

RÉSUMÉ DE DONNÉES PROBANTES

Évaluation du risque pour le sous-variant Omicron XBB* (incluant XBB.1 et XBB.1.5) (au 4 janvier 2023)

Date de publication : 11 janvier 2023

Faits saillants

- La proportion de cas de XBB.1 (incluant XBB.1.5) en Ontario est demeurée stable à 2,2 % (68 cas du 11 au 17 décembre 2022) et 2,0 % (54 cas du 18 au 24 décembre 2022).
- Le sous-variant XBB compte parmi les variants du SRAS-CoV-2 analysés les plus résistants aux anticorps (avec les sous-variants BQ.1.1.10, BA.4.6.3 et CH.1.1), certains rapports indiquant qu'il s'agit du variant le plus transmissible détecté à ce jour.
- On ignore encore si la gravité de la maladie causée par le XBB et ses sous-lignées (incluant XBB.1 et XBB.1.5, dont la dénomination commune est XBB*) diffère de celle des précédents variants du SRAS-CoV-2. La vaccination bivalente de rappel croissante et l'immunité acquise par des infections antérieures pourraient atténuer le risque de maladies graves causées par les variants XBB*.
- Les données dont nous disposons indiquent que les anticorps monoclonaux neutralisants actuellement offerts ne sont généralement pas efficaces contre XBB. Cependant, des antiviraux comme le nirmatrelvir/ritonavir demeurent efficaces contre ce variant.
- À la lumière de données limitées sur la capacité d'échappement immunitaire des variants XBB*, et considérant l'affaiblissement de l'immunité conférée par la vaccination, la couverture vaccinale incomplète contre la COVID-19 et l'efficacité incertaine des nouveaux vaccins bivalents dans la population ontarienne, les principes de base de santé publique indiquent que l'utilisation de mesures sanitaires peut réduire la transmission du SRAS-CoV-2 tant au niveau individuel que populationnel.
- Outre la vaccination, il est important d'utiliser diverses mesures de protection, notamment : rester chez soi si on est malade ou si on présente des symptômes de la COVID-19; porter si possible un masque de grande qualité bien ajusté dans les endroits clos; optimiser la qualité de l'air ambiant; se prévaloir des espaces extérieurs lorsque le temps le permet; pratiquer l'étiquette respiratoire et se laver les mains.

Problème et question de recherche

Le sous-variant XBB et ses sous-lignées (appelées XBB*) sont des recombinaisons des sous-lignées Omicron BA.2.10.1 et BA.2.75, qui ont été détectées pour la première fois en Inde au mois d'août 2022^{1,2}. Le Groupe consultatif technique sur l'évolution du virus SRAS-CoV-2 (TAG-VE) de l'OMS a désigné les variants Omicron (tel le groupe XBB*) comme étant des variants préoccupants et nécessitant par conséquent une surveillance continue¹. Le sous-variant XBB d'Omicron a reçu le statut de « signal de surveillance » le 11 octobre et celui de « variant désigné » le 28 octobre 2022³.

Méthodologie

Les Services de bibliothèque de Santé publique Ontario (SPO) ont réalisé des recherches quotidiennes en vue de trouver des documents primaires et des prépublications portant sur les variants Omicron et leurs sous-lignées dans la base de données MEDLINE (méthodes de recherche disponibles sur demande). Les prépublications sont des articles de recherche qui n'ont pas fait l'objet d'un examen par les pairs, mais qui sont rendus publics afin de fournir les plus récentes données concernant la pandémie de COVID-19 en évolution rapide. Une évaluation critique formelle des documents publiés et des prépublications portant sur la COVID-19 dépassait la portée de la présente évaluation du risque menée par SPO. Santé publique Ontario a effectué des recherches quotidiennes dans la littérature grise au moyen de divers fils de nouvelles et de moteurs de recherche personnalisés du 9 décembre au 5 janvier 2023. Les articles examinés par les pairs et les prépublications en anglais qui traitaient des sous-lignées Omicron XBB ont été inclus. Le présent document est une mise à jour de la précédente évaluation du risque pour les sous-variants XBB et XBB.1⁴.

Évaluation du risque en Ontario

Le risque que représentent actuellement les variants XBB* en matière de transmissibilité, de réinfection à la COVID-19 et d'efficacité des vaccins à prévenir les infections postvaccinales est élevé avec un faible degré d'incertitude. Le risque de gravité accrue de la maladie est faible avec un degré élevé d'incertitude. L'impact sur le dépistage et la surveillance du SGE est faible avec un faible degré d'incertitude. L'évaluation globale du risque est susceptible de changer à la lumière de nouvelles données probantes (voir [Tableau 1](#)).

