

RÉSUMÉ ÉPIDÉMIOLOGIQUE HEBDOMADAIRE

Surveillance génomique du SARS-CoV-2 en Ontario, 16 septembre 2022

Ce rapport présente un résumé des résultats du séquençage du génome entier du SARS-CoV-2 effectué par Santé publique Ontario le 14 septembre 2022 et par des laboratoires partenaires du Réseau génomique COVID-19 de l'Ontario le 13 septembre 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 celle de la représentation du variant Omicron pour inclure les lignées descendantes BA (p. ex., BA.1, BA.2, BA.5). 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 7 010 cas ont été séquencés par le RGCO à des fins de surveillance représentative entre le 7 août et le 3 septembre 2022.
- La proportion de cas de BA.5 (incluant toutes les sous-lignées de BA.5) est demeurée stable à 89,8 % (du 21 au 27 août) et à 90,2 % (du 28 août au 3 septembre); voir le Tableau 5.
- Au cours de la dernière semaine (du 28 août au 3 septembre), la lignée BA.5.2.1 était la plus prévalente (25,6 %), suivie de la lignée BA.5.2 (24,5 %) et de la lignée BA.5.1 (13,8 %).
- La proportion de cas de BA.5.2.1 est demeurée stable à 25,4 % (du 21 au 27 août) et à 25,6 % (28 août au 3 septembre).
 - D'après le modèle de prévision à court terme, la proportion de BA.5.2.1 devrait demeurer stable, atteignant 24,6 % (IC à 95 % : 22,5 % à 26,9 %) d'ici le 21 septembre 2022.

Les nombres de cas attribués aux différentes lignées peuvent changer d'un rapport à un autre, à mesure que les modèles de classification des lignées Pango sont mis à jour.

Depuis le 31 décembre 2021, l'utilisation du test PCR comme outil de diagnostic était réservée aux populations les plus vulnérables. L'admissibilité au dépistage a été élargie le 11 avril 2022 en vue d'inclure d'autres groupes à risque élevé (voir les notes techniques pour en savoir plus). 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 24 août 2022.

Representative Surveillance

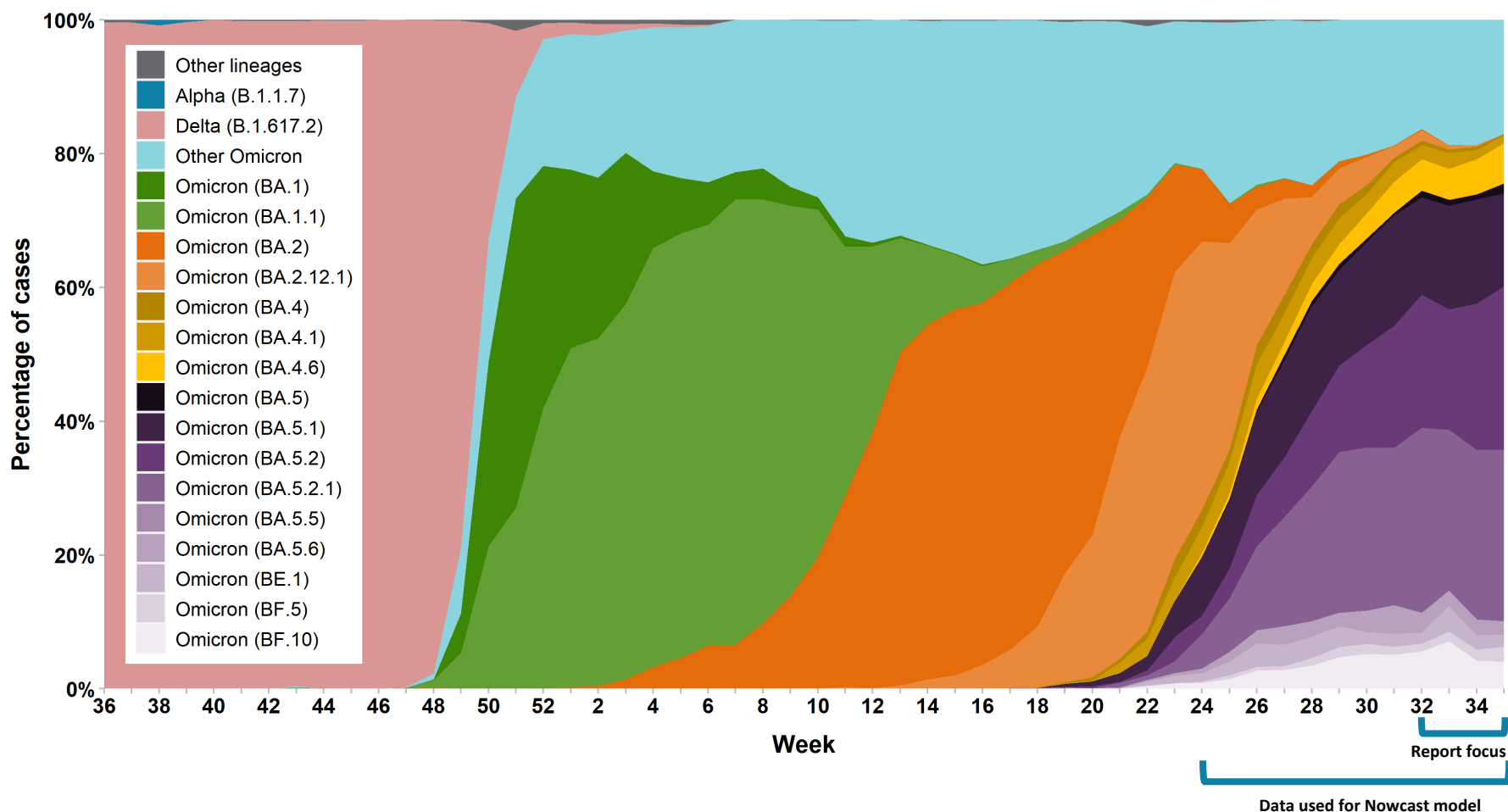
Table 1. Number of COVID-19 cases, number and percentage of cases sequenced for representative surveillance by week, Ontario, August 7 to September 3, 2022

Week	Number of cases	Number sequenced	Percentage sequenced
Week 32 (August 7 - August 13)	9,861	1,484	15.0%
Week 33 (August 14 - August 20)	9,297	1,552	16.7%
Week 34 (August 21 - August 27)	9,045	2,283	25.2%
Week 35 (August 28 - September 3)	7,811	1,691	21.6%
Total	36,014	7,010	19.5%

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 sources: 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, September 5, 2021 to September 3, 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 sources: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program

