



ÉVALUATION DE LA MENACE EN SANTÉ PUBLIQUE

SCIENCE DE LA MISE EN ŒUVRE

Outil d'évaluation des menaces à l'aide d'une approche fondée sur le consensus

188

SCIENCE DE LA MISE EN ŒUVRE

Évaluation des menaces à l'Agence de la santé publique du Canada

195

RAPPORT D'ENQUÊTE

Diagnostic de laboratoire de la coqueluche

203



RMTC

RELEVÉ DES MALADIES TRANSMISSIBLES AU CANADA

Le *Relevé des maladies transmissibles au Canada* (RMTC) est une revue scientifique bilingue révisée par les pairs et en accès libre publiée par l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC). Il fournit des informations pratiques et fiables aux cliniciens et aux professionnels de la santé publique ainsi qu'aux chercheurs, aux décideurs politiques, aux enseignants, aux étudiants et aux autres personnes qui s'intéressent aux maladies infectieuses.

Le comité de rédaction du RMTC est composé de membres en provenance du Canada, des États-Unis, de l'Union européenne et de l'Australie. Les membres du conseil sont des experts reconnus dans le monde entier et actifs dans les domaines des maladies infectieuses, de la santé publique et de la recherche clinique. Ils se rencontrent quatre fois par année et fournissent des avis et des conseils à le rédacteur scientifique en chef du RMTC.

Bureau de la rédaction

Rédacteur émérite

Michel Deilgat, CD, BA, MD, MPA, MEd, MIS (c), CCPE

Éditeurs scientifiques adjoints

Rukshanda Ahmad, MBBS, MHA
Julie Thériault, Inf. aut., BScInf, MSc (santé publique)
Peter Uhthoff, BASc, MSc, MD

Gestionnaire de la rédaction

Laura Rojas Higuera, (H) BA Psy (c)

Responsable de la production et de la conception graphique

Katy Keeler, BA (Hons)

Révisseur-rédactrice, langue française

Pascale Plante-Defoy, BA (Trad.)

Gestionnaire de contenu Web

Jessica Corey Perkins

Révisseurs

Caroline Ethier
Anton Holland
Laura Stewart-Davis, PhD

Conseillères en communications

Chantal Skraba, BA, OCGC

Conseillère en matière des Premières Nations et des Autochtones

Sarah Funnell, BSc, MD, MPH, CCFP, FRCPC

Rédactrice junior

Kanika Sarwal, BHSc, MSc, PhD (C)

Répertorié

dans PubMed, Directory of Open Access (DOAJ)/Medicus

Disponible

dans PubMed Central (texte entier)

Membre du comité de rédaction du RMTC

Heather Deehan, RN, BScN, MHSc
Centre du vaccin, Division des approvisionnements UNICEF
Copenhague, Danemark

Jacqueline J Gindler, MD
Centre de prévention et de contrôle des maladies Atlanta, États-Unis

Rahul Jain, MD, CCFP, MScCH
Department of Family and Community Medicine, University of Toronto and Sunnybrook Health Sciences Centre
Toronto, Canada

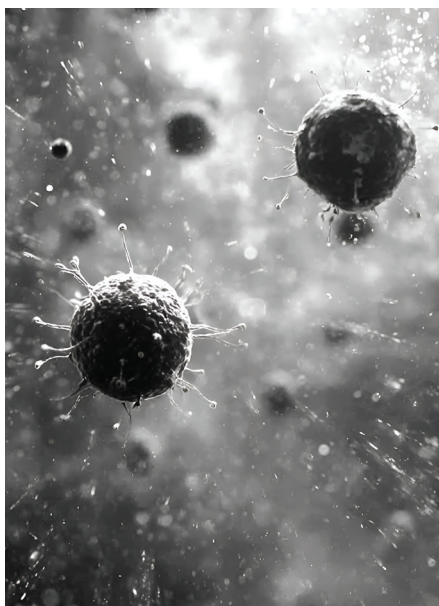
Kenneth Scott, CD, MD, FRCPC
Médecine interne et maladies infectieuses (adultes)
Groupe des Services de santé des Forces canadiennes (retraité)
Agence de la santé publique du Canada (retraité), Ottawa, Canada

Contactez-le bureau de la rédaction

ccdr-rmtc@phac-aspc.gc.ca
613.301.9930

Référence photographique

La photo de couverture représente une vue microscopique de nombreux virus flottant dans un milieu fluide. L'image provient d'[Adobe Stock #1951388791](#).



