

Plan de travail cellule scientifique Variants - COVID 19

Date de mise à jour : 29 juin 2021

<u>Recommandations</u>	<u>Collaborateurs</u>	<u>DVSQ</u>	<u>Échéancier</u>	<u>Suivi/Commentaires</u>	<u>Statut</u>
À venir					
État de situation Variant B.1.617.2 (Delta)	INSPQ, LSPQ		À venir (fin juin-début juillet)	Hebdomadaire	En continu
Rapport bi-mensuel surveillance des variants	INSPQ, LSPQ		À venir	Bi-mensuel	En continu
Analyse complémentaire : Épidémiologie descriptive variant B.1.351 (RSS08)-(Cté Génomique)	DRBST M. Barakat, J Soto		À venir	Analyse de 3 éclosions réalisée	En cours
Réalisé ou en ligne récemment					
État de situation sur le variant B.1.617 du SRAS-CoV-2 (émergent d'Inde) et recommandations pour en relever la surveillance au Québec	INSPQ			Diffusé le 31 mai 2021	
Définitions pour la vigie sanitaire des variants du SRAS-CoV-2 et classification des lignées détectées au Québec	INSPQ			Diffusé le 31 mai 2021	
Synthèse sur le variant G614 du SRAS-CoV-2 : répercussions épidémiologiques et cliniques sur la COVID-19	INSPQ			Diffusé le 23 mars 2021	
Synthèse sur les variants du SRAS-CoV-2 sous surveillance rehaussée : transmission, virulence, détection et réponse immunitaire	INSPQ			Diffusé le 23 mars 2021	
En continu					
Quoi de neuf en génomique	INSPQ Grégory Léon		Hebdomadaire		En continu
Veille variants	Grégory Léon Hany Geagea Lauriane Padet				En continu
Données sur les variants du SRAS-CoV-2 au Québec - Site Web	INSPQ				En continu

Compilation des thèmes de veille

Veilles cellulaires scientifique - COVID 19

Date de mise à jour : 16 juin 2021

SUJETS	INESSS	Mesures populationnelles	GCC	SAT-maternité (et PPEPR*)	SAT surveillance	SAT générale	PCI	Santé environnementale	Promotion prévention	Surveillance - Vigie	BIESP	Immunisation
Femmes enceintes / grossesse												
Présentation clinique	X											
Traitement	X											
Transmission verticale, perinatale, etc.	X	X										
Transmission issue de grossesse	X											
Dépistage systématique des nouveau-nés de parents infectés ou susceptibles de l'être	X											
Prise en charge des nouveau-nés de parents positifs ou suspectés	X											
Enfants / adolescents												
Présentation clinique	X	X										
Susceptibilité d'acquérir la maladie	X	X										
Soins pédiatriques	X	X										
Facteurs de risque de sévérité/comorbidités, complications	X	X										
Charge virale, potentiel de transmission, durée d'excrétion		X	Guide									
Incidence, admissions soins intensifs, décès		X										
Port du couvre-visage		Revue rapide										
Écoles		X	Guide						X			
Services de garde		X	Guide						X			
Camps de jours			Guide (non à jour)						X			
Développement psycho-socio-affectif									X			
Immunité												
Réinfection (incluant durée de l'immunité)	X		Avis									
De groupe		Avis										
Séoprévalence		X								X		
Vaccination SRAS-CoV-2 (efficacité, passeport vaccinal, impacts sur les mesures PCI etc.)		X										X
Potentiel de transmission												
Excrétion, charge virale, période de contagiosité			Avis				X					
Valeurs Ct (cycles thermiques) en lien avec l'infectiosité			Avis									
Variants		X	Litt. grise									
Modes de transmission			Litt. grise				X					
Risque de transmission via les uniformes							X					
Aérosols, aéropoortés, gouttelettes (droplets), selles							X	X (analytique)				
Asymptomatiques/paucisymptomatiques	X	X										
Fomites : désinfection, viabilité et transmission			Litt. grise					X (analytique)				
Ventilation climatisation épuration filtration							X	X (signalétique)				
Chauffage, balayage des rues, vents, etc.								X (signalétique)				
Contaminants et allergènes dans l'air, manipulation des sols, resuspension des particules contaminées								X (signalétique)				
Stabilité du virus dans l'environnement							X	X (signalétique)				
Animaux domestiques, zoonoses			X					X (signalétique)				
Rôle de la densité des occupants en milieu de travail								X (signalétique)				
Détection/désinfection milieux intérieurs/extérieurs								X (signalétique)				
Transports, activités sportives, rassemblements								X (signalétique)				
Eau potable, eaux récréatives, usées, biosolides								X (signalétique)				
Conditions météorologiques : T°, vent, humidité, etc.								X (signalétique)				

Impacts psychosociaux (santé mentale, violence)	X					X			X		X
Isolement (dont solitude, soutien social, aînés)									X		
Inégalités sociales de santé						X			X		
Santé des autochtones									X		
Chaleur accablante, innodations, feux de forêts, etc									X (signalétique)		
Pollution atmosphérique et conditions météo									X (signalétique)		
Organisation des soins	X										
Traumatismes intentionnels et non-intentionnels									X		

* PPESR: Périnatalité, petite enfance et santé reproductive

Surveillance											
Eaux usées									X (signalétique)		
Saisonnalité									X (signalétique)		
Mutations du SRAS-CoV-2/phylogénétique										X	
Variants				Litt grise						X	
Transmission, sévérité, neutralisation, immuno-évasion en association avec une ou des mutations										X	
Reinfection										X	
Coinfection										X	
Modélisation de la propagation de la maladie au Qc	X									X	
Impacts collatéraux											
Impacts patients non atteints (m. chroniques, UDI, etc.)	X								X		X
Aspects éthiques (ex. priorisation)	X										
préventives	X								X		
Habitudes de vie									X		
Impacts psychosociaux (santé mentale, violence)	X					X			X		X
Isolement (dont solitude, soutien social, aînés)									X		
Inégalités sociales de santé						X			X		
Santé des autochtones									X		
Chaleur accablante, innodations, feux de forêts, etc									X (signalétique)		
Pollution atmosphérique et conditions météo									X (signalétique)		
Organisation des soins	X										
Traumatismes intentionnels et non-intentionnels									X		X

* PPESR: Périnatalité, petite enfance et santé reproductive

Traumatismes intentionnels et non-intentionnels									X		X
---	--	--	--	--	--	--	--	--	---	--	---

* PPESR: Périnatalité, petite enfance et santé reproductive



Comité d'experts – vigie des variants du SRAS-CoV-2 Conférence TEAMS du 27 avril 2021, 9h00 à 11h00

Présences :

Projet d'ordre du jour

Sujets	Objectifs
1. Ouverture de la rencontre et adoption de l'ordre du jour 9h00-9h05	
2. Adoption du compte-rendu 9h05-9h15	
3. Quoi de neuf en génomique 9h15-9h30	Mise à jours et identification d'enjeux pouvant modifier la vigie en cours
4. Nouvelles des groupes de travail (études fonctionnelles, intégration des données, indicateurs, éclosions) et comités fédéraux 9h30-9h50	Dossiers en cours et avancements des dossiers
5. Bulletin de réinfection 9h50-10h05	informer
6. Pertinence de la biobanque pour la réinfection et les échecs vaccinaux 10h05- 10h20	discuter
7. Classification des variants (incluant B.1.617) 10h20-10h50	Discuter et décider
8. varia	

