6	1	0	1
AY.51	5	0	5
AY.53	4	0	4
AY.54	41	0	41
AY.55	7	0	7
AY.57	18	0	18
AY.58	2	0	2
AY.59	5	0	5
AY.6	11	0	11
AY.60	4	0	4
AY.61	475	0	475
AY.62	6	0	6
AY.64	5	0	5
AY.65	19	0	19
AY.66	2	0	2
AY.67	3	0	3
AY.68	1	0	1
AY.69	1	0	1
AY.7	1	0	1
AY.7.1	3	0	3
AY.7.2	1	0	1
AY.70	11	0	11
AY.71	51	0	51
AY.72	3	0	3
AY.73	4	0	4
AY.74	12,319	1	12,320
AY.75	485	0	485
AY.75.2	2	0	2
AY.76	2	0	2
AY.77	8	0	8
AY.78	5	0	5
AY.79	8	0	8
AY.82	1	0	1
AY.83	6	0	6
AY.84	3	0	3
AY.85	3	0	3
AY.86	204	0	204

WHO label / Pango lineage	January 1, 2021 – February 19, 2022	February 20 – March 19, 2022	Total
AY.87	8	0	8
AY.88	11	0	11
AY.9	14	0	14
AY.9.2	254	0	254
AY.9.2.1	686	0	686
AY.92	18	0	18
AY.93	105	0	105
AY.94	3	0	3
AY.95	2	0	2
AY.98	25	0	25
AY.98.1	21	0	21
AY.99	1	0	1
AY.99.2	19	0	19
Omicron	23,983	8,737	32,720
BA.1	10,514	712	11,226
BA.1.1	12,921	4,874	17,795
BA.2	548	3,151	3,699
Variant of interest (VOI)			
Mu	240	0	240
B.1.621	230	0	230
B.1.621.1	9	0	9
B.1.621.2	1	0	1
Lambda	8	0	8
C.37	8	0	8
Non-VOC/VOI	6,212	0	6,212
Total sequenced	93,593	8,740	102,333

Note: Results do not represent all Ontario cases. Includes results from PHO since January 1, 2021, The Hospital for Sick Children since April 21, 2021, Kingston Health Sciences Centre since January 1, 2021, Shared Hospital Laboratory since March 26, 2021, and Hamilton Regional Laboratory Medicine Program since April 11, 2021. Past testing algorithms have led to preferential sequencing of samples with N501Y and/or E484K mutations detected by PCR, which has biased the results toward lineages with these mutations. Pango lineage assignments may change over time, which may impact cumulative totals. Results should be interpreted with caution as frequencies do not reflect prevalence. Sample date represents the earliest date available for the sample. If more than one sample was sequenced for a case, the most recent sample was included.

Data source: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program

Notes techniques

Sources des données

Santé publique Ontario (SPO)

- Les données ont été extraites du Système de gestion de l'information des laboratoires de SPO le 31 mars 2022 aux environs de 2 heures.
- Les données ont été extraites de la Base de données de séquençage du génome entier du SARS-CoV-2 de SPO le 31 mars 2022 aux environs de 15 heures.

The Hospital for Sick Children (HSC)

- Les données ont été reçues par SPO le 30 mars 2022 à 16 h 30 approximativement.

Centre des sciences de la santé de Kingston (CSSK)

- Les données ont été reçues par SPO le 30 mars 2022 à 15 h 30 approximativement.

Laboratoire hospitalier partagé (LHP)

- Les données ont été reçues par SPO le 30 mars 2022 à 16 heures approximativement.

Hamilton Regional Laboratory Medicine Program (HRLMP)

- Les données ont été reçues par SPO le 30 mars 2022 à 22 h 40 approximativement.

Solution de gestion des cas et de contacts pour la santé publique (Solution GCC)

- Les données ont été extraites de la Solution de gestion des cas et de contacts le 28 mars 2022 à 13 heures approximativement.