Tableau 1. Évaluation du risque pour les sous-lignées Omicron XBB*

Point	Niveau de risque	Degré d'incertitude
Transmissibilité accrue	Élevé	Faible
Gravité accrue de la maladie	Faible	Élevé
Réinfection à la COVID-19	Élevé	Faible
Efficacité des vaccins à prévenir les infections postvaccinales	Élevé	Faible
Impact sur le dépistage et la surveillance du SGE*	Faible	Faible

*Séquençage du génome entier, SGE

Caractéristiques génomiques

XBB.1 est une sous-lignée de XBB et XBB.1.5, une sous-lignée de XBB.1⁵. Tant XBB que XBB.1 sont des recombinants des sous-lignées Omicron BA.2.10.1 et BA.2.75^{1,6}. XBB affiche un taux de reproduction effectif (R_t), ou aptitude répliquative (l'aptitude d'un virus à se répliquer pour produire des virions), plus élevé que ses lignées parentales parce que son point de rupture de recombinaison est situé dans le domaine de liaison au récepteur de la protéine de spicule⁷. XBB se distingue par les principales mutations suivantes : protéine d'enveloppe (E) T11A et protéine de spicule (S) : V83A, H146Q, Q183E, F486S et F490S. XBB.1 porte une mutation supplémentaire G252V dans la protéine de spicule. XBB.1.5 contient aussi une mutation supplémentaire F486P dans la protéine de spicule issue de la mutation F486S présente dans XBB.1⁸. XBB* contient davantage de mutations dans des sites antigéniques du domaine de liaison au récepteur que n'importe quel autre variant largement répandu³.

- Scarpa et coll. (2022) ont réalisé une enquête génomique (au moyen des données de nextstrain/ncov et GISAID) pour évaluer le potentiel évolutif de la trajectoire épidémiologique de XBB et XBB.1 comparativement à leurs lignées d'origine⁹. Une reconstruction phylogénomique a montré que les génomes de XBB et XBB.1 sont regroupés dans le clade 21L de GISAID, avec les génomes à évolution similaire de BA.2 ainsi que BM.1.1.1 et BJ.1. Les auteurs soulignent le taux évolutif de XBB ($7,6 \times 10^{-5}$ substitutions/sites/années) et XBB.1 ($6,3 \times 10^{-4}$), par comparaison à ceux de BM.1.1.1 ($1,3 \times 10^{-3}$) et de BJ.1 ($1,4 \times 10^{-3}$). Une comparaison structurale entre BA.2, XBB et XBB.1 a révélé que les domaines N-terminal de XBB et de XBB.1 possèdent une charge négative plus élevée que celle de BA.2. De plus, les mutations caractéristiques Y144del et H146Q (qui surviennent près du site du récepteur AXL) possèdent une charge globale négative. Les auteurs laissent entendre que les domaines N-terminaux ont une propension plus faible à interagir avec le récepteur AXL qui affectera l'interaction avec le système immunitaire de l'hôte. En outre, les auteurs précisent que les mutations de la protéine de spicule de XBB et XBB.1 évoquent un avantage de croissance supérieur.
- Beesley et coll. ont analysé 12,8 millions de séquences de SRAS-CoV-2 déposées dans la base de données GISAID entre les mois d'octobre et de novembre 2022 en vue de résumer les dynamiques de transition des variants pour 215 pays et 13 vagues du SRAS-CoV-2¹⁰. Les auteurs ont constaté que trois des variants émergents, soit XBB/XBB.1, BA.2.75 et BQ.1, présentent une courbe de transition similaire à celle des sous-variants précédents d'Omicron, bien que XBB/XBB.1 et BA.1 aient des courbes de transition plus élevées que celle de BA.2.75. Ils ont également observé que la transition dans les pays où la présence de XBB/XBB.1 avait été confirmée était rapide comparativement à celle des variants Omicron précédents. De façon générale, les auteurs ont démontré que la dynamique de transition des variants diffère selon les régions et qu'elle est aussi associée aux taux de vaccination, aux taux d'infections antérieures, au temps écoulé depuis le dernier pic de COVID-19, aux caractéristiques démographiques et au nombre de variants simultanément en circulation.

Épidémiologie

Les hospitalisations, les admissions aux unités de soins intensifs (USI) et les décès sont des indicateurs tardifs, survenant souvent des jours ou des semaines après le signalement initial des cas à la santé publique, et ils sont sujets à des retards de signalement. Par conséquent, les tendances peuvent évoluer et ne pas représenter précisément la situation actuelle. Dans les régions ci-dessous, les cas graves, c'est-à-dire ceux nécessitant une hospitalisation, n'ont pas été attribués aux XBB* soit en raison d'un manque de renseignements génomiques ou parce que d'après la surveillance, XBB* compte encore pour moins de la moitié des cas, mais en l'absence de données probantes sur la gravité de la maladie causée par XBB*, les lieux où le taux de prévalence de XBB* est en hausse peuvent être étroitement surveillés pour dégager des tendances en matière de gravité.

Selon les données de GISAID, pour la semaine du 12 au 18 septembre 2022, XBB* avait un taux mondial de prévalence de 6,8 % (incluant XBB.1 et XBB.1.5)¹¹, ce qui constitue une légère augmentation du nombre de séquences (667) par rapport à la semaine précédente (5 au 11 décembre 2022) alors que 525 séquences avaient été rapportées¹¹.

Canada

Selon les données de GISAID, la proportion de cas de XBB* au Canada a augmenté de 0,59 % (58 séquences du 4 novembre au 4 décembre 2022)¹² à 1,78 % des cas (105 séquences du 5 décembre 2022 au 5 janvier 2023)¹³.