ÉVALUATION DE LA MENACE EN SANTÉ PUBLIQUE

TABLE DES MATIÈRES

SCIENCE DE LA MISE EN ŒUVRE

Élaboration d'un outil d'évaluation des menaces à l'aide d'une approche fondée sur le consensus, destiné à une utilisation dans un contexte fédéral de santé publique au Canada 188
G Brankston, C Dulong, C Elliott, J Middleton, A Sandhu, L Whitmore

Évaluation des menaces pour la santé publique : un aperçu de l'évaluation coordonnée des menaces au sein de l'Agence de la santé publique du Canada 195
G Brankston, E Bagree, R Ahmad, C Dulong, C Elliott, E Galanis, J Middleton, A Sandhu, L Whitmore

RAPPORT D'ENQUÊTE

Diagnostic de laboratoire de la coqueluche : enquête sur les méthodes des laboratoires provinciaux de santé publique 203
C Meilleur, J Grant, G Tyrrell, J Minion, P Van Caeselele, J Kus, B Lefebvre, T Hatchette, G Desnoyers, L Jiao, H Paulin, R Tsang

SURVEILLANCE

Infections associées aux dispositifs médicaux et aux interventions chirurgicales dans les hôpitaux de soins de courte durée au Canada, 2020–2024 215
Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales

Infections associées aux soins de santé et résistance aux antimicrobiens dans les hôpitaux canadiens de soins de courte durée, 2020–2024 227
Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales



Élaboration d'un outil d'évaluation des menaces à l'aide d'une approche fondée sur le consensus, destiné à une utilisation dans un contexte fédéral de santé publique au Canada

Gabrielle Brankston^{1*}, Camille Dulong¹, Catherine Elliott¹, Jacqueline Middleton¹, Amrit Sandhu¹, Lindsay Whitmore¹

Résumé

Contexte : Les activités de renseignements sur la santé publique, notamment l'évaluation de nouvelles menaces pour la santé publique, sont des opérations essentielles pour de nombreux organismes de santé publique. L'évaluation des menaces vise à orienter des mesures de santé publique proportionnées au niveau de menace évalué, dans le contexte d'une situation évolutive. Un cadre d'évaluation des menaces fondé sur le risque permet de mieux préciser les répercussions globales des menaces sur la santé des populations et d'orienter les interventions de santé publique appropriées.

Objectif : Ce travail visait à élaborer un outil normalisé d'évaluation des menaces pour la santé publique, fondé sur le risque et pouvant être utilisé à l'échelle de l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC), en intégrant les perspectives de diverses parties prenantes de l'ASPC afin de garantir que l'outil soit applicable à l'ensemble du spectre des menaces potentielles pour la santé publique.

Méthodes : Un cadre d'évaluation des menaces a été élaboré afin d'attribuer un niveau de menace global fondé sur l'évaluation de trois attributs distincts : la gravité des effets sur la santé humaine, le degré de probabilité d'incidence de la menace au Canada, et la capacité du Canada à prévenir ou à atténuer cette menace. Une approche fondée sur la méthode Delphi a été utilisée pour élaborer un ensemble de critères qualitatifs permettant aux utilisateurs finaux d'attribuer une cote élevée, modérée ou faible à chacun des attributs de la menace ainsi qu'à l'évaluation globale.

Résultats : Trois enquêtes itératives et deux réunions ont permis d'atteindre un consensus sur les définitions des trois attributs de la menace ainsi que sur l'évaluation globale, ce qui a permis de mettre en place un cadre souple capable de caractériser un large éventail de menaces pour la santé publique.

Conclusion : Des définitions normalisées et largement reconnues pour l'évaluation des menaces permettent de caractériser et de communiquer de façon fiable les événements importants de santé publique et de soutenir les interventions de santé publique.

Citation proposée : Brankston G, Dulong C, Elliott C, Middleton J, Sandhu A, Whitmore L. Élaboration d'un outil d'évaluation des menaces à l'aide d'une approche fondée sur le consensus, destiné à une utilisation dans un contexte fédéral de santé publique au Canada. *Relevé des maladies transmissibles au Canada*;52(5):188–94. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v52i05a01f>

Mots-clés : renseignements sur la santé publique, méthode d'évaluation des menaces, Delphi, consensus

Cette oeuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale [Creative Commons Attribution 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).