Application COVaxON du ministère de la Santé de l'Ontario (COVaxON)

- Les données sur la vaccination contre la COVID-19 ont été extraites de l'application COVaxON du ministère de la Santé de l'Ontario le 28 mars 2022 à 7 heures approximativement pour les dossiers de vaccination créés le 1^{er} juin 2021 ou subséquemment. Les données ont été extraites le 24 mars 2022 à environ 7 heures pour les dossiers de vaccination créés jusqu'au 31 mai 2021.
- Les données de l'application COVaxON ont été mises en corrélation avec les données de cas de COVID-19 tirées de la Solution GCC.

Stratégie ontarienne de séquençage du génome entier du SARS-CoV-2

- Au début de l'année 2021, la stratégie ontarienne de séquençage du génome entier consistait à séquencer des échantillons portant des mutations spécifiques détectées lors du test PCR pour le dépistage des VP afin de confirmer qu'ils s'agissaient de variants préoccupants. À compter du 3 février 2021, cela incluait le séquençage d'échantillons dans lesquels la mutation N501Y avait été détectée (initialement associée à la lignée B.1.1.7 [Alpha]) et à compter du 22 mars 2021, des échantillons portant la mutation E484K (initialement associée aux lignées P.1 [Gamma] et B.1.351 [Bêta]).
- Le 2 mai 2021, la stratégie de l'Ontario est passée à la surveillance représentative qui consiste à demander aux laboratoires qui procèdent à des tests PCR pour le dépistage des VP d'envoyer une partie de leurs échantillons admissibles ($Ct \leq 30$ et volume résiduel suffisant) aux laboratoires de séquençage du Réseau génomique COVID-19 de l'Ontario (RGCO). SPO a commencé à séquencer un échantillonnage systématique de 10 % des échantillons admissibles le 2 mai, puis de 50 % le 30 mai, de 100 % le 14 juin, de 50 % le 27 août, de 10 % le 10 septembre, de 25 % le 8 octobre, de 100 % le 5 novembre, de 50 % le 7 décembre, de 10 % le 20 décembre, de 5 % le 30 décembre, de 20 % le 16 février 2022 et 50 % le 9 mars 2022. D'autres laboratoires de test PCR pour le dépistage de VP ont été invités à soumettre un échantillonnage systématique ou aléatoire de 10 % de leurs échantillons admissibles aux laboratoires du RGCO le 26 mai, puis de 50 % le 2 juin, de 100 % le 14 juin, de 50 % le 27 août, de 10 % le 10 septembre, de 25 % le 8 octobre, de 100 % le 5 novembre, de 50 % le 7 décembre, de 10 % le 20 décembre, de 5 % le 30 décembre, de 20 % le 16 février et 50 % le 9 mars 2022. Le pourcentage d'échantillons séquencés peut varier dans le temps selon les changements des tendances provinciales en matière de cas. Pour des raisons de logistique, les laboratoires n'ont pas tous mis en œuvre des changements de pourcentages d'échantillons au même moment.
- Le 12 novembre 2021, les tests PCR pour le dépistage des VP ont été interrompus. On a demandé aux 73 laboratoires de tests de diagnostic d'envoyer tous les échantillons admissibles (diagnostic PCR $Ct \leq 30$ et les volumes suffisants restants) à l'un des cinq laboratoires du RGCO pour un séquençage du génome entier.
- Depuis le 6 décembre 2021, tous les échantillons admissibles qui sont positifs à la COVID-19 à la suite d'un test PCR en Ontario font l'objet d'un dépistage de l'échec de la cible du gène S (SGTF) comme marqueur du variant Omicron. Les laboratoires de tests de diagnostic ont été priés de transmettre tous les échantillons admissibles (diagnostic PCR $Ct \leq 35$ et volume restant suffisant) à l'un des huit laboratoires SGTF. Ces laboratoires soumettront ensuite un pourcentage d'échantillons admissibles (SGTF PCR $Ct \leq 30$ et volume restant suffisant) pour le séquençage du génome entier (SGE) conformément à la stratégie de surveillance représentative.
 - Pour des raisons de logistique, les laboratoires n'ont pas tous mis en œuvre les tests SGTF au même moment.
- Depuis le 30 décembre 2021, le dépistage SGTF de tous les échantillons admissibles a été interrompu en Ontario. Les 73 laboratoires de test de diagnostic ont été priés d'envoyer une partie de leurs échantillons admissibles (diagnostic PCR $Ct \leq 35$ et volume restant suffisant) à l'un des cinq laboratoires du RGCO aux fins de séquençage du génome entier, conformément à la stratégie de surveillance représentative.