Comité de coordination des affaires scientifiques COCAS COVID-19

Le 4 mai 2021, de 13 h à 15 h, par Teams

Ordre du jour proposé

1	Adoption de l'ordre du jour		13 h – 13 h 5
	1) Ordre du jour		
2	Lecture, approbation et suivi du compte rendu 20 avril 2021	Approbation	13 h 5 – 13 h 15
	1) Projet de compte rendu		
3	Comité directeur Analyse génomique, épidémiologique et fonctionnelle – Jocelyne Sauvé		
	3.1 Biobanque – proposition du comité d'experts	Adoption	13 h 15 – 13 h 25
	3.2 3 rapports d'éclosions (régions 07, 08 et 15)	Information	13 h 25 – 13 h 30
	1) [REDACTED] rég. 07		
	2) [REDACTED] rég. 08		
	3) [REDACTED] rég. 15		
	3.3 Logigrammes	Adoption	13 h 30 – 13 h 45
	1) Processus interne variant indien		
	2) Processus de gestion des demandes Ad hoc - vigie génomique - Présentation PPT de Stéphanie Lévesque		
	3.4 Rapport de séquençage – mandat à confier aux gestionnaires	Adoption	13 h 45 – 13 h 55
	3.5 Rehaussement du financement du projet séquençage	Discussion	13 h 55 – 14 h
	PAUSE		
4	Suivi de la demande du MSSS - Daniel Desharnais – François Desbiens	Discussion	14 h – 15 h
5	LEVÉE DE LA RÉUNION		15 h

Comité d'experts – vigie des variants du SRAS-CoV-2 Conférence TEAMS du 11 mai 2021, 9h00 à 11h00

Présences :

Projet d'ordre du jour

	Sujets	Objectifs
9h00-9h05	1. Ouverture de la rencontre et adoption de l'ordre du jour	
9h05-9h10	2. Adoption du compte-rendu	
9h10-9h25	3. Quoi de neuf en génomique	
9h25-9h45	4. Nouvelles des groupes de travail (études fonctionnelles, intégration des données, indicateurs, éclosions) et comités fédéraux	Dossiers en cours et avancements des dossiers
9h45-10h05	5. Situation du variant Indien et de son évolution	Informé
10h05-10h20	6. Suivi - Pertinence de la biobanque pour la réinfection et les échecs vaccinaux.	Informé
10h20-10h35	7. Retour classification des variants	Informé
10h35-10h50	8. VOC et transfert vers l'Infocentre	Discuter
10h50-11h	9. Varia	

Comité de coordination des affaires scientifiques COCAS COVID-19

Le mardi 18 mai 2021, de 13 h 15 à 14 h 15, par Teams

Ordre du jour proposé

1	Adoption de l'ordre du jour		13 h – 13 h 5
	1) Ordre du jour		
2	Lecture, approbation et suivi des comptes rendus du 4 et 11 mai 2021	Approbation	13 h 5 – 13 h 15
	1) 2 projets de comptes rendus		
3	Comité directeur Analyse génomique, épidémiologique et fonctionnelle – Jocelyne Sauvé		
	3.1 Logigrammes « Média » – Invitée Stéphanie Lévesque	Adoption	13 h 15 – 13 h 25
	1) Logigrammes		
	3.2 Charte de projet modifiée (Projet Variant) et demande de financement complémentaire	Adoption	13 h 25 – 13 h 40
	1) Charte de projet		
	2) Fichier Excel		
	3.3 Révision de la terminologie des variants	Adoption	13 h 40 – 13 h 50
	1) Définitions pour la vigie sanitaire des variants du SRAS-CoV-2 et classification des lignées détectées au Québec		
	3.4 Recommandation du CEVG au regard du variant indien	Adoption	13 h 50 – 14 h
	3.5 Demande du Ministre – donnée de vigie vs donnée de gestion – Valérie Émond	Discussion	14 h – 14 h 10
	1) Présentation PPT		
	3.6 Rapport hebdomadaire variants, clarifications – Invité : Jérôme Martinez	Information	14 h 10
4	LEVÉE DE LA RÉUNION		14 h 15

Comité d'experts – vigie des variants du SRAS-CoV-2 Conférence TEAMS du 18 mai 2021, 9h00 à 11h00

Présences :

Projet d'ordre du jour

	Sujets	Objectifs
9h00-9h05	1. Ouverture de la rencontre et adoption de l'ordre du jour	
9h05-9h10	2. Adoption du compte-rendu	
9h10-9h30	3. Quoi de neuf en génomique	
9h30-9h50	4. Nouvelles des groupes de travail (études fonctionnelles, intégration des données, indicateurs, éclosions) et comités fédéraux	Dossiers en cours et avancements des dossiers
9h50-10h10	5. Situation du variant B.1.617 et de son évolution (dont classement en VOC)	Informé
10h10-10h30	6. Suivi - Pertinence de la biobanque pour la réinfection et les échecs vaccinaux.	Informé
10h30-10h50	7. VOC et transfert vers l'Infocentre	Discuter
10h50-11h	8. Varia	



Comité d'experts – vigie des variants du SRAS-CoV-2 Conférence TEAMS du 25 mai 2021, 9h00 à 11h00

Présences :

Projet d'ordre du jour

	Sujets	Objectifs
9h00-9h05	1. Ouverture de la rencontre et adoption de l'ordre du jour	
9h05-9h10	2. Adoption du compte-rendu	
9h10-9h35	3. Quoi de neuf en génomique	
9h35-10h00	4. Nouvelles des groupes de travail (études fonctionnelles, intégration des données, indicateurs, éclosions) et comités fédéraux	Dossiers en cours et avancements des dossiers
10h00-10h40	5. Travaux résurgence de lignées anciennes (A.2.5.2)	Discuter
10h40-10h45	6. Situation du variant B.1.617	Informé
10h45-10h50	7. Suivi – Plan de contingence pour l'envoi d'échantillons à la Biobanque	Informé
10h50-11h	8. Varia	



Comité d'experts – vigie des variants du SRAS-CoV-2 Conférence TEAMS du 01 juin 2021, 9h00 à 11h00

Présences :

Projet d'ordre du jour

	Sujets	Objectifs
9h00-9h05	1. Ouverture de la rencontre et adoption de l'ordre du jour	
9h05-9h10	2. Adoption du compte-rendu	
9h10-9h30	3. Quoi de neuf en génomique	
9h30-09h50	4. Nouvelles des groupes de travail (études fonctionnelles, intégration des données, indicateurs, éclosions) et comités fédéraux	Dossiers en cours et avancements des dossiers
09h50-10h30	5. Projet CentrEau-COVID : vigie du SRAS-CoV-2 par les eaux usées au Québec (invité : ██████████)	Discuter
10h30-10h40	6. Partage des données à l'ASPC	Discuter
10h40-10h45	7. Fréquence des rencontres durant l'été	Informen/Discuter
10h45-10h50	8. Présentation logigramme demandes <i>ad hoc</i>	Informen
10h50-10h55	9. Suivi-Situation du variant B.1.617	Informen
10h55-11h	10. Varia	

Comité d'experts – vigie des variants du SRAS-CoV-2 Conférence TEAMS du 08 juin 2021, 9h00 à 11h00

Présences :

Projet d'ordre du jour

	Sujets	Objectifs
9h00-9h05	1. Ouverture de la rencontre et adoption de l'ordre du jour	
9h05-9h15	2. Adoption du compte-rendu	
9h15-9h40	3. Quoi de neuf en génomique	
9h40-10h10	4. Nouvelles des groupes de travail (études fonctionnelles, intégration des données, indicateurs, éclosions) et comités fédéraux	Dossiers en cours et avancements des dossiers
10h10-10h30	5. Suivi-Situation du variant B.1.617	Informé/discuter
10h30-10h40	6. Engagement de confidentialité	Informé
10h40-11h	7. Varia	

Comptes rendus des demandes médias qui mentionneraient le variant indien – en date du 14 juin 2021

21 avril 2021

Premier cas du variant originaire d'Inde, B.1.617 :

Plusieurs médias ont demandé des entrevues concernant la découverte du premier cas du variant indien au Québec, aucune entrevue n'a été accordée pour l'instant cependant nous avons transmis une réponse écrite avec les informations suivantes :

- Un premier cas du variant B.1.617, d'origine indienne, a été détecté au Québec, dans la région de la Mauricie-Centre-du-Québec.
- Le variant a été détecté par séquençage.
- Il n'est actuellement pas sous surveillance rehaussée, car il ne présente pas d'impact épidémiologique ou clinique démontré.
- Comme tous les autres variants, il demeure sous le radar du LSPQ.