Affiliation

¹ Direction des sciences appliquées en santé publique, Agence de la santé publique du Canada, Ottawa, ON

*Correspondance :

gabrielle.brankston@phac-aspc.gc.ca



Introduction

Dans un contexte mondial marqué par un nombre croissant d'événements de santé publique à fort impact (1), il est essentiel de disposer de systèmes de santé publique capables de détecter rapidement les menaces potentielles et d'en évaluer la portée afin de soutenir les autorités de santé publique à prendre des décisions. Une menace pour la santé publique peut être définie comme des données vérifiées indiquant un risque aigu potentiel pour la santé humaine, dont l'évaluation montre qu'il pourrait avoir des effets néfastes sur la santé d'une population (2,3). La détection et l'évaluation précoces des menaces potentielles pour la santé publique visent à orienter la planification et les interventions de réponse proportionnées au niveau de menace évaluée, dans le contexte d'une situation évolutive (4). Les interventions de santé publique découlant d'une évaluation précoce peuvent contribuer à limiter les retombées d'une menace sur la santé humaine.

Les activités de renseignement en santé publique, notamment l'évaluation précoce des menaces potentielles, constituent des fonctions essentielles de nombreux organismes de santé publique nationaux et internationaux (5–7). L'évaluation des menaces consiste à caractériser une menace pour la santé publique afin de mieux comprendre sa gravité globale et ses répercussions sur la santé des populations. Les renseignements disponibles dans la littérature scientifique et la littérature grise concernant les méthodes d'évaluation des menaces utilisées par les organismes de santé publique sont limités. Toutefois, les rapports accessibles au public donnent une indication des éléments pris en compte dans ces évaluations, notamment les répercussions potentielles sur la santé publique, la gravité des effets sur la santé, la probabilité d'exposition ou de transmission, ainsi que l'existence de mesures de contrôle (1,5–7).

À l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC), un processus formalisé d'évaluation coordonnée des menaces (ECM) a été mis en place en mai 2022 à la suite des recommandations du vérificateur général du Canada visant à renforcer le processus d'évaluation des risques de l'ASPC, à la suite d'un audit lié à la pandémie de COVID-19 (4). Le processus d'ECM s'inscrit dans un continuum d'activités d'évaluation des risques, allant des évaluations préliminaires des menaces jusqu'aux évaluations complètes et approfondies des risques (8). Dans ce continuum, l'ECM permet de coordonner les experts techniques et d'intégrer des données et des informations provenant de multiples sources afin d'évaluer de façon rapide et systématique les événements émergents de santé publique. Ce processus favorise la coordination des activités au sein de l'ASPC et produit des évaluations normalisées entre les différents programmes, offrant à la haute direction un portrait global des événements susceptibles de constituer une menace pour le Canada et pouvant nécessiter des interventions de santé publique supplémentaires.

La méthode initiale d'évaluation des menaces de l'ASPC avait été conçue comme un algorithme convivial visant à caractériser les menaces en fonction du type et de l'urgence des interventions fédérales requises en santé publique, telles que la surveillance, une enquête plus approfondie ou une intervention dans un délai de 48 heures. Après une année complète d'utilisation, ainsi qu'à la suite des résultats d'une évaluation interne, il a été jugé nécessaire de disposer d'une méthode permettant de mieux rendre compte de l'impact global des menaces sur la santé des populations, afin d'orienter plus efficacement les mesures de santé publique. Cela a conduit, en 2023, à la décision de réviser la méthode d'évaluation des menaces afin d'adopter une approche fondée sur le risque.

L'objectif de ce travail était de développer un outil standardisé pouvant être utilisé à l'échelle des programmes de l'ASPC pour caractériser les menaces pour la santé publique selon un cadre d'évaluation des risques, avec des niveaux de menace élevés, modérés et faibles pour le Canada. Afin de relever le défi de concevoir un outil commun permettant de soutenir l'évaluation des menaces dans diverses populations et pour des types de dangers variés, une approche fondée sur la méthode Delphi a été utilisée pour recueillir les points de vue d'un éventail d'intervenants de l'ASPC, assurant ainsi son applicabilité à l'ensemble du spectre des menaces potentielles pour la santé publique. Le présent article décrit le processus de consensus de la méthode Delphi et présente l'outil d'évaluation des menaces qui en a résulté.

Méthodes

Plusieurs étapes ont été nécessaires pour élaborer et mettre au point l'outil d'évaluation des menaces. La **figure 1** illustre les activités et le calendrier associés au processus. Les travaux préliminaires comprenaient des discussions internes au sein de l'équipe d'évaluation des menaces, une analyse contextuelle informelle de l'environnement, ainsi que des échanges avec des collègues internes et internationaux.

Ces activités ont permis de définir un cadre d'évaluation des menaces composé de trois attributs, chacun associé à trois niveaux d'évaluation, ainsi qu'une évaluation globale (**figure 2**). Les attributs de menace ont été conçus pour évaluer la gravité des effets sur la santé humaine, le degré de probabilité d'impact de la menace au Canada, ainsi que la capacité du Canada à prévenir ou à atténuer cette menace.