La proportion de cas de XBB.1 (incluant XBB.1.5) en Ontario est demeurée stable à 2,2 % (68 cas du 11 au 17 décembre 2022) et 2,0 % (54 cas du 18 au 24 décembre 2022). XBB* n'a pas été inclus dans le calcul du plus récent taux de prévalence NOWCAST de l'Ontario et des estimations du taux de croissance relative¹⁴.

En Ontario, le nombre d'hospitalisations était similaire (+/- 10 %) cette semaine (25 au 31 décembre 2022) à celui de la semaine dernière (18 au 24 décembre 2022)¹⁵. Il y a eu 329 hospitalisations cette semaine, comparativement à 358 la semaine dernière. On a dénombré 25 décès cette semaine, par rapport à 68 la semaine dernière. Les nombres d'hospitalisations et de décès, en particulier au cours des plus récentes semaines, pourraient augmenter étant donné les retards de signalement de ces résultats.

Royaume-Uni

Selon les données de GISAID, la proportion de cas de XBB* au Royaume-Uni a augmenté de 3,76 % (519 séquences du 4 novembre au 4 décembre 2022)¹⁶ à 5,55 % des cas (653 séquences du 5 décembre 2022 au 5 janvier 2023)¹⁷.

Les taux d'hospitalisation en raison de la COVID-19 sont en hausse au Royaume-Uni. Entre le 12 et le 18 décembre 2022, ces taux étaient de 9,56 pour 100 000 personnes¹⁸. Il s'agit d'une augmentation par rapport à la semaine précédente, soit celle du 5 au 10 décembre 2022, où ces taux étaient de 6,61 pour 100 000 personnes¹⁸.

États-Unis

Aux États-Unis, les proportions estimatives de XBB et de XBB.1.5 parmi les variants en circulation la semaine du 1^{er} au 7 janvier 2023 étaient de 4,9 % (intervalle de prédiction [IP] à 95 % : 4,0 % à 6,1 %) et 27,6 % (IP de 95 % : 14,0 % à 46,5 %), respectivement¹⁹. Cela représente une diminution par rapport à la semaine précédente (25 au 31 décembre 2022) dans le cas de la sous-lignée XBB, alors que ces proportions étaient estimées à 5,3 % (IP à 95 % : 4,2 % à 7,0 %), et une augmentation pour XBB.1.5 dont le taux de prévalence était estimé à 18,3 % (IP à 95 % : 9,1 % à 32,8 %) la semaine précédente²⁰. Pendant les mêmes périodes, la prévalence de BQ.1.1 (le variant qui comptait pour la plus grande proportion de cas) a diminué, passant de 36,7 % (IP à 95 % : 31,3 % à 42,5 %) à 34,4 % (IP à 95 % : 26,7 % à 43,0 %)^{19,20}.

Les taux d'admissions hospitalières pour la COVID-19 sont à la hausse aux États-Unis. En effet, pour la période du 27 décembre 2022 au 2 janvier 2023, ces taux ont fait un bond de 17 % par rapport à la semaine précédente, soit du 20 au 26 décembre 2022²¹.

Europe

Le 9 janvier 2023, une évaluation de la situation du XBB.1.5 effectuée par le Centre européen de prévention et de contrôle des maladies (ECDC) note que cette sous-lignée présente un important avantage de croissance par comparaison aux variants qui circulaient auparavant en Europe (113 %), bien que ces estimations sont associées à un degré élevé d'incertitude²².

Le sous-variant XBB.1.5 a été détecté dans plusieurs pays de l'UE/EEE et il existe une possibilité qu'il affecte de plus en plus le nombre de cas de COVID-19 détectés dans les pays de l'UE/EEE. Cependant, cela ne devrait pas être observé au cours des prochains mois étant donné que ce variant n'est actuellement que très peu répandu dans ces pays²².

Transmissibilité et infectivité

Yue et coll. (2022) ont comparé l'affinité de liaison de XBB.1.5 à celle de BQ.1.1 et de XBB/XBB.1²³. Ils laissent entendre que l'important avantage de croissance de XBB.1.5 par rapport à XBB.1 consiste à se fixer plus facilement sur le récepteur ECA2 grâce à la mutation S486P, tout en conservant une capacité d'échappement immunitaire élevée.

Immunogénicité

Des données probantes portent à croire que XBB compte parmi les souches les plus résistantes aux anticorps qui ont été analysées (avec BQ.1.1.10, BA.4.6.3 et CH.1.1), comparativement aux autres sous-lignées Omicron en circulation^{6,7,24-26}. Voici un résumé des principales observations de certaines études.