Les journalistes suivants ont reçu ces informations :

- [REDACTED], CBC/Radio-Canada / [REDACTED], ICI Saguenay-Lac-Saint-Jean / [REDACTED], COGECO Nouvelles / [REDACTED], Le Journal de Montréal / [REDACTED], TVA Nouvelles/LCN / [REDACTED], MTLBlog / [REDACTED], Radio Canada / [REDACTED], Le Devoir / Canadian Press / [REDACTED], Agence QMI / [REDACTED], Radio Canada / [REDACTED], La Presse / [REDACTED], CBC / [REDACTED], CTV News / [REDACTED], Tva Nouvelles Trois-Rivières / [REDACTED], TVA Nouvelles -LCN / [REDACTED], Tva Nouvelles / [REDACTED], ICI Radio-Canada / [REDACTED], La Presse / [REDACTED], Radio-Canada/CBC / [REDACTED], MSSS / [REDACTED], Montreal Gazette

22 avril 2021

Vaccination

Gaston De Serres a accordé une entrevue à [REDACTED] de l'émission Midi Info à la radio de Radio-Canada sur le variant indien, la 2^e dose en CHSLD et le dernier sondage de l'INSPQ sur les attitudes des Québécois.

Variants

- [REDACTED] de Global News and a demandé des informations sur le variant B.1.167 d'origine indienne. Lignes de presse envoyées.
- Michel Roger a accordé des entrevues à [REDACTED] de RDI et [REDACTED] de Radio-Canada.

- [REDACTED] a demandé de l'information sur le séquençage d'échantillons présentant la mutation 484. Réponse écrite de Sandrine Moreira : plus de 90% des variants séquencés porteurs de la mutation 484 sont des variants appartenant aux lignées B.1.351, P.1 et B.1.525
- [REDACTED] de LCN a demandé des précisions sur l'enquête épidémiologique du cas de variant B.1.167. Redirigé vers la direction de santé publique de la Mauricie et du Centre-du-Québec.

23 avril 2021

Variants indiens

Gaston De Serres a accordé une entrevue à [REDACTED] (LCN) sur le variant indien hier et une autre à la radio 106,9 ce matin.

29 avril 2021

Variants

- [REDACTED] du journal Le Soleil a demandé si les mutations qui rendent le B.1.1.7 plus contagieux peuvent apparaître spontanément ailleurs aussi. Réponse écrite de Sandrine Moreira, entrevue suivra peut-être.
- [REDACTED] de CTV News a demandé combien il y a de cas du variant indien B.1.167. Demande transmise à Jérôme Martinez.

11 mai 2021

Autres demandes COVID

- [REDACTED] de TVA a sollicité Gaston de Serres pour une entrevue avec [REDACTED] visant à faire le point sur la vaccination, le variant d'origine indienne, la saisonnalité du virus : entrevue accordée.
- [REDACTED] de CBC a sollicité la participation de Gaston de Serres à une libre tribune pour répondre aux questions des auditeurs sur la pandémie : en attente de sa réponse.
- [REDACTED] de Radio-Canada a demandé à obtenir les résultats de sondage sur l'adhésion de la population au couvre-feu : lien transmis.
- [REDACTED] de The Gazette a demandé combien de cas du variant d'origine indienne ont été détectés : demande transmise à Sandrine Moreira.
- [REDACTED] de La Presse canadienne a fait une demande d'entrevue sur les récentes données sur les éclosions en milieux de travail : Richard Martin va lui répondre.

14 mai 2021

Variants

- [REDACTED] du Journal de Québec demande des précisions concernant la hausse de cas du variant brésilien. Recherches en cours et suivi à faire.
- [REDACTED] de The Gazette a demandé combien de cas de variants indien sont recensés. Réponse après consultation de Michel Roger : 11 cas
- [REDACTED] de TVA s'intéresse également aux cas de variants indien en lien avec le rapatriement de travailleurs du Nunavut. Réponse écrite.
- [REDACTED] de TVA a demandé des précisions sur l'origine des cas de variants B.1.617. Réponse : distribution régionale non connue.
- [REDACTED] de La Presse a demandé une confirmation des cas de variants B.1.617.

16 mai 2021

Variants

- [REDACTED] de LCN a sollicité une entrevue avec Michel Roger sur le variant indien pour lundi matin. Entrevue déclinée faute de porte-parole disponible.

17 mai 2021

Autres demandes COVID

- [REDACTED] de La Presse a fait une demande d'entrevue sur les risques de transmission dans différents contextes : entrevue accordée par Gaston de Serres.
- [REDACTED] de The Gazette nous a envoyé une série de questions en lien avec le variant d'origine indienne : demande transmise à Michel Roger et Sandrine Moreira.
- [REDACTED] de La Presse a fait une demande d'entrevue en lien avec des données d'éclosions en milieu de travail qui lui ont été fournies la semaine passée : entrevue accordée par Richard Martin et France Tissot.

18 mai 2021

Déconfinement

- Gaston de Serres a accordé une entrevue à [REDACTED] de LCN sur le retour graduel à la normale et sur les inquiétudes autour des 11 cas liés au variant B.1.617.
- Il a aussi accordé une entrevue à [REDACTED] de 98,5 FM sur les principes épidémiologiques à prendre en compte dans une perspective de déconfinement.
- Il doit aussi accorder une entrevue à TVA pour commenter les assouplissements qui seront annoncés par le premier ministre ce soir.

19 mai 2021

Variants

- [REDACTED] du Journal de Montréal a demandé des informations concernant la révision de la classification du premier cas de variant B.1.617, réponse écrite et demande transmise à Sandrine Moreira.
- [REDACTED] de TVA 3 Rivières a demandé des informations concernant la révision de la classification du premier cas de variant B.1.617, réponse par téléphone et demande transmise à Sandrine Moreira.
- [REDACTED] du Journal de Montréal a demandé une entrevue avec Sandrine Moreira au sujet du système de classification PANGOLIN, demande transmise.

20 mai 2021

Variants

- [REDACTED] de Bell média a demandé des informations concernant la révision de la classification du premier cas de variant B.1.617 : appel et réponse écrite.

24 mai 2021

COVID

- [REDACTED] de Radio Canada Québec pour l'émission Première Heure a demandé une entrevue avec Élisabeth Papineau au sujet des jeux en ligne et d'argent en temps de pandémie, entrevue déclinée par manque de disponibilité.
- [REDACTED] du Journal de Montréal a demandé des informations au sujet du variant B.1.617, demande transmise à Michel Roger et Sandrine Moreira.

27 mai 2021

Variant indien

- [REDACTED] de TVA a demandé combien de cas du variant B.1.617 (indien) ont été identifiés au Québec, dans quelles régions et à quel moment il sera ajouté au tableau des variants. Une communication à ce sujet est prévue lundi.
- [REDACTED] de TVA/LCN a sollicité une entrevue sur le variant indien et le nombre de cas. Entrevue déclinée d'ici la communication publique lundi.

31 mai 2021

Variant d'origine indienne

- [REDACTED] de LCN a demandé des précisions sur le nombre de cas associés à ce variant : redirigé vers notre page web.
- [REDACTED] de Montréal Gazette nous a envoyé une série de questions en lien avec la surveillance de ce variant : Michel Roger a accordé l'entrevue.
- [REDACTED] de Radio-Canada a demandé des précisions sur les changements apportés à la page sur les variants et sur la date d'apparition du variant d'origine indienne : réponse écrite envoyée.

2 juin 2021

Variants

- Judith Fafard a accordé une entrevue à [REDACTED] sur TVA Nouvelles au sujet de la présence du variant B.1.617 au Québec
- [REDACTED] de CBC a demandé des informations concernant le séquençage du variant B.1.617, Judith Fafard a apporté une réponse écrite.