Méthodologie et mises en garde concernant les données : Réseau génomique COVID-19 de l'Ontario (RGCO)

- La nomenclature des lignées évolue. La dénomination et la désignation des lignées Pango peuvent changer à mesure que d'autres échantillons sont séquencés et analysés dans le monde. De même, la classification des VP et des VI peut changer.
- La logistique liée aux échantillons destinés au séquençage du génome entier est complexe, car les échantillons doivent circuler dans un vaste réseau de laboratoires. Ils sont d'abord envoyés à l'un des 73 laboratoires d'analyse diagnostique. Si le cycle seuil de diagnostic PCR est ≤ 35 et que le volume résiduel est suffisant, les échantillons sont ensuite acheminés pour analyse vers l'un des 11 laboratoires de test PCR de dépistage des VP. Si le cycle seuil de test PCR de dépistage des VP est ≤ 30 et que le volume résiduel est suffisant, les laboratoires de test PCR de dépistage des VP doivent remettre une proportion de leurs échantillons admissibles à l'un des cinq laboratoires du RGCO aux fins de séquençage conformément à la stratégie de surveillance représentative. En date du 12 novembre, le PCR de dépistage des VP a été interrompu. Les laboratoires de tests de diagnostic envoient maintenant les échantillons admissibles ($Ct \leq 30$ et les volumes suffisants restants) directement à l'un des cinq laboratoires du RGCO pour un séquençage du génome entier.
 - SPO n'est pas en mesure de confirmer si les laboratoires de test PCR ou les laboratoires de tests de diagnostic (12 novembre 2021 et plus tard) ont soumis des échantillons admissibles.
- Les données soumises à SPO par les laboratoires du RGCO n'ont pas fait l'objet d'une vérification indépendante.
- Les dates associées aux échantillons soumis par les laboratoires du réseau varient en raison de la logistique d'échantillonnage et de la différence entre les systèmes de gestion de l'information des laboratoires. Les dates associées aux échantillons de SGE ont été assignées suivant une hiérarchie : date de prélèvement de l'échantillon > date d'obtention du diagnostic de SARS-CoV-2 > date de déclaration du diagnostic de SARS-CoV-2 > date de réception du résultat du test PCR de dépistage des VP > date de déclaration du résultat du test PCR de dépistage des VP > date de réception du résultat de SGE > date de déclaration du résultat de SGE. Les semaines ont été établies pour correspondre aux semaines de surveillance utilisées par l'Agence de la santé publique du Canada pour la production de rapports sur l'influenza.
- Les échantillons provenant d'un même cas sont reliés s'ils sont associés à un même numéro de carte Santé ou s'ils portent le même prénom, nom de famille et date de naissance. En cas de séquençage de plus d'un échantillon pour un cas, c'est le plus récent qui était utilisé. Cela peut transférer un cas à une semaine plus récente si un échantillon subséquent a été séquencé à partir du même cas. Il se peut que les échantillons de quelques cas ne soient pas liés en raison d'incohérences ou de saisie erronée des données.
- Les résultats pour les récentes semaines sont incomplets, car le séquençage et les analyses bioinformatiques n'étaient pas terminés au moment de l'extraction des données.
- Un bureau de santé publique a été attribué selon le bureau de santé ayant posé le diagnostic dans la Solution GCC. En l'absence d'un lien entre le cas et la Solution GCC (3,5 %), le bureau de santé publique était assigné au moyen du code postal du patient figurant dans le RGCO ou, en l'absence de ce dernier, du code postal du fournisseur ayant présenté la demande.