Une fois le cadre élaboré, une approche fondée sur la méthode Delphi a été utilisée pour définir chacun des attributs, l'évaluation globale des menaces ainsi que les critères permettant de les classer comme élevées, modérées



Figure 1 : Calendrier des activités de mobilisation menées dans le cadre de l'élaboration du cadre et de la méthode d'évaluation des menaces

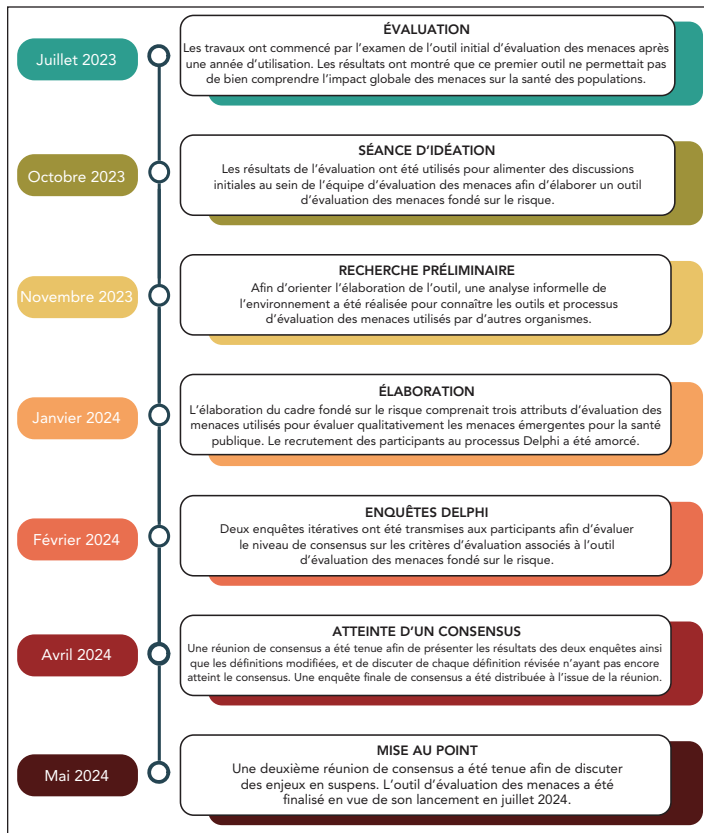


Figure 2 : Cadre d'évaluation des menaces de l'Agence de la santé publique du Canada

Évaluation de chaque attribut de la menace			
Attribut de la menace	Élevé	Modéré	Faible
Préoccupation pour la santé humaine			
Potentiel d'impact sur le Canada			
Préoccupation quant à l'insuffisance des mesures de contrôle			
Détermination de l'évaluation globale à partir des attributs de la menace			
Évaluation globale des menaces	Élevé	Modéré	Faible

ou faibles. La méthode Delphi est une approche scientifique qui mobilise des experts au moyen d'enquêtes itératives et de rétroactions de groupe afin de parvenir à un consensus sur des sujets complexes (9). Des projets de définitions des attributs d'évaluation des menaces ont été élaborés par l'équipe de recherche afin de renseigner le cadre. Le consensus a été défini a priori comme une proportion d'accord à 80 % des participants pour chaque définition, telle que formulée.

Inclusion et recrutement des participants

Tous les membres du Comité scientifique pour l'évaluation coordonnée des menaces (CSECM) de l'ASPC ont été invités à participer aux discussions du comité d'experts. Le CSECM est un groupe d'experts en la matière, composé de représentants des disciplines concernées au sein de l'ASPC, qui se réunit chaque semaine pour évaluer les menaces pour la santé publique. Les participants ont été activement recrutés afin d'assurer une représentation de l'ensemble des groupes de parties prenantes, reflétant les utilisateurs finaux du cadre d'évaluation des menaces dans une perspective nationale.

Enquêtes

L'accord avec les définitions a été évalué au moyen de trois rondes d'enquêtes en ligne menées à l'aide de Microsoft Forms. Les données issues des enquêtes ont été recueillies de façon anonyme, et aucun renseignement identificatoire des participants n'a été colligé. Pour les deux premières enquêtes, l'accord des participants avec chaque définition a été évalué à l'aide d'une échelle de Likert à cinq points comportant les options suivantes : « Oui, tel que formulé actuellement »; « Oui, mais modifier la formulation »; « Incertain »; « Probablement non »; et « Certainement non ». Les répondants étaient également invités à fournir des commentaires détaillés ou à proposer des formulations alternatives, lesquelles ont servi à apporter des ajustements aux définitions.