9 juin 2021

- Gaston De Serres accordera une entrevue à [REDACTED] de Noovo pour apporter des informations au sujet de rumeur concernant les effets secondaires des vaccins.
- [REDACTED] a demandé une entrevue avec Jocelyne Sauvé concernant le port du masque, entrevue déclinée.
- [REDACTED] de Global News Alberta a demandé des informations sur le séquençage du variant B.1.617 au Québec, demande transmise à Michel Roger et Sandrine Moreira

11 juin 2021

Variants

- [REDACTED] de La Presse a sollicité une entrevue sur le criblage du variant « Delta » B.1.617.2. Judith Fafard a accordé l'entrevue et démenti une fausse allégation à l'effet que le LSPQ « interdit » le criblage de ce variant. Gaston De Serres lui a également parlé concernant le volet épidémiologique.
- [REDACTED] du Journal de Québec a sollicité une entrevue sur le variant « Delta ». Judith Fafard a accordé l'entrevue.

14 juin 2021

Variant Delta

- Michèle Roger a accordé une entrevue [REDACTED] du Devoir sur la montée de ce variant dans la province.
- [REDACTED] de Radio-Canada a fait une demande d'entrevue pour l'émission Midi info : aucun expert disponible.
- [REDACTED] de TVA nous a envoyé quelques questions en lien avec ce variant : redirigé vers la page variants et complément d'info apporté par écrit.
- [REDACTED] du Devoir et [REDACTED] du Journal de Québec nous ont transmis des demandes d'information : questions transmises à Michel Roger et Sanrine Moreira.

Vaccination

- [REDACTED] a fait une demande d'entrevue sur la 2^e dose et la menace du variant Delta : Nicholas Brousseau a accordé l'entrevue.
- [REDACTED] nous a envoyé des questions sur la proportion des personnes vaccinées avec 1 ou 2 doses : réponse écrite envoyée. Il a aussi demandé à connaître le taux d'infection des personnes vaccinées : données pas encore publiées.
- [REDACTED] de l'Agence QMI a fait une demande en lien avec les données de vigie de la vaccination : réponse écrite envoyée.
- [REDACTED] du Toronto Star a fait une demande d'entrevue sur l'hésitation vaccinale: Ève Dubé va accorder l'entrevue.



Instructions for life science research use only. Not tested for use in diagnostic procedures. For *in vitro* use only.



Instructions For Use

VirSNIp SARS-CoV-2 Spike L452R

530

Cat.-No. 53-0793-96

Roche SAP n° 09 459 022 001

Kit with reagents for 96 PCR reactions 20 µl for genotyping of SARS-CoV-2 RNA [lyophilized]

1. Content, Storage and Expiry

Storage at Arrival:

1 Vial yellow cap 96 reactions CoV (lyophilized)

Store cooled or at ambient temperature
Do not freeze the lyophilized reagents.

- Kits are stable for one year after production (store 4°C to 25°C in the dark). See lot-specific expiry date.
• Reconstituted reagents are stable for two weeks if stored protected from light and cooled (2°C to 8°C).
• Dissolved reagent can be stored long-term if frozen (-15°C to -25°C). Avoid multiple freeze-thaw cycles.

2. Additional Reagents required

LightCycler® Multiplex RNA Virus Master
or 1-step RT polymerase

Cat.-No. 06 754 155 001
90-9999-96

3. Introduction

Hundreds of thousands of isolates have been sequenced since the SARS-CoV-2 genome was published (MN908947). The Spike L452R mutation is predicted to increase infectivity and host immune evasion and is a marker for the Californian CAL.20C variant; 81% GISAID entries are B.1.427 or B.1.429 lineage.

Table with 10 columns: Spike Prot. Variation, Genetic Variation, UK B.1.1.7, UK B.1.525, ZA B.1.351, Brazil P.1, Calif B.1.429, DK mink Clust V, Function, Effect, Single assay. Rows include mutations like del HV69/70, K417N, N439K, L452R, Y453F, E484K, N501Y, A570D, D614G, P681H, V1176F.

4. Description

A 111 bp long fragment is amplified and analyzed running a melting curve, using a 452R specific detection probe. The amplification of wild type 452L is not visible.

5. Specification

Sensitivity better than 500 copies viral RNA.

6. Sample Material and Extraction

Coronaviruses affect normally the lower respiratory system, but SARS-CoV-2 is found also in nose and throat. Typical clinical samples are throat and nasopharyngeal swabs, sputum, saliva or gargle solution. Product tested with heat-treated gargle solution. For RNA extraction see manufacturer's kit instructions.

7. Material Safety Data (MSDS)

This product is not hazardous (according to regulation (EC) No 1272/2008), not toxic, not IATA-restricted. Not from human, animal or plant origin. Product contains synthetic oligonucleotide primers and probes. According to OSHA 29CFR1910.1200, Australia [NOHSC:1005, 1008 (1999)] and EU Directives (EC) No 1907/2006 and (EC) No 2015/830 any products which do not contain more than 1% of a component classified as hazardous or classified as carcinogenic do not require a MSDS.



8. Instructions for Use

Instruction for Roche 480 instruments. Capillary LightCycler[®], LightCycler[®] 96, MyGo and BioRad CFX96 instruments give similar results. For other instruments use the SYBR Green melting option.

8.1. Programming Roche 480 Instruments (Standard ModularDx Program)

Detection Format 530 Channel **Set Quant Factor 10, Max Integration Time 1 sec**
 LightCycler[®] 480 Instrument: 483-533
 LightCycler[®] 480 II Instrument: 465-510
 cobas z 480 Analyzer (open channel): 465-510

Program Step:	RT Step	Denaturation	Cycling			Cooling
Parameter						
Analysis Mode	None	None	Quantification mode			None
Cycles	1	1	40-45			1
Target [°C]	55	95	95	60	72*	40
Hold [hh:mm:ss]	00:05:00	00:05:00	00:00:05	00:00:15	00:00:15	00:00:30
Ramp Rate [°C/s] 96	4.4	4.4	4.4	2.2	4.4	1.5
Ramp Rate [°C/s] 384	4.6	4.6	4.6	2.4	4.6	2.0
Acquisition Mode	None	None	None	Single	None	None

* 72°C step can be skipped. 95°C can be cut to 3 s, 60°C to 12 s. RT and Den to 3 min (total time 45 min) Table 1

8.1.1. Melting Analysis (may be added or programmed as second run)

Detection Format Hydrolysis Probe or SimpleProbe
 LightCycler[®] 480 Instrument: 483-533
 LightCycler[®] 480 II Instrument: 465-510
 cobas z 480 Analyzer (open channel): 465-510

Program Step:	Melting			Cooling
Parameter				
Analysis Mode	Melting Curves mode			None
Cycles	1			
Target [°C]	95	40	75	40
Hold [hh:mm:ss]	00:00:30	00:02:00	00:00:00	00:00:30
Ramp Rate [°C/s]	4.4	1,5	-	1.5
Acquisition Mode	-	-	Continuous	2.0
Acquisitions [per °C]	-	-	3**	None

Table 2

** Melting slope shall be 0.19 to 0.29°C per second. If reading more channels reduce the number of acquisitions/sec.

8.2. Experimental Protocol

- **Sample material:** Use aqueous nucleic acid preparations
- **Negative control:** Always run at least one no-template control (NTC) - replace the template NA with water.
- **Positive control:** Run a positive control

For an increased sensitivity use 10 µl nucleic acid per 20 µl reaction.
 Product tested for 10 µl reaction volume (192 reactions).

8.2.1. Preparation of Parameter-Specific Reagents (PSR, 96 reactions):

The reagent vial with the **yellow** cap contains the primers and probe to run 96+ PCR reactions.

Check for the orange pellet, then add 50 µl PCR-grade water, mix (vortex) and spin down.
 For robotic pipetting the volume can be extended to 55 µl (signals will decrease by 10-20%).

► Use 0.5 µl reagent per 20 µl PCR reaction.

8.2.2. Preparation of the Positive Control

- not provided

8.2.3. Preparation of the Reaction Mix

Multiply volumes by the number of reactions plus controls and one reserve, prepare in a cooled tube:

LightCycler® Multiplex RNA Virus Master		1-step RT Polymerase 90-9999-96	
10.4 µl	Water, PCR-grade	Water, PCR-grade	4.4 µl
0.5 µl	This reagent (PSR)	This reagent (PSR)	0.5 µl
4.0 µl	Roche Mastermix	TIB Mastermix	10.0 µl
0.1 µl	RT Enzym	-	-
15.0 µl		15.0 µl	

Table 3

Mix gently, spin down and transfer 15 µl (10 µl) per well.