- Yue et coll. (2022) ont réalisé des tests de neutralisation à base de virus pseudotypés avec la protéine de spicule du virus de la stomatite vésiculeuse pour analyser du plasma convalescent²³. Le plasma provenant de patients vaccinés par BNT162b2 ou mRNA-1273 qui avaient eu une infection postvaccinale par BA.5 présentait des titres de neutralisation de 50 % (NT50) contre XBB.1 et XBB.1.5 qui étaient 31 fois et 27 fois moindres respectivement, comparativement à B.1.
- Dans le cadre d'un examen de la mutation R346T, Davis-Gardner et coll. (2022) ont testé des échantillons de sérum obtenus auprès de participants qui avaient reçu soit une ou deux doses de rappel de vaccin monovalent (BNT162b2 ou mRNA-1273) ou de vaccin bivalent en vue de déterminer l'efficacité neutralisante des doses de rappel contre les variants Omicron, y compris XBB, en comparant l'activité neutralisante dans des échantillons de sérum au moyen du test de neutralisation par réduction de foyer (FRNT) dans une lignée cellulaire Vero E6/TMPRSS2²⁷. Ils ont effectué le test à trois moments différents auprès de trois différentes cohortes : 1) 7 à 28 jours après une dose de rappel d'un vaccin monovalent (n = 12), 2) 6 à 57 jours après une deuxième dose de rappel d'un vaccin monovalent (n = 1) et 3) 16 à 42 jours après une dose de rappel d'un vaccin bivalent (n = 12). Dans les trois cohortes, l'activité neutralisante était plus faible contre la souche Omicron testée, le sous-variant XBB affichant la plus faible activité neutralisante. Les participants qui ont reçu les doses de rappel de vaccin bivalent contenant BA.5 (BNT162b2 ou mRNA-1273) présentaient une meilleure activité neutralisante contre tous les variants Omicron que les participants qui avaient reçu une ou deux doses de rappel de vaccin monovalent.
- Un essai de phase 2/3 mené par Chalkias et coll. (2022) visait à examiner l'innocuité et l'immunogénicité d'une dose de rappel de vaccin bivalent à ARNm contre la COVID-19²⁸. Ils ont comparé une dose de 50 µg de vaccin mRNA-1273.222 (contenant 25 µg de la souche Wuhan-Hu-1 ancestrale et 25 µg de l'ARNm de la protéine de spicule d'Omicron BA.4/BA.5) à une dose de 50 µg de vaccin mRNA-1273, qui ont été administrées à titre de deuxième dose de rappel chez des adultes ayant préalablement reçu une série vaccinale de deux doses et une dose de rappel du vaccin mRNA-1273. Les chercheurs ont utilisé des pseudovirus contenant des protéines de spicules de longueur complète du SRAS-CoV-2 ancestral, ou des variants Omicron BA.4/BA.5, BQ.1.1 ou XBB.1. Les auteurs ont évalué le jour 29 de neutralisation croisée contre XBB.1 chez des patients ayant reçu le vaccin mRNA-1273.222 ainsi que chez des patients ayant reçu une dose de rappel du vaccin bivalent mRNA-1273.214 ciblant BA.1. Chez les patients sans antécédents d'infection, les titres de XBB.1 se sont multipliés 12 fois et 4 fois, comparativement aux niveaux précédant l'administration des doses de rappel des vaccins mRNA-1273.222 et mRNA-1273.214, respectivement. Par comparaison aux titres de neutralisation correspondants contre BA.4/BA.5, les titres de neutralisation contre XBB.1 étaient 12 à 15 fois moins élevés pour les deux vaccins, illustrant un plus grand potentiel d'échappement immunitaire.

- Sullivan et coll. ont mené un examen systématique des récentes recherches primaires faisant état de la neutralisation de XBB.1 par du plasma provenant de personnes vaccinées ayant été infectées ou non par la COVID-19 ou après une infection récente par Omicron seulement, dans une période de six mois²⁹. Entre autres observations, Sullivan et coll. ont constaté que malgré une neutralisation 75 fois moindre avec le sérum de personnes ayant reçu de deux à quatre doses de vaccin (mRNA BNT162b2) en plus de subir une infection postvaccinale (cohorte appelée VaxCCP) contre XBB.1 comparativement à la souche ancestrale (WA-1), plus de 89 % des échantillons de sujets VaxCCP ayant reçu des doses de rappel étaient en mesure de neutraliser XBB.1.
- Wang et coll. ont évalué la neutralisation de XBB et XBB.1 au moyen de cohortes possédant une immunité au SRAS-CoV-2 de sources diverses, et l'ont comparé à la neutralisation de la souche ancestrale D614G pour évaluer la résistance aux anticorps neutralisants³⁰. Il y avait une cohorte de personnes ayant reçu trois doses (n = 15) ou quatre doses (n = 19) des vaccins à ARNm originaux contre la COVID-19, cohorte appelée trois doses type sauvage (WT) et quatre doses de WT, respectivement, une dose de vaccin à ARNm bivalent contre la COVID-19 après trois doses du vaccin original (n = 21), appelée cohorte trois doses WT plus bivalent, et de personnes ayant eu une infection postvaccinale à BA.2 ou BA.4/5 (n = 14, n = 20), appelée cohorte postvaccinale BA.2 ou BA.4/5. Les auteurs ont observé que par rapport à la souche D614G, la moyenne géométrique des titres de la dose inhibitrice à 50 % (DI50) ciblant XBB et XBB.1 étaient < 70 fois et < 71 fois inférieurs, respectivement, dans la cohorte trois doses WT, < 145 fois et < 155 fois inférieurs, respectivement, dans la cohorte quatre doses WT, < 209 fois et < 162 fois inférieurs dans la cohorte trois doses WT plus bivalent, < 103 fois et < 135 fois inférieurs dans la cohorte postvaccinale BA.2 et < 86 fois et < 96 fois inférieurs dans la cohorte postvaccinale BA.4/5. Les auteurs ont conclu que les infections postvaccinales par le SRAS-CoV-2 suscitaient une meilleure réponse aux anticorps par rapport à la vaccination seulement dans toutes les cohortes.