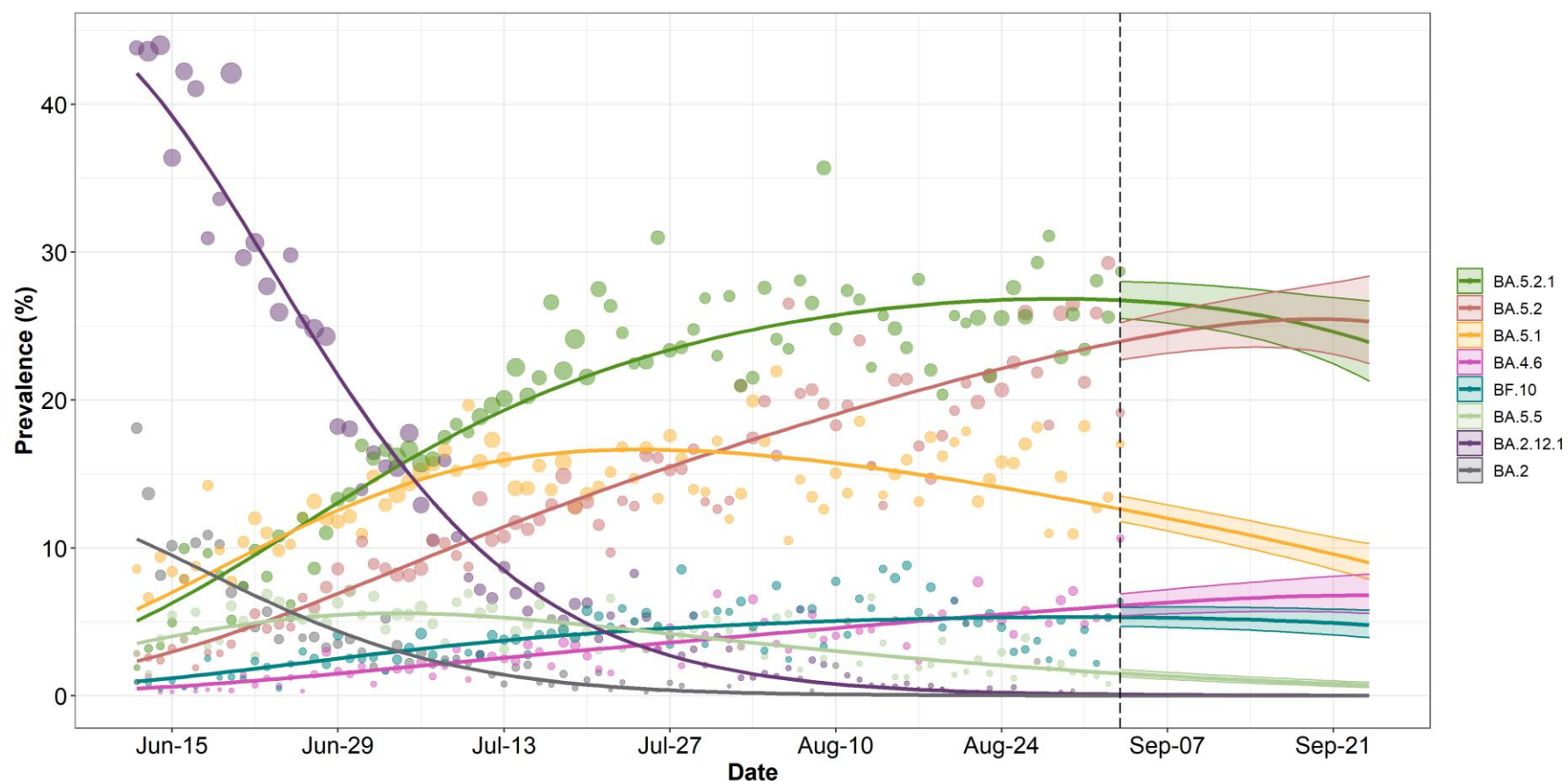
Table 2. Number and percentage of cases by Pango lineage and week, representative surveillance, Ontario, August 7 to September 3, 2022

WHO label/Pango lineage	Week 32 (August 7 to August 13)	Week 33 (August 14 to August 20)	Week 34 (August 21 to August 27)	Week 35 (August 28 to September 3)	Total (August 7 to September 3)
Omicron	1,484 (100%)	1,552 (100%)	2,283 (100%)	1,691 (100%)	7,010 (100%)
BA.5.2.1	410 (27.6%)	373 (24.0%)	579 (25.4%)	433 (25.6%)	1,795 (25.6%)
BA.5.2	295 (19.9%)	279 (18.0%)	499 (21.9%)	414 (24.5%)	1,487 (21.2%)
BA.5.1	216 (14.6%)	241 (15.5%)	355 (15.5%)	234 (13.8%)	1,046 (14.9%)
BA.4.6	70 (4.7%)	72 (4.6%)	120 (5.3%)	102 (6.0%)	364 (5.2%)
BF.10	83 (5.6%)	110 (7.1%)	97 (4.2%)	68 (4.0%)	358 (5.1%)
BA.5.6	44 (3.0%)	36 (2.3%)	54 (2.4%)	34 (2.0%)	168 (2.4%)
BE.1	25 (1.7%)	59 (3.8%)	49 (2.1%)	30 (1.8%)	163 (2.3%)
BA.5.5	50 (3.4%)	32 (2.1%)	54 (2.4%)	25 (1.5%)	161 (2.3%)
Other Omicron	291 (19.6%)	350 (22.6%)	476 (20.8%)	351 (20.8%)	1,468 (20.9%)
Total sequenced	1,484 (100%)	1,552 (100%)	2,283 (100%)	1,691 (100%)	7,010 (100%)

Note: Includes the most prevalent 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 sources: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program

Figure 2. Estimated daily prevalence (%) by Pango lineage, using Nowcast model, Ontario, June 12 to September 24, 2022



Note: Each curve represents the estimated prevalence of a given lineage from Nowcast modelling, which uses 12 weeks of daily representative surveillance data in a multinomial logistic regression. Each set of dots represents the observed daily prevalence of a given lineage, while their size represents the relative number of samples. The vertical dashed line indicates the most recent day of data, after which projected Nowcast prevalence estimates are presented with their 95% confidence intervals. The vertical grey lines indicate the mid-point of the week. Includes all lineages with at least one day of an estimated prevalence of 5% or greater during the 15 week period (12 observed and 3 projected). Only lineages with at least seven days of non-zero case counts were included.