Les participants disposaient de huit jours ouvrables pour répondre à chaque ronde d'enquête. Deux rappels étaient envoyés pour chaque enquête. Après chaque ronde, l'ensemble des commentaires des participants était pris en compte pour réviser les définitions. Les participants recevaient ensuite un résumé des résultats, les justifications des modifications apportées aux définitions, ainsi que la version révisée des définitions. Les enquêtes subséquentes et la réunion de consensus portaient uniquement sur les éléments n'ayant pas atteint le seuil d'accord à 80 %. À la suite de la réunion initiale de consensus, une troisième enquête a été menée afin d'évaluer formellement le consensus à l'aide d'un format de réponse binaire (oui/non).

Réunions de consensus

Deux réunions de consensus ont été tenues par vidéoconférence à trois semaines d'intervalle et ont été animées par un membre de l'équipe de recherche. Les résultats des deux enquêtes ainsi que les définitions révisées ont été présentés lors de la première réunion de consensus. Les participants ont examiné chaque définition révisée n'ayant pas atteint le consensus à la suite de la deuxième enquête. Les points de divergence ont été analysés, et les définitions ont été modifiées au besoin. Le consensus pour chaque élément abordé lors de la réunion a été évalué au moyen d'une enquête menée après la réunion, le consensus étant défini comme un accord à 80 %. Une deuxième réunion de consensus a été tenue afin de traiter les points de désaccord persistants et de discuter du processus de mise en œuvre opérationnelle de l'outil.



Analyse des données

Pour chaque itération de l'enquête, les données quantitatives ont été analysées à l'aide de statistiques descriptives simples (c.-à-d. la proportion de participants ayant sélectionné chaque niveau d'accord) au moyen de R Studio (10). Une analyse thématique qualitative (11) a été utilisée pour regrouper les données en texte libre en grandes catégories, afin d'éclairer la rétroaction aux participants et les révisions des définitions.

Résultats

Participants

Au total, 26 participants ont pris part au processus de consensus. Sur les dix domaines de programme de l'ASPC qui contribuent régulièrement à l'évaluation des menaces, des représentants de huit d'entre eux ont accepté de participer, de même que des membres supplémentaires du CSECM, ce qui donne une représentation de 12 programmes au total. La représentation comprenait des experts dans les domaines suivants : maladies zoonotiques (n = 1), gestion des éclosions et salubrité des aliments (n = 2), épidémiologie et surveillance des virus respiratoires (y compris la COVID-19) (n = 4), évaluation des risques (n = 8), santé des voyageurs (n = 3), surveillance des vaccins et préparation (n = 2), gestion des urgences (n = 1), biosécurité (n = 1), mesures de santé publique (n = 2), sciences du risque et modélisation (n = 1) et Règlement sanitaire international (n = 1).

Enquêtes

Parmi les 26 participants, 23 ont répondu à l'enquête 1 (88,5 %), 19 à l'enquête 2 (73,1 %) et 10 à l'enquête 3 (38,5 %). Au cours de l'étude, on a observé une progression vers le consensus, avec une augmentation de l'accord à la suite des modifications itératives apportées aux définitions (**tableau 1**).

Aucune définition n'a atteint le consensus lors de la première enquête, deux y sont parvenues lors du deuxième, et toutes les définitions évaluées après les réunions de consensus ont atteint un niveau d'accord de 90 % à 100 %, dépassant ainsi le seuil cible de 80 %. Les définitions des niveaux globalement élevé, modéré et faible de l'évaluation des menaces n'ont toutefois pas été évaluées dans l'enquête finale; un accord verbal entre les participants a néanmoins été obtenu lors de la deuxième réunion de consensus. L'analyse thématique des commentaires écrits a permis de regrouper les observations selon les grandes catégories suivantes : modifications de la formulation, terminologie du cadre et précisions.

Réunions de consensus

La première et la deuxième réunion de consensus ont vu la participation respectivement de 15 (57,7 %) et de 17 (65,4 %) membres, représentant 11 des 12 programmes participants. Les participants ont discuté et affiné les définitions, soulevé des questions méthodologiques ainsi que des enjeux propres aux

Tableau 1 : Proportion de répondants en accord avec chaque définition pour chacune des trois enquêtes Delphi