- En ce qui concerne la surveillance représentative, il est possible que les résultats ne soient pas représentatifs de l'ensemble de l'Ontario. Les échantillons sélectionnés incluent une proportion des échantillons admissibles reçus par les laboratoires du RGCO conformément à la stratégie de séquençage du génome entier. Chacun des laboratoires de test PCR pour le dépistage des VP peut avoir appliqué la stratégie ou avoir accru la proportion d'échantillons sélectionnés à des dates différentes. Les données présentées ne reflètent pas la totalité du séquençage du génome entier effectué en Ontario.
- Les données provenant des laboratoires du RGCO couvrent différentes périodes, soit depuis le 1^{er} janvier 2021 pour SPO, depuis le 21 avril 2021 pour le HSC, depuis le 1^{er} janvier 2021 pour le CSSK, depuis le 26 mars 2021 pour le LHP et depuis le 11 avril 2021 pour le HRLMP.
- Les algorithmes d'analyse précédents ont mené à un séquençage privilégiant des échantillons dont les mutations N501Y ou E484K avaient été détectées par test PCR de dépistage des VP. Cela a entraîné un biais d'échantillonnage qui s'est reflété dans la distribution des résultats relatifs aux lignées avant le 2 mai 2021.

Méthodologie : taux de croissance relative hebdomadaire

- Le taux de croissance relative hebdomadaire est une mesure de la croissance d'une lignée par rapport à une lignée de référence.⁶ Des taux de croissance relative supérieurs à 1 indiquent un taux de croissance accru par rapport à la valeur de référence; des taux de croissance relative inférieurs à 1 indiquent un taux de croissance réduit par rapport à la valeur de référence.
- Ces taux de croissance relativisée peuvent être calculés par exponentiation du coefficient de sélection.
 - Le coefficient de sélection est la différence qui existe entre les taux de croissance de deux lignées ($\Delta r = r_{\text{lignée}} - r_{\text{référence}}$), et il peut être dérivé à partir d'un modèle de régression logistique dans lequel le résultat est la fréquence relative d'une lignée et le prédicteur, le temps.^{6,7}
- Les données de douze semaines de surveillance représentative s'échelonnant jusqu'à la plus récente semaine ont été utilisées. Après avoir sélectionné uniquement les lignées présentées dans la partie réservée à la surveillance représentative du présent rapport, une méthode de régression logistique multinominale a été utilisée en prenant la semaine de surveillance comme prédicteur.

Méthodologie et mises en garde concernant les données : Solution de gestion des cas et des contacts pour la santé publique (Solution GCC)

- La Solution GCC est un système dynamique de déclaration des maladies, qui permet de mettre à jour en continu les données précédemment saisies. Par conséquent, les données extraites de la Solution GCC constituent un instantané au moment de l'extraction et peuvent différer des résumés précédents ou ultérieurs.
- Les méthodes utilisées pour traiter les données sur les cas de la Solution GCC sont décrites à la section Notes techniques du [Résumé épidémiologique quotidien](#) sur la COVID-19.
- Les corrections ou les mises à jour des données peuvent entraîner le retrait ou la mise à jour de dossiers de cas dans les résumés précédents.
- Les dates associées aux cas de COVID-19 en Ontario ont été assignées suivant une hiérarchie afin de mieux correspondre aux dates des échantillons utilisés pour la surveillance représentative : date du prélèvement de l'échantillon > date de déclaration du test > date de déclaration du cas. Par conséquent, le nombre de cas peut différer de celui d'autres résumés fondés sur des dates différentes.
- Les cas étaient reliés à la GCC s'ils étaient associés à un même numéro de carte Santé ou s'ils portaient le même prénom, nom de famille et date de naissance. Il se peut que les échantillons de quelques cas n'aient pas été liés en raison de divergences dans les identifiants des patients ou encore si les patients n'étaient pas des résidents de l'Ontario (le bureau de santé ayant posé le diagnostic était désigné comme étant le ministère de la Santé).
- Les tableaux illustrant les indicateurs relatifs aux éclosions, aux hospitalisations et aux décès présentent uniquement les cas liés à la Solution GCC (96,5 % des cas).
- Les « cas liés à une éclosion » incluent les cas liés à une éclosion confirmée signalée par le médecin hygiéniste local ou son représentant, conformément à la *Loi sur la protection et la promotion de la santé* et les critères énoncés dans les [documents d'orientation du ministère de la Santé](#).
- Les éclosions survenant à l'extérieur de l'Ontario sont exclues de tous les dénombrements relatifs aux éclosions.
- Les données portant sur les hospitalisations et les décès sont probablement sous-déclarées, car ces événements peuvent se produire après le suivi des cas effectué par la santé publique. Les patients qui ont été admis à l'hôpital ou qui sont décédés après le suivi peuvent ne pas apparaître dans la Solution GCC.
- Les hospitalisations comprennent tous les patients hospitalisés (ou dont l'hospitalisation a été prolongée) en raison de la COVID-19. Cela comprend les patients qui ont reçu leur congé de l'hôpital ainsi que ceux qui sont actuellement hospitalisés. Cela inclut également les patients traités aux soins intensifs, mais non les consultations aux urgences. Les hospitalisations étaient identifiées par une date d'hospitalisation ou par la réponse « Oui » pour indiquer l'hospitalisation ou la présence aux soins intensifs.
- À des fins de surveillance, un décès attribuable à la COVID-19 est défini comme un décès résultant d'une maladie cliniquement compatible, à moins qu'une autre cause de décès qui ne peut être liée à la COVID-19 n'ait été clairement identifiée (p. ex., traumatisme, aide médicale à mourir).