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

Table 3. Estimated prevalence (%), projected prevalence (%), and weekly relative growth rate (with 95% confidence intervals) by Pango lineage, using Nowcast model, Ontario, June 12 to September 24, 2022

WHO label/Pango lineage	Week 34 (August 24): Estimated	Week 35 (August 31): Estimated	Week 36 (September 7): Projected	Week 37 (September 14): Projected	Week 38 (September 21): Projected	Weekly relative growth rate
BA.5.2.1	26.8 (25.8 - 27.8)	26.8 (25.7 - 28.0)	26.5 (25.2 - 27.9)	25.9 (24.2 - 27.5)	24.6 (22.5 - 26.9)	1.00 (reference)
BA.5.2	22.1 (21.2 - 23.1)	23.5 (22.3 - 24.6)	24.5 (23.2 - 26.0)	25.3 (23.6 - 27.0)	25.5 (23.1 - 28.0)	1.06 (1.04 - 1.07)
BA.5.1	14.1 (13.3 - 14.9)	13.1 (12.3 - 13.9)	12.0 (11.2 - 12.9)	10.8 (9.9 - 11.8)	9.6 (8.5 - 10.7)	0.93 (0.92 - 0.94)
BA.4.6	5.5 (5.0 - 6.1)	5.9 (5.3 - 6.6)	6.3 (5.5 - 7.2)	6.6 (5.7 - 7.7)	6.8 (5.7 - 8.1)	1.08 (1.05 - 1.10)
BF.10	5.3 (4.8 - 5.8)	5.3 (4.7 - 5.9)	5.3 (4.6 - 6.0)	5.2 (4.4 - 6.0)	4.9 (4.1 - 5.9)	1.00 (0.98 - 1.02)
BA.5.5	2.1 (1.8 - 2.4)	1.7 (1.4 - 1.9)	1.3 (1.1 - 1.6)	1.1 (0.9 - 1.3)	0.8 (0.6 - 1.0)	0.81 (0.79 - 0.83)
BA.2.12.1	0.2 (0.2 - 0.3)	0.1 (0.1 - 0.1)	0.1 (0 - 0.1)	0.0 (0.0 - 0.0)	0.0 (0.0 - 0.0)	0.52 (0.50 - 0.53)
BA.2	0.0 (0.0 - 0.0)	0.0 (0.0 - 0.0)	0.0 (0.0 - 0.0)	0.0 (0.0 - 0.0)	0.0 (0.0 - 0.0)	0.47 (0.45 - 0.49)

Note: The Nowcast model uses 12 weeks of daily representative surveillance data in a multinomial logistic regression that estimates and projects the prevalence of SARS-CoV-2 lineages. The prevalence estimates and projections presented are from the Wednesday (mid-point) of the specified week. Lineages that had at least one day with a prevalence of 5% or greater in the 15 week period (12 observed and 3 projected) were included. Lineages with at least seven days of non-zero case counts were included. Prevalence estimates are based on the model and are not expected to be the same as the observed data (e.g. Table 2). The weekly relative growth rate is a measure of a lineage's growth rate relative to the reference lineage and is estimated in the Nowcast model. Details on the methodology used to calculate Nowcast prevalence estimates, projections, and the weekly relative growth rates can be found in the technical notes.

Data sources: 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, August 7 to September 3, 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
Omicron	153 (100%)	66 (100%)	117 (100%)	1,596 (100%)	1,738 (100%)	1,601 (100%)	1,733 (100%)	7,004 (100%)
BA.5.2.1	31 (20.3%)	10 (15.2%)	32 (27.4%)	389 (24.4%)	458 (26.4%)	418 (26.1%)	454 (26.2%)	1,792 (25.6%)
BA.5.2	32 (20.9%)	10 (15.2%)	20 (17.1%)	316 (19.8%)	365 (21.0%)	350 (21.9%)	394 (22.7%)	1,487 (21.2%)
BA.5.1	17 (11.1%)	15 (22.7%)	16 (13.7%)	262 (16.4%)	263 (15.1%)	228 (14.2%)	245 (14.1%)	1,046 (14.9%)
BA.4.6	10 (6.5%)	5 (7.6%)	7 (6.0%)	92 (5.8%)	96 (5.5%)	79 (4.9%)	75 (4.3%)	364 (5.2%)
BF.10	13 (8.5%)	5 (7.6%)	8 (6.8%)	72 (4.5%)	82 (4.7%)	87 (5.4%)	91 (5.3%)	358 (5.1%)
BA.5.6	5 (3.3%)	0 (0.0%)	3 (2.6%)	44 (2.8%)	32 (1.8%)	40 (2.5%)	43 (2.5%)	167 (2.4%)
BE.1	2 (1.3%)	2 (3.0%)	2 (1.7%)	32 (2.0%)	42 (2.4%)	37 (2.3%)	46 (2.7%)	163 (2.3%)
BA.5.5	6 (3.9%)	4 (6.1%)	3 (2.6%)	46 (2.9%)	44 (2.5%)	32 (2.0%)	26 (1.5%)	161 (2.3%)
Other Omicron	37 (24.2%)	15 (22.7%)	26 (22.2%)	343 (21.5%)	356 (20.5%)	330 (20.6%)	359 (20.7%)	1,466 (20.9%)
Total sequenced	153 (100%)	66 (100%)	117 (100%)	1,596 (100%)	1,738 (100%)	1,601 (100%)	1,733 (100%)	7,004 (100%)

Note: Includes the most prevalent 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 sources: PHO, Hospital for Sick Children, Kingston Health Sciences Centre, Shared Hospital Laboratory, Hamilton Regional Laboratory Medicine Program, CCM

Table 5. Percentage of BA.5 cases (including all BA.5 sub-lineages), number identified, and total sequenced by public health unit (PHU), region, and week, representative surveillance, Ontario, August 7 to September 3, 2022

Public Health Unit	Week 32 (August 7 to August 13)	Week 33 (August 14 to August 20)	Week 34 (August 21 to August 27)	Week 35 (August 28 to September 3)	Total (August 7 to September 3)
Northwestern Health Unit	100% (2/2)	27.3% (3/11)	63.2% (12/19)	85.7% (6/7)	59.0% (23/39)
Thunder Bay District Health Unit	94.7% (18/19)	92.9% (13/14)	91.7% (22/24)	100% (25/25)	95.1% (78/82)
TOTAL NORTH WEST	95.2% (20/21)	64.0% (16/25)	79.1% (34/43)	96.9% (31/32)	83.5% (101/121)
Algoma Public Health	81.2% (13/16)	75.0% (9/12)	59.3% (16/27)	90.9% (20/22)	75.3% (58/77)
North Bay Parry Sound District Health Unit	90.0% (18/20)	96.2% (25/26)	82.6% (19/23)	25.0% (1/4)	86.3% (63/73)
Porcupine Health Unit	100% (8/8)	83.3% (5/6)	100% (9/9)	95.5% (21/22)	95.6% (43/45)
Public Health Sudbury & Districts	85.3% (29/34)	80.8% (21/26)	93.2% (41/44)	86.5% (45/52)	87.2% (136/156)
Timiskaming Health Unit	0.0% (0/0)	100% (1/1)	50.0% (1/2)	100% (1/1)	75.0% (3/4)
TOTAL NORTH EAST	87.2% (68/78)	85.9% (61/71)	81.9% (86/105)	87.1% (88/101)	85.4% (303/355)
Ottawa Public Health	83.3% (95/114)	84.9% (79/93)	86.3% (126/146)	89.7% (70/78)	85.8% (370/431)
Eastern Ontario Health Unit	78.6% (11/14)	93.8% (15/16)	83.3% (20/24)	100% (13/13)	88.1% (59/67)
Hastings Prince Edward Public Health	73.1% (19/26)	81.6% (31/38)	88.7% (47/53)	95.9% (71/74)	88.0% (168/191)
Kingston, Frontenac and Lennox & Addington Public Health	85.7% (24/28)	90.3% (28/31)	92.0% (80/87)	94.5% (86/91)	92.0% (218/237)
Leeds, Grenville & Lanark District Health Unit	90.0% (18/20)	92.9% (26/28)	100% (17/17)	100% (18/18)	95.2% (79/83)
Renfrew County and District Health Unit	92.9% (13/14)	90.5% (19/21)	97.4% (38/39)	92.0% (23/25)	93.9% (93/99)
TOTAL EASTERN	83.3% (180/216)	87.2% (198/227)	89.6% (328/366)	94.0% (281/299)	89.1% (987/1,108)
Durham Region Health Department	77.8% (21/27)	86.0% (37/43)	75.0% (42/56)	76.1% (51/67)	78.2% (151/193)
Haliburton, Kawartha, Pine Ridge District Health Unit	76.9% (20/26)	86.2% (25/29)	86.8% (33/38)	57.7% (15/26)	78.2% (93/119)
Peel Public Health	90.9% (100/110)	87.4% (90/103)	87.3% (137/157)	87.9% (102/116)	88.3% (429/486)
Peterborough Public Health	100% (4/4)	100% (5/5)	100% (12/12)	100% (7/7)	100% (28/28)
Simcoe Muskoka District Health Unit	80.8% (42/52)	92.8% (64/69)	88.5% (77/87)	88.9% (72/81)	88.2% (255/289)
York Region Public Health	88.7% (141/159)	89.3% (134/150)	95.0% (151/159)	92.9% (92/99)	91.4% (518/567)
TOTAL CENTRAL EAST	86.8% (328/378)	89.0% (355/399)	88.8% (452/509)	85.6% (339/396)	87.6% (1,474/1,682)