Gravité de la maladie

- Selon le Groupe consultatif technique sur l'évolution du virus SRAS-CoV-2 (TAG-VE) de l'OMS, les premières données probantes au 27 octobre 2022 ne semblent pas indiquer l'existence de différences importantes entre XBB (et ses sous-lignées) et les autres sous-lignées en matière de gravité de la maladie causée par l'infection¹.
- En date du 9 janvier 2023, l'évaluation de la sous-lignée XBB.1.5 réalisée par le Centre européen de prévention et de contrôle des maladies (ECDC) indique qu'il n'existe actuellement pas suffisamment de données pour évaluer tout changement de gravité de la maladie associée au variant²².

Pharmacothérapie

- Selon les données probantes actuelles, les anticorps monoclonaux neutralisants disponibles ne sont généralement pas efficaces contre XBB. Cependant, des antiviraux comme le nirmatrelvir/ritonavir contrent efficacement ce variant.
- Imai et coll. (2022) ont évalué l'efficacité d'anticorps monoclonaux thérapeutiques contre BQ.1.1 et XBB, isolés de patients, au moyen du titre du test de neutralisation par réduction de foyer requise pour une neutralisation à 50 % (FRNT₅₀) des anticorps monoclonaux à l'aide d'un test de neutralisation sur des virus vivants³¹. Le DLR de XBB a présenté plusieurs mutations supplémentaires comparativement à BA.2. En conséquence, les anticorps monoclonaux REGN10987 (imdevimab), REGN10933 (casirivimab), COV2-2196 (tixagévimab), COV2-2130 (cilgavimab) et S309 (le précurseur du sotrovimab) n'ont pas neutralisé les isolats de BQ.1.1 ou de XBB même à la plus haute valeur testée du FRNT₅₀. L'agent LY-CoV1404 (bebtélovimab) n'était pas efficace contre BQ.1.1 ou XBB. Les deux associations d'anticorps monoclonaux (imdevimab/casirivimab et tixagévimab/cilgavimab) testées n'ont neutralisé ni BQ.1.1 ni XBB. En ce qui concerne le sous-variant XBB, les valeurs CI₅₀ pour le remdésivir, le molnupiravir et le nirmatrelvir portent à croire que ces agents antiviraux demeurent actifs *in vitro*.
- Touret et coll. (2022) ont comparé le potentiel de neutralisation des anticorps monoclonaux (REGN10987 (imdevimab), REGN10933 (casirivimab)) contre des isolats cliniques de BA.2.75.2, BQ.1, BQ.1.1 et XBB, en utilisant BA.2 et BA.5 comme témoins, avec B.1.617.2³². Les auteurs ont constaté une perte totale d'activité neutralisante décelable avec les quatre variants et l'imdevimab et aucune activité avec le casirivimab, ce qui a rendu impossible le calcul de la concentration efficace. Le sotrovimab présente une légère diminution contre XBB *in vitro* et le cilgavimab a perdu son activité neutralisante contre les variants XBB. Le bebtélovimab a perdu toute activité neutralisante contre XBB.
- Yue et coll. (2022) ont étudié la sensibilité de XBB.1 et de XBB.1.5 aux anticorps monoclonaux thérapeutiques, soit l'association tixagévimab/cilgavimab et le bebtélovimab²³. Ces deux anticorps monoclonaux n'ont pas réussi à neutraliser XBB.1.5. Le sotrovimab demeure légèrement actif contre XBB.1.5.

Incidence sur le dépistage et la surveillance du SGE

- Test antigénique : Il existe peu de documentation sur l'efficacité des tests antigéniques rapides (TAR) en ce qui concerne les variants préoccupants; cependant, la majorité des mutations de ces variants se produisent dans la protéine de spicule et les TAR utilisés en Ontario ciblent la protéine de nucléocapside. En conséquence, nous prévoyons une incidence limitée sur l'efficacité des TAR avec XBB, bien que des études de confirmation soient nécessaires.
- Test moléculaire : On ne prévoit aucune incidence sur la capacité des tests moléculaires à détecter XBB et les sous-lignées XBB*.
- Surveillance du SGE : On prévoit une incidence nulle sinon faible sur la capacité du SGE de détecter XBB et les sous-lignées XBB*, étant donné que plusieurs cas ont déjà été détectés en Ontario.