- Le nombre de décès est déterminé à l'aide des champs de résultat et de type de décès dans la Solution GCC. Les décès attribuables à la COVID-19 sont pris en compte quand la valeur indiquée dans le champ de résultat est « Fatal » et que le type de décès n'est pas « une MISP n'est pas liée à la cause du décès ».

Méthodologie et mises en garde concernant les données : COVaxON

- Afin de recenser les cas survenus après la vaccination, les données sur la vaccination extraites de l'application COVaxON du ministère de la Santé de l'Ontario ont été reliées aux données sur les cas provenant de la Solution de gestion des cas et des contacts (Solution GCC) du ministère de la Santé.
 - Les clients figurant dans l'application COVaxON et la Solution GCC ont été reliés au moyen de leur numéro de carte Santé et d'autres identifiants personnels, notamment le nom, la date de naissance, le sexe et le code postal.
- La corrélation a été établie en utilisant les données traitées dans l'application COVaxON et la Solution GCC. Les méthodes de traitement des données sur la vaccination de COVaxON sont décrites dans la section Notes techniques du rapport intitulé [Les répercussions de la vaccination contre la COVID-19 et du programme vaccinal en Ontario](#), et les méthodes de traitement des cas survenant après la vaccination sont décrites dans les Notes techniques du document intitulé [Cas confirmés de COVID-19 après la vaccination en Ontario](#).
- Seuls les cas qui avaient reçu l'un des vaccins approuvés par Santé Canada, notamment Comirnaty^{MC} de Pfizer-BioNTech, Spikevax^{MC} de Moderna, Vaxzevria^{MC} d'AstraZeneca/COVISHIELD et le vaccin de Janssen sont inclus. Les cas qui avaient reçu au moins une dose d'un vaccin non approuvé par Santé Canada étaient exclus.
- Une proportion plus élevée de cas signalés après le début de la série vaccinale et après la fin de la série vaccinale reflète les deux tendances de l'administration des vaccins (nombre croissant de doses administrées avec le temps) ainsi que les tendances relatives à l'incidence de la COVID-19. Pour en savoir plus sur les tendances de l'administration des vaccins en Ontario, veuillez consulter le document intitulé [Les répercussions de la vaccination contre la COVID-19 et du programme vaccinal en Ontario](#).
- Ces analyses ne prennent pas en compte les facteurs, comme l'âge, qui peuvent influencer le risque d'hospitalisation et de décès des patients atteints de la COVID-19. Par conséquent, le pourcentage de complications graves à la suite des doses de rappel pourrait être plus élevé que celui des autres doses de vaccin étant donné que la dose de rappel était initialement réservée aux personnes âgées qui sont plus susceptibles d'éprouver des complications graves et qui sont aussi la population ayant le taux le plus élevé d'obtention des doses de rappel.
- Pour connaître la définition des différentes catégories de vaccination, veuillez consulter [Cas confirmés de COVID-19 après la vaccination en Ontario](#).