Public Health Unit	Week 32 (August 7 to August 13)	Week 33 (August 14 to August 20)	Week 34 (August 21 to August 27)	Week 35 (August 28 to September 3)	Total (August 7 to September 3)
Toronto Public Health	91.7% (297/324)	92.4% (304/329)	89.3% (308/345)	90.3% (318/352)	90.9% (1,227/1,350)
TOTAL TORONTO	91.7% (297/324)	92.4% (304/329)	89.3% (308/345)	90.3% (318/352)	90.9% (1,227/1,350)
Chatham-Kent Public Health	100% (11/11)	100% (17/17)	96.2% (25/26)	93.3% (14/15)	97.1% (67/69)
Grey Bruce Health Unit	100% (16/16)	100% (13/13)	90.0% (27/30)	70.6% (12/17)	89.5% (68/76)
Huron Perth Public Health	88.9% (8/9)	80.0% (8/10)	92.0% (23/25)	81.8% (9/11)	87.3% (48/55)
Lambton Public Health	91.7% (11/12)	88.9% (16/18)	85.2% (23/27)	90.9% (10/11)	88.2% (60/68)
Middlesex-London Health Unit	89.8% (53/59)	95.9% (70/73)	95.6% (131/137)	97.9% (92/94)	95.3% (346/363)
Southwestern Public Health	100% (17/17)	92.9% (26/28)	88.2% (45/51)	90.9% (50/55)	91.4% (138/151)
Windsor-Essex County Health Unit	88.6% (31/35)	96.7% (29/30)	94.3% (83/88)	98.0% (48/49)	94.6% (191/202)
TOTAL SOUTH WEST	92.5% (147/159)	94.7% (179/189)	93.0% (357/384)	93.3% (235/252)	93.3% (918/984)
Brant County Health Unit	84.0% (21/25)	97.6% (41/42)	72.7% (16/22)	100% (6/6)	88.4% (84/95)
City of Hamilton Public Health Services	90.1% (91/101)	90.7% (88/97)	92.6% (176/190)	91.0% (71/78)	91.4% (426/466)
Haldimand-Norfolk Health Unit	84.6% (11/13)	100% (9/9)	71.4% (10/14)	94.4% (17/18)	87% (47/54)
Halton Region Public Health	94.3% (33/35)	88.6% (31/35)	92.3% (48/52)	84.8% (28/33)	90.3% (140/155)
Niagara Region Public Health	97.1% (33/34)	86.1% (31/36)	97.6% (80/82)	83.0% (44/53)	91.7% (188/205)
Region of Waterloo Public Health and Emergency Services	85.9% (55/64)	91.0% (61/67)	90.5% (114/126)	92.5% (37/40)	89.9% (267/297)
Wellington-Dufferin-Guelph Public Health	91.7% (33/36)	79.2% (19/24)	90.9% (40/44)	96.8% (30/31)	90.4% (122/135)
TOTAL CENTRAL WEST	89.9% (277/308)	90.3% (280/310)	91.3% (484/530)	90.0% (233/259)	90.5% (1,274/1,407)
UNKNOWN	0.0% (0/0)	100% (2/2)	100% (1/1)	0.0% (0/0)	100% (3/3)
TOTAL ONTARIO	88.7% (1,317/1,484)	89.9% (1,395/1,552)	89.8% (2,050/2,283)	90.2% (1,525/1,691)	89.7% (6,287/7,010)

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 (2.9%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

Data sources: 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, August 7 to September 3, 2022

WHO label / Pango lineage	Unvaccinated	Post-series initiation	Post-series completion	Post-booster dose	Post-two booster doses	Total cases
Omicron	1,264 (18.6%)	55 (0.8%)	728 (10.7%)	2,774 (40.8%)	1,983 (29.1%)	6,804 (100%)
BA.5.2.1	305 (17.5%)	9 (0.5%)	174 (10.0%)	720 (41.3%)	536 (30.7%)	1,744 (100%)
BA.5.2	263 (18.1%)	16 (1.1%)	154 (10.6%)	591 (40.7%)	427 (29.4%)	1,451 (100%)
BA.5.1	219 (21.5%)	9 (0.9%)	116 (11.4%)	387 (37.9%)	289 (28.3%)	1,020 (100%)
BA.4.6	63 (17.9%)	4 (1.1%)	30 (8.5%)	155 (44.2%)	99 (28.2%)	351 (100%)
BF.10	73 (20.7%)	6 (1.7%)	31 (8.8%)	142 (40.3%)	100 (28.4%)	352 (100%)
BA.5.6	27 (17.1%)	0 (0.0%)	16 (10.1%)	71 (44.9%)	44 (27.8%)	158 (100%)
BE.1	25 (16.2%)	1 (0.6%)	16 (10.4%)	54 (35.1%)	58 (37.7%)	154 (100%)
BA.5.5	24 (15.5%)	1 (0.6%)	29 (18.7%)	68 (43.9%)	33 (21.3%)	155 (100%)
Other Omicron	265 (18.7%)	9 (0.6%)	162 (11.4%)	586 (41.3%)	397 (28.0%)	1,419 (100%)
Total sequenced	1,264 (18.6%)	55 (0.8%)	728 (10.7%)	2,774 (40.8%)	1,983 (29.1%)	6,804 (100%)

Note: Includes the most prevalent lineages detected in the past month. Cases include those that linked to CCM (97.1%). 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 among more vaccinated 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 cases ever admitted to hospital by vaccination status and Pango lineage, representative surveillance, Ontario, August 7 to September 3, 2022

