

Questions/réponses DAI 2020.2021.667

Q3- Quel est le délai moyen pour séquencer un échantillon? Est-ce que ce délai a varié à travers le temps? Si oui, svp fournir les statistiques du délai de séquençage moyen tel qu'il a évolué à travers le temps, ventilé par jour si possible (sinon, par semaine, sinon, par mois). Par exemple: ça prenait X jours pour séquencer le 1er janvier 2021, Y jours le 2 janvier 2021, etc.

Réponse : Le séquençage est une opération coûteuse, longue et complexe qui permet de décoder le génome du virus et d'identifier la lignée d'appartenance du variant. Les résultats sont généralement disponibles dans un délai de 7 à 14 jours. Veuillez consulter l'adresse suivante : [Variants du SRAS-CoV-2 | INSPQ](#).

Pour plus de détail sur l'évolution des délais de séquençage, veuillez communiquer avec le Laboratoire de santé publique du Québec (LSPQ) de l'Institut national de santé publique du Québec (INSPQ).

Q4- Dans quels cas un échantillon est sélectionné pour séquençage? S'il existe des documents (par exemple : guides, instructions, présentations ou manuels) qui expliquent dans quelles circonstances un échantillon est sélectionné pour séquençage, svp les fournir.

L'INSPQ et son Laboratoire de santé publique du Québec (LSPQ) pilotent le Programme de vigie des variants de la COVID-19 au Québec. Ce programme démarré dès avril 2020 et rehaussé en janvier 2021 vise à séquencer au moins 65 000 échantillons cliniques positifs pour la COVID-19 par détection d'acides nucléiques d'ici la fin de l'année 2021. L'objectif est de séquencer, de façon hebdomadaire, au moins 10 % de tous les échantillons positifs afin de dresser le portrait des variants en circulation et de détecter de nouveaux variants susceptibles de nécessiter une intervention de santé publique. Le LSPQ fait aussi du séquençage ciblé, entre autres chez les cas jugés prioritaires tels que les voyageurs en provenance de l'extérieur du Canada. Voir le lien suivant : [Variants du SRAS-CoV-2 | INSPQ](#).

À la mi-octobre 2021, voici les critères utilisés pour sélectionner les échantillons à séquencer :

- Les voyageurs revenant d'une destination hors Canada;
- Le séquençage aléatoire (environ 15-20 % de tous les prélèvements positifs excluant ceux d'un groupe ciblé);
- Les échantillons ayant une charge virale suffisante.

La stratégie de séquençage a changé dans le temps. Voir la section Chronologie des stratégies de criblage et de séquençage au lien suivant pour plus de

détails consultez l'adresse suivante : [Données sur les variants du SRAS-CoV-2 au Québec | INSPQ](#)

Vous pouvez également prendre connaissance de la lettre de l'INSPQ envoyée en janvier 2021 ayant comme objet « Priorisation des analyses de séquençage des échantillons SRAS-CoV-2 positifs » au lien suivant : [Priorisation des analyses de séquençage des échantillons SRAS-CoV-2 positifs \(inspq.qc.ca\)](#)

Q-5 Comment se déroule la procédure du séquençage? S'il existe des documents (par exemple : guides, instructions, présentations ou manuels) expliquant le déroulement de la procédure du séquençage, svp les fournir.

Le séquençage génomique est réalisé par le Laboratoire de santé publique du Québec (LSPQ) et les centres de génomique de l'université McGill et de Génome Québec sur certains prélèvements positifs au SRAS-CoV-2. Son objectif est d'identifier la lignée exacte du variant afin de caractériser les lignées de variants circulant au Québec. Les résultats sont plus précis que ceux du criblage, mais les délais de réception de résultats sont plus longs.

Vous pouvez consulter le Guide des services du LSPQ pour le Séquençage du génome entier (SGE) du SRAS-CoV-2 au lien suivant : [Coronavirus \(SRAS-CoV-2\) : Séquençage du génome entier \(SGE\) du SRAS-CoV-2 | LSPQ | INSPQ](#)

Q-6 Dans quel cas un variant est jugé un variant d'intérêt (svp fournir tout document qui l'explique)? Existe-t-il des variants, autres que les variants Britannique, Sud-Africain et Brésilien (voir <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/more/science-and-research/scientific-brief-emerging-variants.html>) qui ont été jugés comme « variants d'intérêt » au Québec?

En plus des quatre variants classés « préoccupants », d'autres variants sont classés « d'intérêt » par l'OMS. Les variants d'intérêt lambda (C.37, émergence du Pérou) et mu (B.1.621, émergence de Colombie) sont présentement sous surveillance au Québec. Pour l'instant, rien n'indique qu'ils sont préoccupants au Canada. Vous pouvez trouver les informations concernant les différents variants à l'adresse suivante : [Variants du SRAS-CoV-2 | INSPQ](#).

Référez-vous au LSPQ pour les critères associés aux variants d'intérêt.

En plus des variants dits préoccupants ou d'intérêt, de nombreux autres variants existent. Vous pouvez consulter la liste de tous les différents variants de SARS-CoV-2 identifiés dans le monde au lien suivant : [Cov-Lineages](#).

Le site WEB de l'Organisation mondiale de la santé présente aussi plusieurs variants d'importance ainsi que leurs catégories à l'adresse suivante : [Suivi des variants du SARS-CoV-2 \(who.int\)](#).