Références

1. Agence de santé publique du Canada. Variants du SARS-CoV-2 : Définitions, classifications et mesures de santé publique nationales. [En ligne]. Ottawa, ON : gouvernement du Canada [modifié le 26 août 2021; cité le 27 août 2021]. Disponible à : <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/maladies/2019-nouveau-coronavirus/professionnels-sante/tests-diagnostic-declaration-cas/variants-sars-cov-2-definitions-classifications-mesures-sante-publique-nationales.html>
2. Organisation mondiale de la santé. Tracking SARS-CoV-2 variants [En ligne]. Genève, Suisse; 2021 [modifié le 29 octobre 2021; cité le 1^{er} novembre 2021]. Disponible à : <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>
3. Centre européen de prévention et de contrôle des maladies. SARS-CoV-2 variants of concern as of 28 octobre 2021 [En ligne]. Stockholm, Suède; 2021 [modifié le 28 octobre 2021; cité le 1^{er} novembre 2021]. Disponible à : <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>
4. Rambaut A, Holmes EC, O'Toole Á, Hill V, McCrone JT, Ruis C, et al. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. Nat Microbiol. 2020;5(11):1403-7. Disponible à : <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0770-5>
5. cov-lineages. pangolin [En ligne]. 2020 [cité le 29 mai 2021]. GitHub. Disponible à : <https://github.com/cov-lineages/pangolin>
6. Davies N, Abbott S, Barnard R, Jarvis CI, Kucharski AJ, Munday JD, et al. Estimated transmissibility and impact of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7 in England. Science. 2021; 372(6538): eabg3055. Disponible à : <https://doi.org/10.1126/science.abg3055>
7. Campbell F, Archer B, Laurenson-Schafer H, Jinnai Y, Konings F, Batra N, et al. Increased transmissibility and global spread of SARS-CoV-2 variants of concern as at June 2021. Euro Surveill. 2021; 26(24). Disponible à : <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.24.2100509>

Modèle proposé pour citer le document

Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Résumé épidémiologique : séquençage du génome entier du SARS-CoV-2 en Ontario, 5 avril 2022. Toronto, ON : Imprimeur de la Reine pour l'Ontario; 2022

Avis de non-responsabilité

Santé publique Ontario (SPO) a conçu le présent document. SPO offre des conseils scientifiques et techniques au gouvernement, aux agences de santé publique et aux fournisseurs de soins de santé de l'Ontario. Les travaux de SPO s'appuient sur les meilleures données probantes disponibles au moment de leur publication. L'application et l'utilisation du présent document relèvent de la responsabilité des utilisateurs. SPO n'assume aucune responsabilité relativement aux conséquences de l'application ou de l'utilisation du document par quiconque. Le présent document peut être reproduit sans permission à des fins non commerciales seulement, sous réserve d'une mention appropriée de Santé publique Ontario. Aucun changement ni aucune modification ne peuvent être apportés à ce document sans la permission écrite explicite de Santé publique Ontario.

Pour plus de renseignements

Pour obtenir plus de renseignements, envoyez un courriel à communications@oahpp.ca.

Santé publique Ontario

Santé publique Ontario est un organisme du gouvernement de l'Ontario voué à la protection et à la promotion de la santé de l'ensemble de la population ontarienne, ainsi qu'à la réduction des iniquités en matière de santé. Santé publique Ontario met les connaissances et les renseignements scientifiques les plus pointus du monde entier à la portée des professionnels de la santé publique, des travailleurs de la santé de première ligne et des chercheurs.

Pour en savoir plus sur SPO, consultez publichealthontario.ca.



©Imprimeur de la Reine pour l'Ontario, 2022