Incidence sur la pratique en santé publique

- Une augmentation graduelle du nombre de cas de COVID-19 a été observée en Ontario depuis la fin du mois de novembre 2022. Le pourcentage de positivité était de 16,5 % la semaine du 25 au 31 décembre 2022, ce qui représente une augmentation par rapport au pourcentage de 14,9 % enregistré la semaine précédente¹⁵. D'après les tendances épidémiologiques actuelles, ainsi que le manque de données sur la gravité de la maladie causée par XBB* et des données probantes selon lesquelles le XBB* est hautement transmissible, les mesures de santé publique communautaires et la mise à jour de la vaccination de rappel pourraient contribuer à protéger la population ontarienne, éviter d'alourdir le fardeau du système de santé et limiter les perturbations des services essentiels.
- L'utilisation de mesures de santé publique réduira le risque de transmission du SRAS-CoV-2 et d'autres virus respiratoires tant au niveau individuel que populationnel. À cet égard, il faut envisager l'instauration des mesures les moins restrictives et les plus équitables.
 - Outre la vaccination, les mesures de protection supplémentaires incluent : rester chez soi si on est malade ou si on présente des symptômes de la COVID-19; porter si possible un masque de qualité bien ajusté dans les lieux clos; optimiser la qualité de l'air ambiant; privilégier les espaces extérieurs lorsque le temps le permet; pratiquer l'étiquette respiratoire et se laver les mains.
- Bien que les vaccins fassent partie intégrante de la lutte contre la COVID-19, leurs limites sont plus évidentes en présence de variants qui échappent à l'immunité acquise par la vaccination ou l'infection, comme c'est le cas pour le XBB*. Les données probantes pour déterminer l'efficacité contre XBB* des nouveaux vaccins bivalents ciblant BA.1 et BA.4/5 sont encore incomplètes. Une stratégie de lutte à la pandémie qui repose entièrement sur l'immunité acquise par les vaccins actuels et les infections antérieures sera limitée dans sa capacité à freiner la transmission du virus et à réduire le nombre de cas, tandis que les mesures sanitaires comme le port du masque, la ventilation et le fait de rester chez soi si on est malade demeurent efficaces.
- Dans le contexte de la vaccination de rappel contre la COVID-19 et l'utilisation de mesures sanitaires comme le port du masque dans les lieux publics intérieurs, il sera important de communiquer clairement à la population ontarienne les risques que posent les niveaux actuels de transmission du SRAS-CoV-2 et de maladie liée à la COVID-19, les facteurs de risque de souffrir d'une forme grave de la maladie causée par la COVID-19, les effets protecteurs de l'immunité acquise par la vaccination et les infections antérieures, les nouvelles données probantes sur les risques associés au syndrome post-COVID-19³³⁻³⁷, ainsi la recrudescence actuelle de graves maladies respiratoires pédiatriques et le fardeau pour le système de santé.
- Les tendances relatives à la gravité de la maladie causée par la COVID-19 dans les pays où le taux de prévalence de XBB* est élevé doivent faire l'objet d'une surveillance étroite afin d'évaluer le risque de maladies graves associées aux variants XBB* en Ontario¹⁵.

Bibliographie

1. Organisation mondiale de la santé (OMS). TAG-VE statement on Omicron sublineages BQ.1 and XBB [Internet]. Genève : OMS; 2022 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : <https://www.who.int/news/item/27-10-2022-tag-ve-statement-on-omicron-sublineages-bq.1-and-xbb>
2. Cov-lineages. BJ.1/BM.1.1.1 (=BA.2.75.3.1.1.1) recombinant with breakpoint in S1 [≥ 5 sequences, 3x Singapore, 2x US as of 2022-09-12] #1058 [Internet]. San Francisco, CA : GitHub Inc; 2023 [cité le 9 janvier 2023]. Disponible à : <https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/1058>
3. UK Health Security Agency. SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation in England: technical briefing 47, 28 October 2022 [Internet]. Londres, R.-U. : Droits d'auteur de la Couronne; 2022 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1115077/Technical-Briefing-47.pdf
4. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Résumé de données probantes : Évaluation du risque pour les sous-lignées Omicron XBB et XBB.1 (au 2 novembre 2022) [Internet]. Toronto, ON : Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2022 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/voc/2022/11/risk-assessment-omicron-sub-lineage-xbb-xbb1.pdf?rev=b48093a8aefb4c59b4bd5f2480873afd&sc_lang=fr
5. Gregory TR. I think XBB.1.5 (Kraken) is very instructive about how dynamic and wide-reaching SARS-CoV-2 variant evolution is, and why confident dismissals of each variant's risk and a focus only on snapshots at one time in one place are foolish. via@TRYanGregory [Twitter]. 1^{er} janvier 2023 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : <https://twitter.com/tryangregory/status/1609671536914624513>
6. Wong C. Subvariant 'soup' may drive wave. *New Sci.* 2022;256(3411):11. Disponible à : [https://doi.org/10.1016/S0262-4079\(22\)01970-4](https://doi.org/10.1016/S0262-4079(22)01970-4)
7. Tamura T, Ito J, Uriu K, Zahradnik J, Kida I, Nasser H, et coll. Virological characteristics of the SARS-CoV-2 XBB variant derived from recombination of two Omicron subvariants. *bioRxiv* 521986 [Prépublication]. 27 décembre 2022 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2022.12.27.521986>
8. Focosi D, Quiroga R, McConnell SA, Johnson MC, Casadevall A. Convergent evolution in SARS-CoV-2 Spike creates a variant soup that causes new COVID-19 waves. *bioRxiv* 518843 [Prépublication]. 5 décembre 2022 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2022.12.05.518843>