WHO label / Pango lineage	Unvaccinated	Post-series initiation	Post-series completion	Post-booster dose	Post-two booster doses
Omicron	4.4% (56/1,264)	9.1% (5/55)	6.7% (49/728)	5.0% (140/2,774)	6.3% (125/1,983)
BA.5.2.1	5.2% (16/305)	11.1% (1/9)	5.2% (9/174)	5.0% (36/720)	5.6% (30/536)
BA.5.2	4.2% (11/263)	12.5% (2/16)	5.8% (9/154)	4.6% (27/591)	6.1% (26/427)
BA.5.1	4.1% (9/219)	11.1% (1/9)	7.8% (9/116)	4.7% (18/387)	6.2% (18/289)
BA.4.6	4.8% (3/63)	0.0% (0/4)	6.7% (2/30)	3.9% (6/155)	6.1% (6/99)
BF.10	6.8% (5/73)	16.7% (1/6)	16.1% (5/31)	6.3% (9/142)	5.0% (5/100)
BA.5.6	0.0% (0/27)	0.0% (0/0)	6.2% (1/16)	11.3% (8/71)	4.5% (2/44)
BE.1	8.0% (2/25)	0.0% (0/1)	12.5% (2/16)	3.7% (2/54)	5.2% (3/58)
BA.5.5	8.3% (2/24)	0.0% (0/1)	0.0% (0/29)	8.8% (6/68)	3.0% (1/33)
Other Omicron	3.0% (8/265)	0.0% (0/9)	7.4% (12/162)	4.8% (28/586)	8.6% (34/397)
Total sequenced	4.4% (56/1,264)	9.1% (5/55)	6.7% (49/728)	5.0% (140/2,774)	6.3% (125/1,983)

Note: Includes the most prevalent lineages detected in the past month. Percentage is the number of cases ever admitted to hospital (at the time of data extraction) divided by the total number of cases in that lineage and vaccine category. Cases include only those that linked to CCM (97.1%). 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. Factors, such as age, that may affect the risk of COVID-19 hospital admission 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 (hospital admission indicator), COVaxON

Table 7b. Percentage of deceased cases by vaccination status and Pango lineage, representative surveillance, Ontario, August 7 to September 3, 2022

WHO label / Pango lineage	Unvaccinated	Post-series initiation	Post-series completion	Post-booster dose	Post-two booster doses
Omicron	0.6% (7/1,264)	3.6% (2/55)	0.7% (5/728)	0.5% (15/2,774)	1.8% (35/1,983)
BA.5.2.1	0.3% (1/305)	0.0% (0/9)	0.6% (1/174)	0.7% (5/720)	0.9% (5/536)
BA.5.2	0.4% (1/263)	6.2% (1/16)	0.6% (1/154)	0.0% (0/591)	1.6% (7/427)
BA.5.1	0.9% (2/219)	0.0% (0/9)	0.0% (0/116)	0.5% (2/387)	1.7% (5/289)
BA.4.6	3.2% (2/63)	0.0% (0/4)	0.0% (0/30)	0.6% (1/155)	1.0% (1/99)
BF.10	0.0% (0/73)	0.0% (0/6)	0.0% (0/31)	0.7% (1/142)	3.0% (3/100)
BA.5.6	0.0% (0/27)	0.0% (0/0)	0.0% (0/16)	1.4% (1/71)	2.3% (1/44)
BE.1	0.0% (0/25)	0.0% (0/1)	6.2% (1/16)	1.9% (1/54)	1.7% (1/58)
BA.5.5	0.0% (0/24)	0.0% (0/1)	0.0% (0/29)	0.0% (0/68)	0.0% (0/33)
Other Omicron	0.4% (1/265)	11.1% (1/9)	1.2% (2/162)	0.7% (4/586)	3.0% (12/397)
Total sequenced	0.6% (7/1,264)	3.6% (2/55)	0.7% (5/728)	0.5% (15/2,774)	1.8% (35/1,983)

Note: Includes the most prevalent 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 (97.1%). 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’ or ‘Under PHU Review’ 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, August 7 to September 3, 2022

WHO label / Pango lineage	Northwestern Health Unit	Thunder Bay District Health Unit	Total
Omicron	39 (100%)	82 (100%)	121 (100%)
BA.5.2.1	9 (23.1%)	22 (26.8%)	31 (25.6%)
BA.5.2	6 (15.4%)	30 (36.6%)	36 (29.8%)
BA.5.1	3 (7.7%)	5 (6.1%)	8 (6.6%)
BA.4.6	1 (2.6%)	2 (2.4%)	3 (2.5%)
BF.10	2 (5.1%)	1 (1.2%)	3 (2.5%)
BA.5.6	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)
BE.1	0 (0.0%)	7 (8.5%)	7 (5.8%)
BA.5.5	0 (0.0%)	2 (2.4%)	2 (1.7%)
Other Omicron	18 (46.2%)	13 (15.9%)	31 (25.6%)
Total sequenced	39 (100%)	82 (100%)	121 (100%)

Note: Includes the most prevalent 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 (2.9%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

Data sources: 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, August 7 to September 3, 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
Omicron	77 (100%)	73 (100%)	45 (100%)	156 (100%)	4 (100%)	355 (100%)
BA.5.2.1	20 (26.0%)	15 (20.5%)	10 (22.2%)	39 (25.0%)	0 (0.0%)	84 (23.7%)
BA.5.2	14 (18.2%)	10 (13.7%)	3 (6.7%)	59 (37.8%)	3 (75.0%)	89 (25.1%)
BA.5.1	8 (10.4%)	32 (43.8%)	14 (31.1%)	9 (5.8%)	0 (0.0%)	63 (17.7%)
BA.4.6	15 (19.5%)	7 (9.6%)	1 (2.2%)	14 (9.0%)	0 (0.0%)	37 (10.4%)
BF.10	0 (0.0%)	1 (1.4%)	9 (20.0%)	4 (2.6%)	0 (0.0%)	14 (3.9%)
BA.5.6	2 (2.6%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	1 (0.6%)	0 (0.0%)	3 (0.8%)
BE.1	0 (0.0%)	3 (4.1%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	3 (0.8%)
BA.5.5	1 (1.3%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	2 (1.3%)	0 (0.0%)	3 (0.8%)
Other Omicron	17 (22.1%)	5 (6.8%)	8 (17.8%)	28 (17.9%)	1 (25.0%)	59 (16.6%)
Total sequenced	77 (100%)	73 (100%)	45 (100%)	156 (100%)	4 (100%)	355 (100%)

Note: Includes the most prevalent 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 (2.9%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

