



Le 22 janvier 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 : Priorisation des analyses de séquençage des échantillons SRAS-CoV-2 positifs**

---

Madame, Monsieur,

Le Laboratoire de santé publique du Québec (LSPQ) coordonne le génotypage des isolats de SRAS-CoV-2 de cas de la COVID-19 confirmés en laboratoire afin de soutenir l'investigation des éclosions, de suivre la trajectoire de transmission du virus et de surveiller l'émergence de variants pouvant avoir un impact sur la transmissibilité, l'efficacité des vaccins contre la COVID-19 et la pathogénicité du virus. Un variant augmentant la contagiosité a d'abord été détecté au Royaume-Uni puis en Europe et dans le reste du monde. Au Canada, le Québec et plusieurs autres provinces ont identifié quelques cas porteurs de ce variant. À ce jour, deux autres variants d'intérêt ont été identifiés en Afrique du Sud et au Brésil.

Actuellement, le séquençage d'échantillons cliniques positifs aléatoire en routine sans critère *a priori* permet de suivre la transmission du virus au Québec et d'identifier les variants en circulation; à ce titre, une proportion de 5 % des échantillons déposés à la biobanque de Chicoutimi (CoVBanQ, Génome Québec) est sélectionnée pour séquençage systématique et sera augmentée à 10 % dans les prochaines semaines, assurant ainsi une meilleure couverture pour détecter des variants préoccupants de ce virus.

En complément de cette sélection aléatoire, une **sélection ciblée** de cas plus susceptibles de présenter des variants préoccupants est demandé aux laboratoires. Cette stratégie permettra d'investiguer plus rapidement certaines éclosions et d'identifier davantage les variants préoccupants connus, et d'autres qui pourraient émerger. À cette fin, nous demandons aux laboratoires de microbiologie effectuant les tests de dépistage COVID-19 d'**acheminer au LSPQ** plutôt qu'à la biobanque de Chicoutimi les échantillons qui répondent à l'un ou l'autre des critères ci-dessous :

### **1. Éclosions de la COVID-19**

Investigations pouvant aider à déterminer l'origine de l'infection et les liens entre les cas, à documenter un mode de propagation particulier ou à orienter les mesures de contrôle.

### **2. Discordants pour le test diagnostique : cas positifs avec une des cibles amplifiables non détectée**

Cette indication concerne les tests diagnostiques basés sur plusieurs cibles. Les échantillons demandés sont ceux dont l'une des cibles est positive franche (on exclut les faiblement positifs)

et la ou les autres cibles ne sont pas détectées ou ont une Ct supérieure avec un écart inhabituel significatif. Les valeurs de cycle d'amplification dépendant de la plateforme, la valeur de l'écart significatif est laissée au jugement des laboratoires.

### **3. Voyageurs revenant d'une destination hors Canada**

Aucun pays n'est ciblé particulièrement, car des variants préoccupants pourraient être présents dans un pays sans que cela n'ait été détecté.

### **4. Suspicion de réinfection**

On considèrera les cas avec un 2<sup>e</sup> épisode 90 jours ou plus après le 1<sup>er</sup> épisode confirmé par un TAAN ou selon les critères du guide de l'INSPQ : [Prise en charge des personnes considérées rétablies et présentant ultérieurement un test positif pour le SRAS-CoV-2](#)

### **5. Infection post-vaccination contre la COVID-19**

On considèrera les cas confirmés en laboratoire survenus 14 jours ou plus après l'administration du vaccin (1<sup>re</sup> ou 2<sup>e</sup> dose). Ces cas doivent être signalés promptement du fait du risque théorique d'émergence de variants résistants à la vaccination.

### **6. Cas de maladie COVID-19 grave nécessitant la ventilation mécanique chez les individus de moins de 50 ans sans comorbidité connue.**

De manière générale, nous vous demandons d'être attentifs à tout changement inhabituel et significatif dans le profil épidémiologique des cas (par exemple, un taux d'attaque inhabituel ou un changement dans les groupes d'âge touchés) et à les communiquer avec le LSPQ. Ceci pourrait également suggérer un nouveau variant.

L'INSPQ met en place activement les outils pour le suivi des variants en circulation, l'analyse phylogénétique des lignées, l'identification des variants préoccupants existants et la détection de variants émergents incluant ceux localisés dans les amorces connues. Un service d'analyse génomique en contexte d'éclosion est également disponible. Un processus de communication des séquences et des variants identifiés vers les laboratoires est en cours d'élaboration et sera communiqué ultérieurement.

Pour plus d'information, veuillez consulter le [guide de service du LSPQ](#) sous la rubrique **Séquençage du génome entier (SGE) du SRAS-CoV-2**.

Il est très important de fournir avec la requête analytique, les informations cliniques requises.

Veuillez accepter, Madame, Monsieur, nos salutations les meilleures.

Michel Roger MD, Ph. D, FRCPC  
Directeur médical

Sandrine Moreira Rousseau Ph. D  
Conseillère scientifique spécialisée  
Projet de surveillance génomique COVID-19