9. Scarpa F, Sanna D, Azzena I, Casu M, Cossu P, Fiori PL, et coll. Genome-based comparison between the recombinant SARS-CoV-2 XBB and its parental lineages. bioRxiv 521197 [Prépublication]. 20 décembre 2022 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2022.12.20.521197>
10. Beesley LJ, Moran KR, Wagh K, Castro LA, Theiler J, Yoon H, et al. SARS-CoV-2 variant transition dynamics are associated with vaccination rates, number of co-circulating variants, and natural immunity. bioRxiv 517139 [Prépublication]. 21 novembre 2022 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2022.11.18.517139>
11. Organisation mondiale de la santé (OMS). COVID-19 weekly epidemiological update: edition 124 published 4 January 2023 [Internet]. Genève : OMS; 2023 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---4-january-2023>
12. CovSPECTRUM. XBB* (Nextclade) Canada (from 2022-11-04 to 2022-12-04) [Internet]. Zurich : GISAID; 2023 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : https://cov-spectrum.org/explore/Canada/AllSamples/from=2022-11-04&to=2022-12-04/variants?nextcladePangoLineage=xbb*&
13. CovSPECTRUM. XBB* (Nextclade) Canada (from 2022-12-05 to 2023-01-05) [Internet]. Zurich : GISAID; 2023 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : https://cov-spectrum.org/explore/Canada/AllSamples/from=2022-12-05&to=2023-01-05/variants?nextcladePangoLineage=xbb*&
14. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Résumé épidémiologique hebdomadaire : Surveillance génomique du SRAS-CoV-2 en Ontario, 6 janvier 2023 [Internet]. Toronto, ON : Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2023 [cité le 10 janvier 2023]. Disponible à : https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/epi/covid-19-sars-cov2-whole-genome-sequencing-epi-summary.pdf?sc_lang=fr
15. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Résumé épidémiologique hebdomadaire : La COVID-19 en Ontario : pleins feux sur la période du 25 décembre au 31 décembre 2022 (semaine 52) [Internet]. Toronto, ON : Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2023 [cité le 6 janvier 2023]. Disponible à : https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/epi/covid-19-weekly-epi-summary-report.pdf?sc_lang=fr
16. CovSPECTRUM. XBB* (Nextclade) UK (from 2022-11-04 to 2022-12-04) [Internet]. Zurich : GISAID; 2023 [cité en janvier 2023]. Disponible à : https://cov-spectrum.org/explore/United%20Kingdom/AllSamples/from=2022-11-04&to=2022-12-04/variants?nextcladePangoLineage=xbb*&

17. CovSPECTRUM. XBB* (Nextclade) UK (from 2022-12-05 to 2023-01-05) [Internet]. Zurich : GISAID; 2023 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : https://cov-spectrum.org/explore/United%20Kingdom/AllSamples/from=2022-12-05&to=2023-01-05/variants?nextcladePangoLineage=xbb*&
18. Office for National Statistics (ONS). Coronavirus (COVID-19) latest insights: hospitals [Internet]. Londres, R.-U. : ONS; 2023 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : <https://www.ons.gov.uk/peoplepopulationandcommunity/healthandsocialcare/conditionsanddiseases/articles/coronaviruscovid19latestinsights/hospitals>
19. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Variant proportions (HHS region: USA, week ending 1/7/2023) [Internet]. Atlanta, GA : CDC; 2023 [cité le 6 janvier 2023]. Disponible à : <https://covid.cdc.gov/covid-data-tracker>
20. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Variant proportions (HHS region: USA, week ending 12/31/2023) [Internet]. Atlanta, GA : CDC; 2023 [cité le 6 janvier 2023]. Disponible à : <https://covid.cdc.gov/covid-data-tracker>
21. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). New admissions of patients with confirmed COVID-19, United States: Aug 01, 2022 - Jan 02, 2023 [Internet]. Atlanta, GA : CDC; 2023 [cité le 5 janvier 2022]. Disponible à : <https://covid.cdc.gov/covid-data-tracker/#new-hospital-admissions>
22. Centre européen de prévention et de contrôle des maladies (ECDC). Update on SARS-CoV-2 variants: ECDC assessment of the XBB.1.5 sub-lineage [Internet]. Stockholm : ECDC; 2023 [cité le 9 janvier 2023]. Disponible à : <https://www.ecdc.europa.eu/en/news-events/update-sars-cov-2-variants-ecdc-assessment-xbb15-sub-lineage>
23. Yue C, Song W, Wang L, Jian F, Chen X, Gao F, et coll. Enhanced transmissibility of XBB.1.5 is contributed by both strong ACE2 binding and antibody evasion. bioRxiv 522427 [Prépublication]. 3 janvier 2023 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2023.01.03.522427>
24. Cao Y, Jian F, Wang J, Yu Y, Song W, Yisimayi A, et coll. Imprinted SARS-CoV-2 humoral immunity induces convergent Omicron RBD evolution. Nature. 19 décembre 2022 [Publication électronique avant impression]. Disponible à : <https://doi.org/10.1038/s41586-022-05644-7>
25. Kurhade C, Zou J, Xia H, Liu M, Chang HC, Ren P, et coll. Low neutralization of SARS-CoV-2 Omicron BA.2.75.2, BQ.1.1 and XBB.1 by parental mRNA vaccine or a BA.5 bivalent booster. Nat Med. 6 décembre 2022 [Publication électronique avant impression]. Disponible à : <https://doi.org/10.1038/s41591-022-02162-x>
26. Zhang X, Chen L-L, Ip JD, Chan W-M, Hung IF-N, Yuen K-Y, et coll. Omicron sublineage recombinant XBB evades neutralising antibodies in recipients of BNT162b2 or CoronaVac vaccines. Lancet Microbe. 6 décembre 2022 [Publication électronique avant impression]. Disponible à : [https://doi.org/10.1016/S2666-5247\(22\)00335-4](https://doi.org/10.1016/S2666-5247(22)00335-4)