Add 5 µl (10 µl) of sample or control to each well for a final reaction volume of 20 µl. Seal plate and centrifuge.

Start run

9. Typical Results

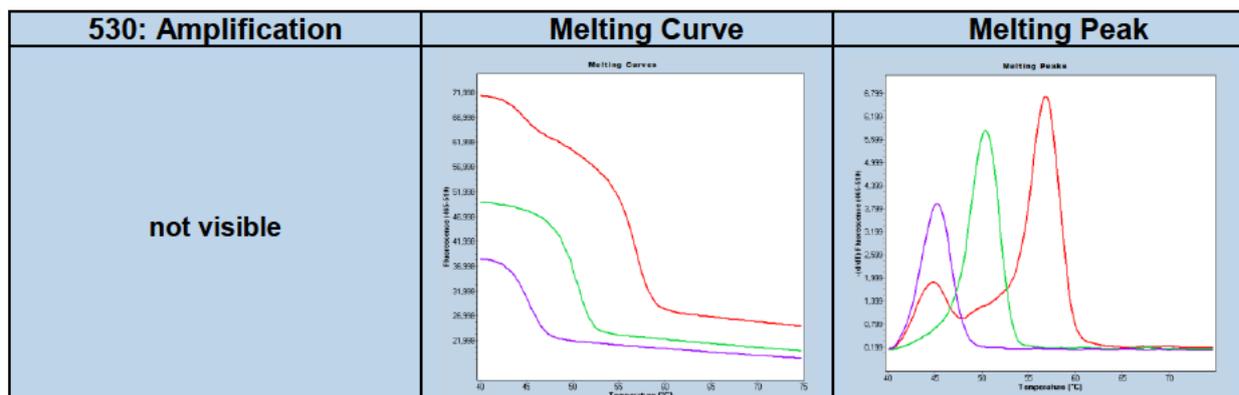


Figure 1. Green 452L (wild type), Red 453R, Purple 453F Left. Center: Melting Curve. Right 452L has a melting temperature of 50.3 (± 1)°C, 453R has a Tm of 56.8 (± 1)°C, 453F has a Tm of 45°C

10. Reading the Results

View results in the 530 channel. Use 'Tm calling'. The negative control (NTC) must show no signal.

Channel 530 Amplification	Channel 530 Melting analysis	Channel 530 NTC Control	Result
Not relevant	Not relevant	Negative / no peak	No virus amplified / not detectable
Invisible	Tm ~ 45°C*	Negative	SARS Spike 453F
Invisible	Tm ~ 50°C*	Negative	SARS Spike 452L
Invisible or low	Tm ~ 57°C*	Negative	SARS Spike 452R
Not relevant	Not relevant	Positive	Contamination Repeat experiment

Tm values shift depending on the instrument, speed of heating, mastermix, salt contents and detection format.

* Temperatures with 1step RT pol. 90-9999-96 are 3-4°C higher.

Single peak with lower Tm values are an indication for the presence of another mutation in the probe region.

The assay detects the genetic situation and not a strain; the correlation to a reference strain describes the most likely assignment for European isolates isolated winter 2020/2021.

11. References

Genomic characterisation of emergent SARS-CoV-2 lineage in UK defined by novel set of spike mutations. Rambaut et al., 2020 www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/threat-assessment-brief-rapid-increase-sars-cov-2-variant-united-kingdom
 Mutations in SARS-CoV-2 spike protein and RNA pol. are associated with COVID-19 mortality risk. Hahn et al., 2020 www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/DESH/Bericht_VOC_05022021.pdf?__blob=publicationFile

12. Multiplex PCR Compatibility

This SNP assay can be combined with 51-0776-96 SARS E+N and either EAV spiked extraction control or UBC human mRNA extraction control or with the complete kit 60-0770-96 Sarbecovirus E+N+UBC.

Multiplex PCR and Instrument Compatibility

Color Comp 40-0320 mandatory only for Multiplex PCR using more channels

500	530	580	610	640	660
	SNP				
SarbecoV	SNP	UBC mRNA			
SarbecoV	SNP				UBC
SarbecoV	SNP				EAV
	SNP	SARS N	SARS E		UBC

480 II	z 480	LC96	LC2.0	Nano
X	X	X	X	X
X	X	X		
X	X	X		
X	X	X		
X	X	X		

Table 3

13. Version History

V210313 Release version

2020-03-13

Certificate of Analysis (CoA)					
Lot n° 5025 Expiry : YYYY-MM-DD					
Tm range	L452 48-51°C	452R 56-58°C	453F 44-46°C	Cp range	PC -
Measured					passed ✓
Signal level	2-10	2-10	2-10		✓
Measured					✓
Negatives	10/10				✓
Note: Cp (crossing point) values collected with pDNA (single target PCR). Fluorescence (FL) levels depend on instrument settings and may vary. The Cp values will vary from instrument to instrument by up to 2 cycles, while the distance between two dilution steps should be relative constant (ΔCp).					
DOM (manufactured): YYYY-MM-DD			QC Acceptance: YYYY-MM-DD		
We, the undersigned, certify that the product designated above has been obtained in accordance with the rules of production and quality control.					
Name(s) :					
<i>Name1</i>			<i>Name2</i>		

TIB MOLBIOL Syntheselabor GmbH | Eresburgstr. 22-23 | D-12103 Berlin | Germany
 Tel. +49 30 78 79 94 55 | FAX +49 78 79 94 99 | dna@tib-molbiol.de | WWW.TIB-MOLBIOL.COM
 Geschäftsführer (CEO): Olfert Landt | Register HRB 93163 B | Registergericht Berlin Charlottenburg



Instructions For Use

VirSNIp SARS-CoV-2 Spike P681R

530

Cat.-No. 53-0806-96

Roche SAP n° 09 496 742 001

Kit with reagents for 96 PCR reactions 20 µl for genotyping of SARS-CoV-2 RNA [lyophilized]

1. Content, Storage and Expiry

Storage at Arrival:

1 Vial yellow cap 96 reactions SARS CoV (lyophilized)

Store cooled or at ambient temperature Do not freeze the lyophilized reagents.

- Kits are stable for one year after production (store 4°C to 25°C in the dark). See lot-specific expiry date.
• Reconstituted reagents are stable for two weeks if stored protected from light and cooled (2°C to 8°C).
• Dissolved reagent can be stored long-term if frozen (-15°C to -25°C). Avoid multiple freeze-thaw cycles.

2. Additional Reagents required

LightCycler® Multiplex RNA Virus Master or 1-step RT polymerase

Cat.-No. 06 754 155 001 90-9999-96

3. Introduction

The SARS-CoV-2 genome was published 11.1.20 (Genbank MN908947). Hundreds of thousand isolates have been sequenced. The Indian origin variant B.1.617 carries the mutations 452R, 484Q and 681R :

Table with 10 columns: Spike Prot. Variation, Genetic Variation, UK B.1.1.7, UK B.1.525, ZA B.1.351, Brazil P.1, Calif B.1.429, India B.1.617, Function, Effect, Single assay. Rows include mutations like del HV69/70, K417N, N439K, L452R, Y453F, E484K/Q, N501Y, A570D, D614G, P681H/R, V1176F.

4. Description

A 103 bp PCR long fragment is amplified and analyzed with a melting curve using a 681R-specific probe. The amplification of 681H and 681P is not visible.

5. Specification

Sensitivity better than 100 copies viral RNA.

6. Sample Material and Extraction

Coronaviruses affect normally the lower respiratory system, but SARS-CoV-2 is found also in nose and throat. Typical clinical samples are throat and nasopharyngeal swabs, sputum, saliva or gargle solution. Product tested with heat-treated gargle solution. For RNA extraction see manufacturer's kit instructions.