Data sources: 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, August 7 to September 3, 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
Omicron	67 (100%)	191 (100%)	237 (100%)	83 (100%)	431 (100%)	99 (100%)	1,108 (100%)
BA.5.2.1	19 (28.4%)	41 (21.5%)	124 (52.3%)	21 (25.3%)	99 (23.0%)	5 (5.1%)	309 (27.9%)
BA.5.2	11 (16.4%)	24 (12.6%)	40 (16.9%)	9 (10.8%)	76 (17.6%)	45 (45.5%)	205 (18.5%)
BA.5.1	9 (13.4%)	13 (6.8%)	22 (9.3%)	10 (12.0%)	73 (16.9%)	3 (3.0%)	130 (11.7%)
BA.4.6	3 (4.5%)	8 (4.2%)	10 (4.2%)	1 (1.2%)	39 (9.0%)	5 (5.1%)	66 (6.0%)
BF.10	1 (1.5%)	5 (2.6%)	8 (3.4%)	19 (22.9%)	42 (9.7%)	25 (25.3%)	100 (9.0%)
BA.5.6	1 (1.5%)	0 (0.0%)	1 (0.4%)	2 (2.4%)	13 (3.0%)	1 (1.0%)	18 (1.6%)
BE.1	2 (3.0%)	13 (6.8%)	1 (0.4%)	0 (0.0%)	6 (1.4%)	1 (1.0%)	23 (2.1%)
BA.5.5	0 (0.0%)	1 (0.5%)	3 (1.3%)	1 (1.2%)	3 (0.7%)	3 (3.0%)	11 (1.0%)
Other Omicron	21 (31.3%)	86 (45.0%)	28 (11.8%)	20 (24.1%)	80 (18.6%)	11 (11.1%)	246 (22.2%)
Total sequenced	67 (100%)	191 (100%)	237 (100%)	83 (100%)	431 (100%)	99 (100%)	1,108 (100%)

Note: Includes the most prevalent 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 (2.9%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

Data sources: 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, August 7 to September 3, 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
Omicron	193 (100%)	119 (100%)	486 (100%)	28 (100%)	289 (100%)	567 (100%)	1,682 (100%)
BA.5.2.1	44 (22.8%)	28 (23.5%)	135 (27.8%)	3 (10.7%)	72 (24.9%)	123 (21.7%)	405 (24.1%)
BA.5.2	36 (18.7%)	15 (12.6%)	95 (19.5%)	5 (17.9%)	42 (14.5%)	141 (24.9%)	334 (19.9%)
BA.5.1	23 (11.9%)	11 (9.2%)	59 (12.1%)	1 (3.6%)	65 (22.5%)	78 (13.8%)	237 (14.1%)
BA.4.6	28 (14.5%)	23 (19.3%)	23 (4.7%)	0 (0.0%)	22 (7.6%)	25 (4.4%)	121 (7.2%)
BF.10	11 (5.7%)	20 (16.8%)	17 (3.5%)	2 (7.1%)	17 (5.9%)	34 (6.0%)	101 (6.0%)
BA.5.6	2 (1.0%)	0 (0.0%)	20 (4.1%)	5 (17.9%)	7 (2.4%)	26 (4.6%)	60 (3.6%)
BE.1	4 (2.1%)	1 (0.8%)	8 (1.6%)	1 (3.6%)	3 (1.0%)	10 (1.8%)	27 (1.6%)
BA.5.5	2 (1.0%)	3 (2.5%)	7 (1.4%)	1 (3.6%)	7 (2.4%)	24 (4.2%)	44 (2.6%)
Other Omicron	43 (22.3%)	18 (15.1%)	122 (25.1%)	10 (35.7%)	54 (18.7%)	106 (18.7%)	353 (21.0%)
Total sequenced	193 (100%)	119 (100%)	486 (100%)	28 (100%)	289 (100%)	567 (100%)	1,682 (100%)

Note: Includes the most prevalent 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 (2.9%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

Data sources: 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, August 7 to September 3, 2022

WHO label / Pango lineage	Toronto Public Health	Total
Omicron	1,350 (100%)	1,350 (100%)
BA.5.2.1	363 (26.9%)	363 (26.9%)
BA.5.2	297 (22.0%)	297 (22.0%)
BA.5.1	226 (16.7%)	226 (16.7%)
BA.4.6	51 (3.8%)	51 (3.8%)
BF.10	48 (3.6%)	48 (3.6%)
BA.5.6	29 (2.1%)	29 (2.1%)
BE.1	25 (1.9%)	25 (1.9%)
BA.5.5	37 (2.7%)	37 (2.7%)
Other Omicron	274 (20.3%)	274 (20.3%)
Total sequenced	1,350 (100%)	1,350 (100%)

Note: Includes the most prevalent 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 (2.9%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

Data sources: 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, August 7 to September 3, 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
Omicron	69 (100%)	76 (100%)	55 (100%)	68 (100%)	363 (100%)	151 (100%)	202 (100%)	984 (100%)
BA.5.2.1	16 (23.2%)	23 (30.3%)	18 (32.7%)	17 (25.0%)	96 (26.4%)	29 (19.2%)	52 (25.7%)	251 (25.5%)
BA.5.2	6 (8.7%)	10 (13.2%)	10 (18.2%)	15 (22.1%)	65 (17.9%)	56 (37.1%)	44 (21.8%)	206 (20.9%)
BA.5.1	4 (5.8%)	16 (21.1%)	4 (7.3%)	10 (14.7%)	83 (22.9%)	15 (9.9%)	53 (26.2%)	185 (18.8%)
BA.4.6	0 (0.0%)	1 (1.3%)	4 (7.3%)	1 (1.5%)	5 (1.4%)	9 (6.0%)	4 (2.0%)	24 (2.4%)
BF.10	6 (8.7%)	2 (2.6%)	3 (5.5%)	1 (1.5%)	6 (1.7%)	1 (0.7%)	8 (4.0%)	27 (2.7%)
BA.5.6	0 (0.0%)	1 (1.3%)	2 (3.6%)	1 (1.5%)	7 (1.9%)	5 (3.3%)	4 (2.0%)	20 (2.0%)
BE.1	1 (1.4%)	2 (2.6%)	2 (3.6%)	0 (0.0%)	46 (12.7%)	4 (2.6%)	1 (0.5%)	56 (5.7%)
BA.5.5	4 (5.8%)	8 (10.5%)	2 (3.6%)	1 (1.5%)	5 (1.4%)	0 (0.0%)	8 (4.0%)	28 (2.8%)
Other Omicron	32 (46.4%)	13 (17.1%)	10 (18.2%)	22 (32.4%)	50 (13.8%)	32 (21.2%)	28 (13.9%)	187 (19.0%)
Total sequenced	69 (100%)	76 (100%)	55 (100%)	68 (100%)	363 (100%)	151 (100%)	202 (100%)	984 (100%)

Note: Includes the most prevalent 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 (2.9%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