Élément de l'évaluation des menaces	Proportion de répondants en accord avec chaque définition, telle que formulée		
	Enquête 1 (n = 23)	Enquête 2 (n = 19)	Enquête 3 (n = 10)
Définition			
Préoccupation pour la santé humaine	43,5 %	78,9 %	100 %
Élevé	52,2 %	78,9 %	100 %
Modéré	60,9 %	78,9 %	100 %
Faible	60,9 %	78,9 %	100 %
Potentiel d'impact sur le Canada	34,8 %	68,4 %	90,0 %
Élevé	39,1 %	78,9 %	90,0 %
Modéré	34,8 %	73,7 %	90,0 %
Faible	39,1 %	78,9 %	90,0 %
Préoccupation quant à l'insuffisance des mesures de contrôle	52,2 %	84,2 %	s.o.^a
Élevé	69,6 %	78,9 %	90,0 %
Modéré	47,8 %	68,4 %	90,0 %
Faible	73,9 %	73,7 %	90,0 %
Évaluation globale des menaces	69,6 %	84,2 %	s.o.^a
Élevé	69,6 %	78,9 %	Non évalué
Modéré	69,6 %	78,9 %	Non évalué
Faible	69,6 %	78,9 %	Non évalué

Abréviation : s.o., sans objet
^a Consensus à 80 % sur l'enquête 2

programmes quant à l'application des définitions, et formulé des commentaires sur des considérations pratiques liées à l'utilisation de l'outil (p. ex. l'évaluation de menaces internationales qui ne sont pas encore présentes au Canada). Ces échanges ont amené le groupe à explorer des défis opérationnels connexes. Les participants ont indiqué de manière informelle avoir acquis une meilleure compréhension de l'outil et un niveau de confiance accru à son égard à la suite de ces discussions. Les définitions finales de l'évaluation des menaces sont présentées au **tableau 2**.

Discussion

Le nouveau cadre d'évaluation des menaces a été conçu pour évaluer la gravité des effets sur la santé humaine, le degré selon lequel une menace est susceptible d'avoir un impact sur le Canada, ainsi que la capacité du Canada à prévenir ou à atténuer cette menace. Le présent article décrit le processus de consensus Delphi utilisé pour établir un ensemble de critères qualitatifs permettant aux utilisateurs d'attribuer une cote élevée, modérée ou faible à chacun des trois attributs distincts de la



Tableau 2 : Définitions finales pour l'outil d'évaluation des menaces

Élément	Définition
Préoccupation pour la santé humaine	Gravité potentielle des effets nocifs sur la santé que le danger représente pour la population la plus susceptible d'être touchée, selon les connaissances actuelles.
Élevé	Ce danger entraîne ou devrait entraîner des effets graves sur la santé de la population la plus susceptible d'être touchée (p. ex. un danger généralement mortel ou associé à des conséquences néfastes permanentes ou à long terme pour la santé).
Modéré	Ce danger entraîne ou devrait entraîner des effets modérés sur la santé de la population la plus susceptible d'être touchée (p. ex. un danger généralement associé à des effets graves, mais non mortels, ou à des conséquences néfastes non permanentes ou à court terme pour la santé).
Faible	Ce danger entraîne ou devrait entraîner des effets mineurs sur la santé de la population la plus susceptible d'être touchée (p. ex. un danger généralement autolimitatif ou associé à des conséquences néfastes minimales pour la santé).
Potentiel d'impact sur le Canada	Degré auquel le danger est susceptible d'entraîner un impact sur la santé des personnes au Canada, des personnes entrant au Canada ou des résidents canadiens à l'étranger, selon les connaissances au moment de l'évaluation.
Élevé	Le danger touche actuellement ou est susceptible de toucher un grand nombre ^a de personnes dans la population générale ou dans des sous-groupes spécifiques au Canada, parmi les personnes entrant au Canada ou parmi les résidents canadiens à l'étranger.
Modéré	Le danger touche actuellement ou est susceptible de toucher un nombre modéré ^a de personnes dans la population générale ou dans des sous-groupes spécifiques au Canada, parmi les personnes entrant au Canada ou parmi les résidents canadiens à l'étranger.
Faible	Le danger touche actuellement ou est susceptible de toucher un nombre minimal ^a de personnes dans la population générale ou dans des sous-groupes spécifiques au Canada, parmi les personnes entrant au Canada ou parmi les résidents canadiens à l'étranger. OU Le danger est peu susceptible de toucher des personnes au Canada, des personnes entrant au Canada ou des résidents canadiens à l'étranger.
Préoccupation quant à l'insuffisance des mesures de contrôle	Potentiel que le Canada dispose de mesures insuffisantes pour détecter, prévenir, atténuer, se préparer à une intervention ou intervenir face au danger ou à ses effets néfastes sur la santé.
Élevé	Il n'existe actuellement aucun mécanisme connu pour détecter, prévenir, atténuer, se préparer à une intervention ou répondre aux répercussions de ce danger au Canada ^b . OU Il peut exister des mécanismes limités pour détecter, prévenir, atténuer, se préparer à une intervention ou répondre aux répercussions de ce danger au Canada ^b , mais ceux-ci sont considérés comme expérimentaux, d'efficacité inconnue ou indisponibles. OU Les mesures nécessaires exigeraient des ressources importantes pour être mises en œuvre.
Modéré	Il existe des mécanismes pour détecter, prévenir, atténuer, se préparer à une intervention ou répondre aux répercussions de ce danger au Canada ^b , mais leur efficacité, leur disponibilité ou leur déploiement peuvent poser des défis. OU Les mesures nécessaires peuvent exiger des ressources accrues pour être mises en œuvre.
Faible	Il existe des mécanismes efficaces, disponibles et facilement déployables pour détecter, prévenir, atténuer, se préparer à une intervention ou répondre aux répercussions de ce danger au Canada ^b . OU Les interventions habituelles sont suffisantes (c.-à-d. qu'il n'est pas nécessaire de mettre en œuvre des mesures de contrôle supplémentaires).
Évaluation globale des menaces	Évaluation globale de la menace posée par le danger associé à ce signal, au moment de l'évaluation, en tenant compte de la « préoccupation pour la santé humaine », du « potentiel d'incidence sur le Canada » et de la « préoccupation liée à l'insuffisance des mesures de contrôle ».
Élevé	Le danger associé à ce signal est évalué comme présentant un niveau de menace élevé pour le Canada, au moment de l'évaluation.
Modéré	Le danger associé à ce signal est évalué comme présentant un niveau de menace modéré pour le Canada, au moment de l'évaluation.
Faible	Le danger associé à ce signal est évalué comme présentant un niveau de menace faible pour le Canada, au moment de l'évaluation.