7. Material Safety Data (MSDS)

This product is not hazardous (according to regulation (EC) No 1272/2008), not toxic, not IATA-restricted. Not from human, animal or plant origin. Product contains synthetic oligonucleotide primers and probes.

According to OSHA 29CFR1910.1200, Australia [NOHSC:1005, 1008 (1999)] and EU Directives (EC) No 1907/2006 and (EC) No 2015/830 any products which do not contain more than 1% of a component classified as hazardous or classified as carcinogenic do not require a MSDS.



8. Instructions for Use

Instruction for Roche 480 instruments. Capillary LightCycler[®], LightCycler[®] 96, MyGo and BioRad CFX96 instruments give similar results (FAM channel). For other instruments use SYBR Green melting option.

8.1. Programming Roche 480 Instruments (Standard ModularDx Program)

Detection Format 530 Channel **Set Quant Factor 10, Max Integration Time 1 sec**
 LightCycler[®] 480 Instrument: 483-533
 LightCycler[®] 480 II Instrument: 465-510
 cobas z 480 Analyzer (open channel): 465-510

Program Step:	RT Step	Denaturation	Cycling			Cooling
Parameter						
Analysis Mode	None	None	Quantification mode			None
Cycles	1	1	40-45			1
Target [°C]	55	95	95	60	72*	40
Hold [hh:mm:ss]	00:05:00	00:05:00	00:00:05	00:00:15	00:00:15	00:00:30
Ramp Rate [°C/s] 96	4.4	4.4	4.4	2.2	4.4	1.5
Ramp Rate [°C/s] 384	4.6	4.6	4.6	2.4	4.6	2.0
Acquisition Mode	None	None	None	Single	None	None

* 72°C step can be skipped. 95°C can be cut to 3 s, 60°C to 12 s. RT and Den to 3 min (total time 45 min) Table 1

8.1.1. Melting Analysis (may be added or programmed as second run)

Detection Format Hydrolysis Probe or SimpleProbe
 LightCycler[®] 480 Instrument: 483-533
 LightCycler[®] 480 II Instrument: 465-510
 cobas z 480 Analyzer (open channel): 465-510

Program Step:	Melting			Cooling
Parameter				
Analysis Mode	Melting Curves mode			None
Cycles	1			
Target [°C]	95	40	75	40
Hold [hh:mm:ss]	00:00:30	00:02:00	00:00:00	00:00:30
Ramp Rate [°C/s]	4.4	1,5	-	1.5
Acquisition Mode	-	-	Continuous	
Acquisitions [per °C]	-	-	3**	None

Table 2

** Melting slope shall be 0.19 to 0.29°C per second. If reading more channels reduce the number of acquisitions/sec.

8.2. Experimental Protocol

- **Sample material:** Use aqueous nucleic acid preparations
- **Negative control:** Always run at least one no-template control (NTC) - replace the template NA with water.
- **Positive control:** Run a positive control - replace the template NA with the provided Positive Control.

For an increased sensitivity use 10 µl nucleic acid per 20 µl reaction.
 Product tested for 10 µl reaction volume (192 reactions).

8.2.1. Preparation of Parameter-Specific Reagents (PSR, 96 reactions):

The reagent vial with the **yellow** cap contains the primers and probe to run 96+ PCR reactions.

Check for the orange pellet, then add 50 µl PCR-grade water, mix (vortex) and spin down.
 For robotic pipetting the volume can be extended to 55 µl (signals will decrease by 10-20%).

► Use 0.5 µl reagent per 20 µl PCR reaction.

8.2.2. Preparation of the Positive Control

- not provided -

8.2.3. Preparation of the Reaction Mix

Multiply volumes by the number of reactions plus controls and one reserve, prepare in a cooled tube:

LightCycler® Multiplex RNA Virus Master		1-step RT Polymerase 90-9999-96	
10.4 µl	Water, PCR-grade	Water, PCR-grade	4.4 µl
0.5 µl	This reagent (PSR)	This reagent (PSR)	0.5 µl
4.0 µl	Roche Mastermix	TIB Mastermix	10.0 µl
0.1 µl	RT Enzym	-	-
15.0 µl		15.0 µl	

Table 3

Mix gently, spin down and transfer 15 µl (10 µl) per well.

Add 5 µl (10 µl) of sample or control to each well for a final reaction volume of 20 µl. Seal plate and centrifuge.

Start run

9. Typical Results

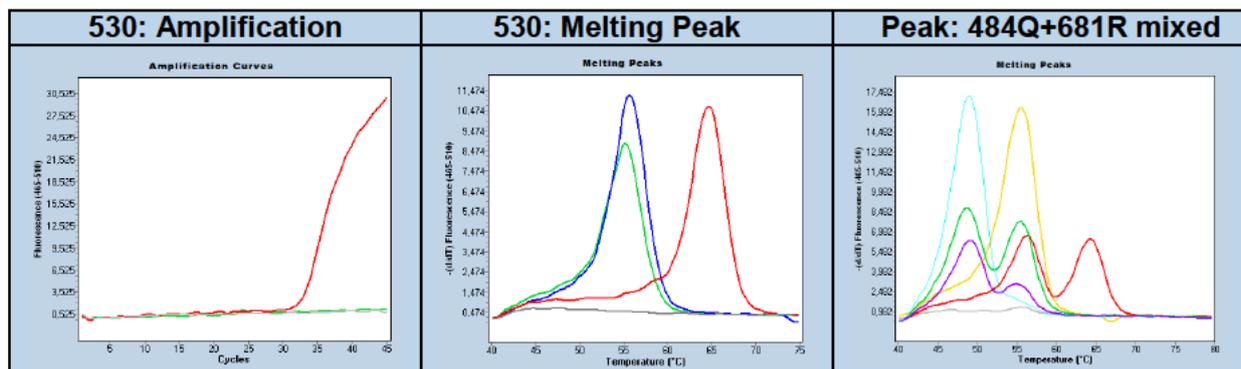


Figure 1. Green 681H, blue 681P, red 681R, grey NTC Left Only 681R visible Center 681H and 681P can be not distinguished, 681R has a T_m of $64.5 (\pm 2)^\circ\text{C}$. Right Green 484E 681P (wild type/ B.1.1.7/ B.1.351 lila P.1), red 484Q 681R (India), yellow 484Q 681P (B.1.177), light blue 484E 681 other mutation (untypical B.1.351).

10. Reading the Results

Use the Second Derivative Maximum method (Automated (F" max). View results in the 530 channel. The negative control (NTC) must show no signal. For the melting curve analysis use 'Tm calling'.

Channel 530 Amplification	Channel 530 Melting analysis	Channel 530 NTC Control	Result
Not relevant	Not relevant	Negative / no peak	No virus amplified / not detectable
Invisible	$T_m \sim 55.0^\circ\text{C}^*$	Negative	SARS Spike 681H
Invisible	$T_m \sim 55.5^\circ\text{C}^*$	Negative	SARS Spike 681P
Visible	$T_m \sim 64.5^\circ\text{C}^*$	Negative	SARS Spike 484Q (eg. B.1.617)
Not relevant	Not relevant	Positive	Contamination Repeat experiment

T_m values shift depending on the instrument, speed of heating, mastermix, salt contents and detection format.

* Temperatures with 1step RT pol. 90-9999-96 are 3-4°C higher.

Single peak with lower T_m values are an indication for the presence of another mutation in the probe region.

The assay detects the genetic situation and not a strain; the correlation to a reference strain describes the most likely assignment for European isolates isolated winter 2020/2021.

11. References

Genomic characterisation of emergent SARS-CoV-2 lineage in UK defined by novel set of spike mutations. Rambaut et al., 2020 www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/threat-assessment-brief-rapid-increase-sars-cov-2-variant-united-kingdom
 Circulating SARS-CoV-2 spike var. N439K maintains fitness while evading antibody-mediated immunity. Thomson et al., 2020
 Mutations in SARS-CoV-2 spike protein and RNA pol. are associated with COVID-19 mortality risk. Hahn et al., 2020
www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/DESH/Bericht_VOC_05022021.pdf?__blob=publicationFile

12. Multiplex PCR Compatibility

This SNP assay can be combined with 51-0776-96 SARS E+N and either EAV spiked extraction control or UBC human mRNA extraction control or with the complete kit 60-0770-96 Sarbecovirus E+N+UBC.