Data sources: 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, August 7 to September 3, 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
Omicron	95 (100%)	466 (100%)	54 (100%)	155 (100%)	205 (100%)	297 (100%)	135 (100%)	1,407 (100%)
BA.5.2.1	30 (31.6%)	138 (29.6%)	19 (35.2%)	30 (19.4%)	53 (25.9%)	53 (17.8%)	28 (20.7%)	351 (24.9%)
BA.5.2	18 (18.9%)	96 (20.6%)	10 (18.5%)	37 (23.9%)	56 (27.3%)	73 (24.6%)	30 (22.2%)	320 (22.7%)
BA.5.1	16 (16.8%)	57 (12.2%)	6 (11.1%)	27 (17.4%)	29 (14.1%)	35 (11.8%)	26 (19.3%)	196 (13.9%)
BA.4.6	1 (1.1%)	19 (4.1%)	5 (9.3%)	12 (7.7%)	2 (1.0%)	14 (4.7%)	9 (6.7%)	62 (4.4%)
BF.10	6 (6.3%)	15 (3.2%)	0 (0.0%)	6 (3.9%)	15 (7.3%)	21 (7.1%)	2 (1.5%)	65 (4.6%)
BA.5.6	2 (2.1%)	18 (3.9%)	1 (1.9%)	4 (2.6%)	3 (1.5%)	6 (2.0%)	3 (2.2%)	37 (2.6%)
BE.1	0 (0.0%)	8 (1.7%)	0 (0.0%)	1 (0.6%)	7 (3.4%)	3 (1.0%)	3 (2.2%)	22 (1.6%)
BA.5.5	1 (1.1%)	12 (2.6%)	1 (1.9%)	8 (5.2%)	3 (1.5%)	8 (2.7%)	3 (2.2%)	36 (2.6%)
Other Omicron	21 (22.1%)	103 (22.1%)	12 (22.2%)	30 (19.4%)	37 (18.0%)	84 (28.3%)	31 (23.0%)	318 (22.6%)
Total sequenced	95 (100%)	466 (100%)	54 (100%)	155 (100%)	205 (100%)	297 (100%)	135 (100%)	1,407 (100%)

Note: Includes the most prevalent 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 (2.9%), OCGN patient postal code was used. Ordering provider postal code was used if patient postal code was missing.

Data sources: 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, August 7 to September 3, 2022

WHO label / Pango lineage	Outbreak-associated	Non outbreak-associated	Total cases
Omicron	2,412 (35.4%)	4,396 (64.6%)	6,808 (100%)
BA.5.2.1	682 (39.1%)	1,063 (60.9%)	1,745 (100%)
BA.5.2	552 (38.0%)	900 (62.0%)	1,452 (100%)
BA.5.1	350 (34.3%)	670 (65.7%)	1,020 (100%)
BA.4.6	99 (28.2%)	252 (71.8%)	351 (100%)
BF.10	132 (37.5%)	220 (62.5%)	352 (100%)
BA.5.6	44 (27.8%)	114 (72.2%)	158 (100%)
BE.1	70 (45.2%)	85 (54.8%)	155 (100%)
BA.5.5	26 (16.7%)	130 (83.3%)	156 (100%)
Other Omicron	457 (32.2%)	962 (67.8%)	1,419 (100%)
Total sequenced	2,412 (35.4%)	4,396 (64.6%)	6,808 (100%)

Note: Includes the most prevalent lineages detected in the past month. Cases include only those that linked to CCM (97.1%). ‘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 September 3, 2022

WHO label / Pango lineage	January 1, 2021 – August 6, 2022	August 7 – September 3, 2022	Total
Variant of Concern (VOC)			
Alpha	11,807	0	11,807
Beta	1,230	0	1,230
Gamma	3,927	0	3,927
Delta	46,043	0	46,043
Omicron	86,116	7,781	93,897
B.1.1.529	27	0	27
BA.1	6,399	1	6,400
BA.1.1	18,889	0	18,889
BA.1.1.1	44	0	44
BA.1.1.10	1,693	0	1,693
BA.1.1.11	1	0	1
BA.1.1.12	1	0	1
BA.1.1.13	5	0	5
BA.1.1.14	522	0	522
BA.1.1.15	3	0	3
BA.1.1.16	99	0	99
BA.1.1.17	6	0	6
BA.1.1.18	134	0	134
BA.1.1.2	6	0	6
BA.1.1.6	3	0	3
BA.1.1.7	5	0	5
BA.1.1.8	3	0	3
BA.1.12	1	0	1
BA.1.13	35	0	35
BA.1.13.1	1	0	1
BA.1.14	70	0	70
BA.1.14.1	1	0	1
BA.1.14.2	1	0	1
BA.1.15	1,653	0	1,653
BA.1.15.1	22	0	22
BA.1.15.2	3	0	3
BA.1.16	2	0	2
BA.1.17	711	1	712
BA.1.17.2	1,533	0	1,533

WHO label / Pango lineage	January 1, 2021 – August 6, 2022	August 7 – September 3, 2022	Total
BA.1.18	93	0	93
BA.1.19	23	0	23
BA.1.20	91	0	91
BA.1.21	8	0	8
BA.1.3	1	0	1
BA.1.6	66	0	66
BA.1.7	1	0	1
BA.1.9	37	0	37
BA.2	15,336	5	15,341
BA.2.1	137	0	137
BA.2.10	389	0	389
BA.2.10.1	16	0	16
BA.2.10.3	1	0	1
BA.2.11	7	0	7
BA.2.12	63	0	63
BA.2.12.1	6,445	43	6,488
BA.2.12.2	2	0	2
BA.2.13	26	0	26
BA.2.13.1	44	1	45
BA.2.15	1	0	1
BA.2.16	8	0	8
BA.2.17	29	0	29
BA.2.18	68	2	70
BA.2.2	4	0	4
BA.2.20	1,688	0	1,688
BA.2.21	328	0	328
BA.2.22	5	0	5
BA.2.23	59	0	59
BA.2.24	2	0	2
BA.2.25	1	0	1
BA.2.26	8	0	8
BA.2.27	1	0	1
BA.2.3	2,369	0	2,369
BA.2.3.10	79	0	79
BA.2.3.12	3	0	3
BA.2.3.14	2	0	2
BA.2.3.15	1	0	1
BA.2.3.16	5	0	5
BA.2.3.17	3	0	3
BA.2.3.2	21	0	21
BA.2.3.4	957	0	957

WHO label / Pango lineage	January 1, 2021 – August 6, 2022	August 7 – September 3, 2022	Total
BA.2.3.5	1	0	1
BA.2.3.6	79	0	79
BA.2.3.7	3	0	3
BA.2.3.8	2	0	2
BA.2.31	17	0	17
BA.2.32	4	0	4
BA.2.34	2	0	2
BA.2.35	5	0	5
BA.2.36	27	0	27
BA.2.37	120	0	120
BA.2.38	704	11	715
BA.2.38.1	3	0	3
BA.2.38.2	3	0	3
BA.2.40.1	24	0	24
BA.2.41	4	0	4
BA.2.42	2	0	2
BA.2.43	1	0	1
BA.2.47	2	0	2
BA.2.48	15	0	15
BA.2.49	4	0	4
BA.2.5	6	0	6
BA.2.50	11	0	11
BA.2.51	22	0	22
BA.2.52	9	0	9
BA.2.53	1	0	1
BA.2.54	1	0	1
BA.2.55	1	0	1
BA.2.56	45	1	46
BA.2.57	2	0	2
BA.2.59	1	0	1
BA.2.6	7	0	7
BA.2.62	4	0	4
BA.2.64	14	0	14
BA.2.65	1,722	0	1,722
BA.2.66	23	0	23
BA.2.68	6	0	6
BA.2.7	16	0	16
BA.2.72	6	0	6
BA.2.73	1	0	1
BA.2.74	41	4	45
BA.2.75	60	63	123