^a Il n'existe pas de lignes directrices quantitatives pour cet attribut. Le nombre de personnes potentiellement ou actuellement touchées qui serait considéré comme élevé, modéré ou faible varie selon le contexte de l'événement

^b Le Canada désigne les personnes vivant au Canada, entrant au Canada ou les résidents canadiens à l'étranger



menace. La mobilisation d'un éventail d'experts en la matière a permis d'atteindre un consensus sur 16 définitions réparties en trois catégories distinctes ainsi qu'une catégorie d'évaluation globale, ce qui a permis d'obtenir un cadre souple capable de caractériser un large éventail de menaces pour la santé publique.

Le cadre est harmonisé avec ceux d'autres organismes de santé nationaux et internationaux en ce qui concerne les éléments importants à prendre en compte dans l'évaluation des menaces pour la santé publique (5–7) et la flexibilité qualitative (5). Le passage d'une approche fondée sur un algorithme à un cadre qualitatif permet une flexibilité dans la pondération des différents attributs de la menace selon leur importance relative dans le contexte d'une menace spécifique. Contrairement à l'approche antérieure fondée sur un algorithme, qui basait les évaluations sur les actions fédérales, la nouvelle caractérisation fondée sur le risque offre une représentation plus claire des principaux renseignements utilisés pour évaluer une menace et permet de mieux orienter les interventions de santé publique appropriées. Une publication distincte décrit en détail le processus d'évaluation des menaces à l'ASPC et présente un exemple d'application de l'évaluation des menaces en pratique (12).

Plusieurs avantages ont été associés à l'utilisation d'une approche Delphi pour élaborer les définitions d'un outil d'évaluation des menaces. L'obtention d'un consensus entre des experts provenant de multiples domaines d'expertise permet d'avoir confiance dans le fait que le processus a produit un outil robuste, capable de caractériser adéquatement les menaces pour la santé publique et applicable à plusieurs domaines de la santé publique. L'inclusion de réunions de consensus a permis aux participants de fournir une rétroaction verbale, ce qui a entraîné une meilleure clarification de leurs points de vue que ce qui aurait été possible au moyen d'enquêtes uniquement. Ce processus collaboratif a favorisé la compréhension et l'acceptation des définitions entre les programmes. Enfin, les programmes ont exprimé leur appréciation d'avoir eu l'occasion de participer à ce processus et de contribuer à l'élaboration de l'outil.

Limites

Le processus d'élaboration du nouvel outil d'évaluation des menaces comportait plusieurs limites. Les étapes initiales de développement du cadre ont été réalisées au sein de l'équipe de recherche et, bien qu'elles aient été fondées sur des commentaires de programmes et une analyse de l'environnement international, elles auraient pu être différentes si un processus de rétroaction systématique avait été utilisé. La participation a diminué de 57 % au cours de l'étude Delphi, et le caractère anonyme des enquêtes n'a pas permis d'évaluer la représentativité au sein des différents programmes de l'ASPC. Toutefois, la participation aux réunions de consensus était globalement représentative de l'ensemble des programmes

participants, notamment ceux qui contribuent régulièrement au rapport sur les menaces. Enfin, sur le plan méthodologique, la stabilité statistique des réponses n'a pas pu être mesurée, puisque seulement deux cycles d'enquête ont été réalisés (13).