Multiplex PCR and Instrument Compatibility

Color Comp 40-0320 mandatory only for Multiplex PCR using more channels

500	530	580	610	640	660
	SNP				
SarbecoV	SNP	UBC mRNA			
SarbecoV	SNP				UBC
SarbecoV	SNP				EAV
	SNP	SARS N	SARS E		UBC

480 II	z 480	LC96	LC2.0	Nano
X	X	X	X	X
X	X	X		
X	X	X		
X	X	X		
X	X	X		

Table 3

53-0806 VirSNIp 681R and 53-0808 VirSNIp 484Q can be mixed.

13. Version History

V210404 Release version

2021-04-28

Certificate of Analysis (CoA)						
Lot n° 5075 Expiry : YYYY-MM-DD						
Tm range Measured	681H	681P	681R	Cp range	PC	passed
	54-57°C	54-57°C	64-66°C		-	✓
Signal level Measured	2-10	2-10	2-10		-	✓
Negatives	10/10					✓
Note: Cp (crossing point) values collected with pDNA (single target PCR). Fluorescence (FL) levels depend on instrument settings and may vary. The Cp values will vary from instrument to instrument by up to 2 cycles, while the distance between two dilution steps should be relative constant (Δ Cp).						
DOM (manufactured): YYYY-MM-DD			QC Acceptance: YYYY-MM-DD			
We, the undersigned, certify that the product designated above has been obtained in accordance with the rules of production and quality control.						
Name(s) :						
<i>Name1</i>			<i>Name2</i>			

TIB MOLBIOL Syntheselabor GmbH | Eresburgstr. 22-23 | D-12103 Berlin | Germany
 Tel. +49 30 78 79 94 55 | FAX +49 78 79 94 99 | dna@tib-molbiol.de | WWW.TIB-MOLBIOL.COM
 Geschäftsführer (CEO): Olfert Landt | Register HRB 93163 B | Registergericht Berlin Charlottenburg

Modification de la paramétrisation des analyses SRAS-CoV-2 et du criblage par PCR

OBJECTIFS

1. Harmoniser le format de rapport;
2. Paramétrer les SIL de façon à simplifier son interprétation par les santés publiques régionales ainsi que l'intégration de ces données dans les différentes plateformes (TSP-INSPQ-TB DBBM);
3. Diminuer les risques d'erreur d'interprétation par les utilisateurs des données (TSP-INSPQ-TB DBBM);
4. Utiliser les ressources humaines et matérielles de façon efficiente en contexte de faible prévalence de la Covid-19

POINTS D'INFORMATIONS

- Les résultats Non-Détecté, détecté, équivoque, invalide, faible quantité d'ARN détecté, sont toujours d'actualité pour l'épreuve de détection du SRAS-CoV-2.

NOUVELLES TERMINOLOGIES

- Laboratoire primaire: Laboratoire qui effectue seulement les tests de dépistage du SRAS-CoV-2 (aucun test de criblage n'est fait dans ce laboratoire).
- Laboratoire secondaire: Laboratoire qui effectue le test de dépistage du SRAS-CoV-2 et les mutations suivantes : N501Y-del69/70-E484K. Les centres désignés sont maintenant le CUSM-HMR-CHUM-CHUQ-HÔPITAL GÉNÉRAL JUIF-CHUS-ST-EUSTACHE et CHU SAINTE-JUSTINE.

Important

Si vous ne faites pas partie de cette liste, il n'est donc plus requis pour votre laboratoire de faire le criblage des mutations N501Y-del69/70-E484K.

- Laboratoire tertiaire: Laboratoire qui effectue le test de dépistage du SRAS-CoV-2, les mutations suivantes : N501Y-del69/70-E484K et les mutations L452R et la P681R. Les centres désignés sont le LSPQ-CHUQ et le CUSM.

MODIFICATIONS DEMANDÉES

Pour les laboratoires PRIMAIRES (aucun criblage n'est effectué dans ce laboratoire) :

Pour tous les spécimens avec un résultat détecté, bien vouloir ajouter ce commentaire:

Le spécimen a été envoyé pour le criblage de mutations présentes chez des variants SRAS-CoV-2 préoccupants. À la réception du résultat de criblage, ce rapport ne sera pas modifié pour inclure ces résultats. Il est important de fermer la requête et de faire une déclaration à la santé publique de la région socio sanitaire du citoyen (MADO).

Pour les laboratoires SECONDAIRES :

Appliquer les commentaires et interprétations selon le tableau suivant :

Del 69-70	N501Y	E484K	Interprétation (SIL)	Conduite supplémentaire
Détecté	Détecté	Détecté	B.1.1.7	Final et l'ajout du commentaire numéro 3 Vous pourrez les acheminer au LSPQ pour séquençage (dans le 10% devant être envoyé au LSPQ)
Détecté	Indéterminé	Détecté	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 5
Détecté	Invalide	Détecté	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 5
Détecté	Non détecté	Détecté	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 5
Indéterminé	Détecté	Détecté	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 2
Indéterminé	Indéterminé	Détecté	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 4
Indéterminé	Invalide	Détecté	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 4

Del 69-70	N501Y	E484K	Interprétation (SIL)	Conduite supplémentaire
Indéterminé	Non détecté	Détecté	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 4
Invalide	Détecté	Détecté	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 2
Invalide	Indéterminé	Détecté	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 4
Invalide	Invalide	Détecté	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 4
Invalide	Non détecté	Détecté	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 4
Non détecté	Détecté	Détecté	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 2
Non détecté	Indéterminé	Détecté	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 4
Non détecté	Invalide	Détecté	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 4
Non détecté	Non détecté	Détecté	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 4
Détecté	Détecté	Indéterminé	B.1.1.7	Final et l'ajout du commentaire numéro 3
Détecté	Indéterminé	Indéterminé	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 5
Détecté	Invalide	Indéterminé	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 5
Détecté	Non détecté	Indéterminé	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 5
Indéterminé	Détecté	Indéterminé	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 1
Indéterminé	Indéterminé	Indéterminé	Indéterminé	Séquençage
Indéterminé	Invalide	Indéterminé	Indéterminé	Séquençage
Indéterminé	Non détecté	Indéterminé	Indéterminé	Séquençage
Invalide	Détecté	Indéterminé	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 1

Invalide	Indéterminé	Indéterminé	Indéterminé	Séquençage
Invalide	Invalide	Indéterminé	Indéterminé	Séquençage
Invalide	Non détecté	Indéterminé	Indéterminé	Séquençage
Non détecté	Détecté	Indéterminé	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 1
Non détecté	Indéterminé	Indéterminé	Indéterminé	Séquençage
Non détecté	Invalide	Indéterminé	Indéterminé	Séquençage
Non détecté	Non détecté	Indéterminé	Indéterminé	Séquençage
Détecté	Détecté	Invalide	B.1.1.7	Final et l'ajout du commentaire numéro 3
Détecté	Indéterminé	Invalide	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 5
Détecté	Invalide	Invalide	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 5
Détecté	Non détecté	Invalide	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 5
Indéterminé	Détecté	Invalide	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 1
Indéterminé	Indéterminé	Invalide	Indéterminé	Séquençage
Indéterminé	Invalide	Invalide	Indéterminé	Séquençage
Indéterminé	Non détecté	Invalide	Indéterminé	Séquençage
Invalide	Détecté	Invalide	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 1
Invalide	Indéterminé	Invalide	Indéterminé	Séquençage
Invalide	Invalide	Invalide	Invalide	
Invalide	Non détecté	Invalide	Invalide	
Non détecté	Détecté	Invalide	Détecté	Séquençage et l'ajout du commentaire numéro 1
Non détecté	Indéterminé	Invalide	Indéterminé	Séquençage
Non détecté	Invalide	Invalide	Invalide	
Non détecté	Non détecté	Invalide	Invalide	
Détecté	Détecté	Non détecté ou non effectué	B.1.1.7	Final et l'ajout du commentaire numéro 3