WHO label / Pango lineage	January 1, 2021 – August 6, 2022	August 7 – September 3, 2022	Total
BA.2.75.1	4	16	20
BA.2.75.2	1	5	6
BA.2.76	87	6	93
BA.2.78	5	0	5
BA.2.79	6	0	6
BA.2.79.1	1	0	1
BA.2.8	9	0	9
BA.2.81	10	0	10
BA.2.82	1	0	1
BA.2.9	1,512	0	1,512
BA.2.9.2	2	0	2
BA.2.9.3	14	0	14
BA.2.9.4	1	0	1
BA.2.9.5	52	0	52
BA.3.1	1	0	1
BA.4	626	32	658
BA.4.1	1,202	129	1,331
BA.4.1.1	28	2	30
BA.4.1.4	3	0	3
BA.4.1.5	1	1	2
BA.4.1.6	22	3	25
BA.4.1.8	35	24	59
BA.4.2	141	23	164
BA.4.3	2	0	2
BA.4.4	76	7	83
BA.4.5	2	0	2
BA.4.6	597	396	993
BA.4.7	3	4	7
BA.5	157	73	230
BA.5.1	3,733	1,173	4,906
BA.5.1.1	603	129	732
BA.5.1.10	87	19	106
BA.5.1.2	83	32	115
BA.5.1.3	22	10	32
BA.5.1.4	9	1	10
BA.5.1.5	6	23	29
BA.5.1.6	20	9	29
BA.5.1.7	256	135	391
BA.5.1.8	3	0	3
BA.5.1.9	0	1	1
BA.5.10	66	17	83

WHO label / Pango lineage	January 1, 2021 – August 6, 2022	August 7 – September 3, 2022	Total
BA.5.2	2,673	1,667	4,340
BA.5.2.1	4,463	1,989	6,452
BA.5.2.2	68	29	97
BA.5.2.3	54	18	72
BA.5.2.4	1	9	10
BA.5.2.6	3	0	3
BA.5.3	18	0	18
BA.5.3.1	310	61	371
BA.5.3.2	9	0	9
BA.5.3.3	13	3	16
BA.5.3.4	4	0	4
BA.5.5	1,332	191	1,523
BA.5.5.1	0	11	11
BA.5.6	614	196	810
BA.5.6.1	1	0	1
BA.5.6.2	8	7	15
BA.5.8	122	18	140
BA.5.9	3	6	9
BC.2	1	0	1
BE.1	746	177	923
BE.1.1	402	109	511
BE.1.2	1	22	23
BE.2	2	3	5
BE.3	126	34	160
BF.1	221	27	248
BF.1.1	9	0	9
BF.10	848	388	1,236
BF.11	6	8	14
BF.12	11	39	50
BF.15	2	0	2
BF.2	20	12	32
BF.3	14	4	18
BF.3.1	3	0	3
BF.4	136	29	165
BF.5	231	127	358
BF.6	5	2	7
BF.7	15	42	57
BF.8	31	25	56
BF.9	590	82	672
BG.2	85	1	86
BG.4	14	0	14

WHO label / Pango lineage	January 1, 2021 – August 6, 2022	August 7 – September 3, 2022	Total
BG.5	24	0	24
BG.6	11	0	11
BH.1	1	2	3
BK.1	54	41	95
Variant of Interest (VOI)			
Mu	241	0	241
Lambda	8	0	8
Recombinant	76	0	76
XAC	29	0	29
XAF	1	0	1
XAM	5	0	5
XAN	4	0	4
XAP	3	0	3
XAQ	1	0	1
XAS	8	0	8
XB	1	0	1
XE	3	0	3
XM	1	0	1
XN	1	0	1
XQ	4	0	4
XW	14	0	14
XZ	1	0	1
Non-VOC/VOI	6,293	0	6,293
Total sequenced	155,741	7,781	163,522

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 sources: 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 14 septembre 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 14 septembre 2022 aux environs de 12 heures.

The Hospital for Sick Children (HSC)

- Les données ont été reçues par SPO le 13 septembre 2022 à 12 heures approximativement.

Centre des sciences de la santé de Kingston (CSSK)

- Les données ont été reçues par SPO le 13 septembre 2022 à 9 h 40 approximativement.

Laboratoire hospitalier partagé (LHP)

- Les données ont été reçues par SPO le 13 septembre 2022 à 20 heures approximativement.

Hamilton Regional Laboratory Medicine Program (HRLMP)

- Les données ont été reçues par SPO le 14 septembre 2022 à 00 h 30 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 12 septembre 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 étaient basées sur des données extraites de l'application COVaxON du ministère de la Santé de l'Ontario le 12 septembre 2022 à 7 heures approximativement.
- 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. 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. Tous les laboratoires qui effectuent des tests PCR pour le dépistage des VP ont commencé à soumettre un échantillonnage systématique ou aléatoire de 100 % de leurs échantillons admissibles au RGCO 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, de 50 % le 9 mars, de 25 % le 30 mars, de 10 % le 13 avril, de 25 % le 12 mai, de 100 % le 10 juin, de 50 % le 8 juillet, de 20 % le 22 juillet et de 50 % le 24 août 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.

- Depuis le 31 décembre 2021, les tests diagnostiques par PCR ont été réservés aux populations les plus vulnérables. Depuis ce temps, le ministère de la Santé met régulièrement à jour ses [directives provinciales pour les tests de dépistage](#). En conséquence, la surveillance représentative ne s'applique qu'aux populations testées.
- 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 (2,9 %), 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 : estimations rapides, projections et taux de croissance relative hebdomadaire

- Les estimations rapides et les projections sont générées au moyen d'un modèle de régression logistique multinomial. Le modèle d'estimation rapide se fonde sur douze semaines de données de surveillance représentative quotidienne allant jusqu'à la date la plus récente, et le temps sert de prédicteur unidimensionnel du modèle. Les lignées pour lesquelles au moins une journée affichait une prévalence estimée ou projetée de 5 % ou plus ont été incluses dans le tableau et la figure. Les lignées pour lesquelles un compte non nul de cas avait été enregistré pendant au moins sept jours ont été incluses.
- Les estimations rapides projetées sont les prédictions futures de la prévalence après la plus récente date de données observées.
- 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 relativisés peuvent être calculés par exponentiation du coefficient de sélection tiré du modèle d'estimation rapide.
 - 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}

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](#) de l'Outil de surveillance des données 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 (97,1 % 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 admissions à l'hôpital comprennent tous les patients ayant déjà été admis à l'hôpital (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 admissions à l'hôpital 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 » ou « en cours d'examen par le BSP ».

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, 16 septembre 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.