27. Davis-Gardner ME, Lai L, Wali B, Samaha H, Solis D, Lee M, et coll. Neutralization against BA.2.75.2, BQ.1.1, and XBB from mRNA bivalent booster. N Engl J Med. 21 décembre 2022 [Publication électronique avant impression]. Disponible à : <https://doi.org/10.1056/NEJMc2214293>
28. Chalkias S, Whatley J, Eder F, Essink B, Khetan S, Bradley P, et coll. Safety and immunogenicity of Omicron BA.4/BA.5 bivalent vaccine against Covid-19. medRxiv 22283166 [Prépublication]. 13 décembre 2022 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2022.12.11.22283166>
29. Sullivan DJ, Franchini M, Senefeld J, Joyner M, Casadevall A, Focosi D. Plasma after both SARS-CoV-2 boosted vaccination and COVID-19 potently neutralizes BQ1.1 and XBB.1. bioRxiv 517977 [Prépublication]. 16 décembre 2022 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2022.11.25.517977>
30. Wang Q, Iketani S, Li Z, Liu L, Guo Y, Huang Y, et coll. Alarming antibody evasion properties of rising SARS-CoV-2 BQ and XBB subvariants. Cell. 30 décembre 2022 [Publication électronique avant impression]. Disponible à : <https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.12.018>
31. Imai M, Ito M, Kiso M, Yamayoshi S, Uraki R, Fukushi S, et al. Efficacy of antiviral agents against Omicron subvariants BQ.1.1 and XBB. N Engl J Med. 2022;388(1):89-91. Disponible à : <https://doi.org/10.1056/NEJMc2214302>
32. Touret F, Giraud E, Bourret J, Donati F, Tran-Rajau J, Chiaravalli J, et coll. Enhanced neutralization escape to therapeutic monoclonal antibodies by SARS-CoV-2 Omicron sub-lineages. bioRxiv 521201 [Prépublication]. 23 décembre 2022 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2022.12.22.521201>
33. Gao P, Liu J, Liu M. Effect of COVID-19 vaccines on reducing the risk of long COVID in the real world: a systematic review and meta-analysis. Int J Environ Res Public Health. 2022;19(19). Disponible à : <https://doi.org/10.3390/ijerph191912422>
34. Lau B, Wentz E, Ni Z, Yenokyan K, Coggiano C, Mehta SH, et coll. Physical and mental health disability associated with long-COVID: baseline results from a US nationwide cohort. medRxiv 22283203 [Prépublication]. 7 décembre 2022 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : <https://doi.org/10.1101/2022.12.07.22283203>
35. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Review of “post-COVID-19 conditions among children 90 days after SARS-CoV-2 infection”. Toronto, ON : Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2022 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/Research/2022/08/synopsis-post-covid-19-conditions-children-90-days.pdf?sc_lang=en

36. Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario).
Synthèse : Ce que nous savons jusqu'à présent sur le syndrome post-COVID-19 pédiatrique (SPC) et le syndrome inflammatoire multisystémique chez les enfants (MIS-C). Toronto, ON : Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2022 [cité le 5 janvier 2023]. Disponible à : https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/nCoV/COVID-WWKSF/2021/05/wwksf-children-long-term-sequelae.pdf?sc_lang=fr
37. Roessler M, Tesch F, Batram M, Jacob J, Loser F, Weidinger O, et coll. Post-COVID-19-associated morbidity in children, adolescents, and adults: a matched cohort study including more than 157,000 individuals with COVID-19 in Germany. PLoS Med. 2022;19(11):e1004122. Disponible à : <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1004122>

Modèle proposé pour citer le document

Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Évaluation du risque pour le sous-variant Omicron XBB* (incluant XBB.1 et XBB.1.5) (au 4 janvier 2023). Toronto, ON : Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2023.

Avis de non-responsabilité

Le présent document a été préparé par Santé publique Ontario (SPO). SPO fournit des conseils scientifiques et techniques au gouvernement, aux organismes de santé publique et aux fournisseurs de soins de santé de l'Ontario. SPO fonde ses travaux sur les meilleures données probantes disponibles au moment de la publication du document. L'usage de ce document et l'application des renseignements qu'il contient sont la responsabilité de l'utilisateur. SPO n'assume aucune responsabilité à ces égards. 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.

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 intervenants de première ligne et des chercheurs.

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

© Imprimeur du Roi pour l'Ontario, 2023

Ontario 