Déecté	Indéterminé	Non détecté ou non effectué	Déecté	Séquencege et l'ajout du commentaire numéro 5
Déecté	Invalide	Non détecté ou non effectué	Déecté	Séquencege et l'ajout du commentaire numéro 5
Déecté	Non détecté	Non détecté ou non effectué	Déecté	Séquencege et l'ajout du commentaire numéro 5
Indéterminé	Déecté	Non détecté ou non effectué	Déecté	Séquencege et l'ajout du commentaire numéro 1
Indéterminé	Indéterminé	Non détecté ou non effectué	Indéterminé	Séquencege
Indéterminé	Invalide	Non détecté ou non effectué	Indéterminé	Séquencege
Indéterminé	Non détecté	Non détecté ou non effectué	Indéterminé	Séquencege
Invalide	Déecté	Non détecté ou non effectué	Déecté	Séquencege et l'ajout du commentaire numéro 1
Invalide	Indéterminé	Non détecté ou non effectué	Indéterminé	Séquencege
Invalide	Invalide	Non détecté ou non effectué	Invalide	
Invalide	Non détecté	Non détecté ou non effectué	Invalide	
Non détecté	Déecté	Non détecté ou non effectué	Déecté	Séquencege et l'ajout du commentaire numéro 1
Non détecté	Indéterminé	Non détecté ou non effectué	Indéterminé	Séquencege
Non détecté	Invalide	Non détecté ou non effectué	Invalide	
Non détecté	Non détecté	Non détecté ou non effectué	Non détecté	Envoi au criblage pour la L452R et P681R et l'ajout du commentaire numéro 6

Pour les laboratoires TERTIAIRES :

Appliquer les commentaires selon le tableau suivant :

452R	P681R	Conduite
Déecté	Déecté	Séquencege et l'ajout du commentaire numéro 8
Déecté	Indéterminé	Séquencege et l'ajout du commentaire numéro 7
Déecté	Invalide	Séquencege et l'ajout du commentaire numéro 7
Déecté	Non déecté	Séquencege et l'ajout du commentaire numéro 7
Indéterminé	Déecté	Séquencege et l'ajout du commentaire numéro 9
Indéterminé	Indéterminé	Séquencege
Indéterminé	Invalide	Séquencege
Indéterminé	Non déecté	Séquencege
Invalide	Déecté	Séquencege et l'ajout du commentaire numéro 9
Invalide	Indéterminé	Séquencege
Invalide	Invalide	
Invalide	Non déecté	
Non déecté	Déecté	Séquencege et l'ajout du commentaire numéro 9

Non détecté	Indéterminé	Séquençage
Non détecté	Invalide	
Non détecté	Non détecté	l'ajout du commentaire numéro 10 Biobanque ou séquençage prioritaire

DÉFINITION DES COMMENTAIRES :

Commentaire numéro 1

Une mutation présente chez des variants SRAS-CoV-2 préoccupants a été détectée.

- Les variants avec la mutation N501Y incluent B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Bêta) et P.1 (Gamma). L'échantillon a été expédié au LSPQ pour analyses complémentaires.

- (nom et disclaimer de trousse)

Commentaire numéro 2

Une mutation présente chez des variants SRAS-CoV-2 préoccupants a été détectée.

Les variants avec les mutations N501Y et E484K incluent parfois B.1.1.7 (Alpha), mais plus souvent B.1.351 (Bêta) et P.1 (Gamma). L'échantillon a été expédié au LSPQ pour analyses complémentaires.

(nom et disclaimer de trousse)

Commentaire numéro 3

Détection du variant préoccupant B.1.1.7 (Alpha) par la présence des mutations N501Y et del 69-70 du gène S du SRAS-CoV-2. Le séquençage n'est pas requis.

(nom et disclaimer de la trousse)

Commentaire numéro 4

Une mutation présente chez des variants SRAS-CoV-2 préoccupants a été détectée.

Les variants avec les mutations E484K incluent B.1.1.7 (Alpha), B.1.351 (Bêta) et P.1 (Gamma). L'échantillon a été expédié au LSPQ pour analyses complémentaires.

(nom et disclaimer de trousse)

Commentaire numéro 5

-Une mutation présente chez des variants SRAS-CoV-2 préoccupants a été détectée.

-L'échantillon a été expédié au LSPQ pour analyses complémentaires.

(nom et disclaimer de trousse)

Commentaire numéro 6

Absence des mutations N501Y, del 69-70 et E484K du gène S du SRAS-CoV-2.

La présence d'un variant préoccupant B.1.617.2 (delta) ne peut être éliminée. L'échantillon a été envoyé dans un centre désigné pour recherche de mutation associée au variant delta.

Commentaire numéro 7

Une mutation présente chez des variants SRAS-CoV-2 préoccupants a été détectée.

Les variants avec la mutation L452R incluent B.1.617 et ses sous-lignées (dont B.1.617.2 – delta-), ainsi que d'autres variants communs. L'échantillon a été expédié au LSPQ pour analyses complémentaires.

(nom et disclaimer de trousse)

Commentaire numéro 8

Identification de la lignée parentale B.1.617 du variant préoccupant B.1.617.2 (delta) du SARS CoV-2

L'échantillon a été expédié au LSPQ pour analyses complémentaires.

(nom et disclaimer de trousse)

Commentaire numéro 9-

Une mutation présente chez des variants SRAS-CoV-2 préoccupants a été détectée.

Les variants avec la mutation P681R incluent B.1.617 et ses sous-lignées (dont B.1.617.2 – delta-). L'échantillon a été expédié au LSPQ pour analyses complémentaires.

(nom et disclaimer de trousse)

Commentaire numéro 10

Absence de mutation associée à un variant préoccupant.

(nom et disclaimer de trousse)

- Au besoin, acheminer les nouveaux codes et un exemple du format de rapport à Nosotech à l'adresse suivante : support@nosotech.com et à [REDACTED]
- Tous les codes en lien avec une retranscription des résultats ne doivent pas être envoyés à Nosotech;



Par courrier électronique

Le 31 mai 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 : Nouvelle analyse – criblage L452R sur les échantillons positifs de SRAS-CoV-2

Madame, Monsieur,

Dès aujourd'hui, une nouvelle analyse de TAAN à la recherche de la mutation L452R est disponible pour le dépistage du variant B.1.617 sur les échantillons positifs de SRAS-CoV-2.

Cette analyse est offerte aux laboratoires pour lesquels la Direction de la biovigilance et de la biologie médicale (DBBM) a désigné le Laboratoire de santé publique du Québec (LSPQ) comme corridor de service. L'indication de ce test sera ré-évaluée après 4 semaines de déploiement, pour l'instant les indications sont un test positif pour le RT-PCR de SRAS-CoV-2 et un dépistage négatif pour les 3 mutations suivantes : N501Y, Del 69-70, E484K sur le gène de la spicule. Veuillez, si possible, n'envoyer que les spécimens pour lesquels la CT est inférieure à 30 pour au moins une cible (22 pour m2000).

L'analyse à sélectionner sur le formulaire PHAGE est « Coronavirus (SARS-CoV-2): criblage L452R ». Si l'analyse de séquençage prioritaire est indiquée, veuillez demander UNIQUEMENT l'analyse « Coronavirus (SARS-CoV-2) : séquençage prioritaire » et inscrire « Criblage L452R » dans le champ « Autres données pertinentes ». Le LSPQ se chargera de diriger l'échantillon vers le séquençage ou la biobanque une fois les tests indiqués terminés, le laboratoire demandeur peut donc envoyer le tube primaire. Si une partie de l'échantillon est envoyée, une quantité minimale de 0,5mL est requise.

L'analyse sera effectuée tous les jours ouvrables.

En comptant sur votre habituelle collaboration, veuillez recevoir, madame, monsieur, nos meilleures salutations.

Michel Roger MD, PhD, FRCPC
Directeur médical

Judith Fafard, MD, FRCPC
Médecin microbiologiste-infectiologue conseil

Variants à surveillance rehaussée - Processus