Conclusion

Des définitions normalisées et largement reconnues pour l'évaluation des menaces dans un contexte fédéral de santé publique sont essentielles pour caractériser et communiquer de façon fiable les événements importants de santé publique et pour appuyer la prise de mesures de santé publique. Les travaux en cours dans ce domaine permettront d'obtenir des évaluations plus fiables et plus valides d'un éventail de menaces dans divers contextes de santé publique. Les travaux futurs prévoient de valider et d'évaluer l'outil d'évaluation des menaces, ainsi que de continuer à l'appliquer à des menaces allant au-delà des maladies infectieuses.

Déclaration des auteurs

La première auteure nommée est l'auteur principal et auteur-ressource. Tous les autres auteurs sont présentés par ordre alphabétique. Les contributions des co-auteurs sont les suivantes :

- G. B. — Conceptualisation, méthodologie, enquête, analyse formelle, administration du projet, rédaction de la version originale, rédaction, révision et édition
- C. D. — Enquête, analyse formelle, administration du projet, rédaction–révision et édition
- C. E. — Conceptualisation, méthodologie, rédaction–révision et édition, supervision
- J. M. — Enquête, analyse formelle, administration du projet, rédaction–révision et édition
- A. S. — Enquête, analyse formelle, administration du projet, rédaction–révision et édition
- L. W. — Conceptualisation, méthodologie, rédaction–révision et édition, supervision

Intérêts concurrents

Aucun.

Identifiants ORCID

Aucun.

Remerciements

Les auteurs remercient sincèrement les membres du panel Delphi pour leur engagement et leur expertise dans le processus de consensus.



Financement

Ce travail a été soutenu par l'Agence de la santé publique du Canada.

Références

- World Health Organization. Global public health intelligence report 2022. Geneva, CH: WHO; 2023. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240073579>
- European Centre for Disease Prevention and Control. Health emergency preparedness for imported cases of high consequence infectious diseases. Stockholm, SE: ECDC; 2019. [Consulté le 1^{er} mai 2023]. <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/Health-emergency-preparedness-imported-cases-of-high-consequence-infectious-diseases.pdf>
- World Health Organization. Early detection, assessment and response to acute public health events: Implementation of Early Warning and Response with a focus on Event-Based Surveillance. Geneva, CH: WHO; 2014. [Consulté le 9 sept. 2024]. http://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/112667/WHO_HSE_GCR_LYO_2014.4_eng.pdf;jsessionid=546A35D9CF5150AF45FC41D2FE54B7C7?sequence=1
- Bureau du vérificateur général du Canada. Préparation en cas de pandémie, surveillance et mesures de contrôle aux frontières. Rapports de la vérificatrice générale du Canada au Parlement du Canada. Rapport 8. Ottawa, ON : BVC; 2021. [Consulté le 5 sept. 2024]. <https://www.canada.ca/fr/verificateur-general/notre-travail/rapports-daudit/parl-oag-202103-03-e.html>
- Hamblion E, Saad NJ, Greene-Cramer B, Awofisayo-Okuyelu A, Selenic Minet D, Smirnova A, Engedashet Tachelew E, Kaasik-Aaslav K, Alexandrova Ezerska L, Lata H, Allain loos S, Peron E, Abdelmalik P, Perez-Gutierrez E, Almiron M, Kato M, Babu A, Matsui T, Biaukula V, Nabeth P, Corpuz A, Pukkila J, Cheng KY, Impouma B, Koua E, Mahamud A, Barboza P, Socé Fall I, Morgan O; World Health Organization Public Health Intelligence teams. Global public health intelligence: World Health Organization operational practices. *PLOS Glob Public Health* 2023;3(9):e0002359. DOI PubMed
- European Centre for Disease Prevention and Control. Weekly threats reports. Stockholm, SE: ECDC; 2024. [Consulté le 6 sept. 2024]. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-and-data/monitoring/weekly-threats-reports>
- UK Health Security Agency. Guidance: Epidemic intelligence activities. London, UK: UKHSA; 2022. [Consulté le 6 sept. 2024]. <https://www.gov.uk/government/publications/emerging-infections-and-zoonoses-epidemic-intelligence-scanning-procedures/epidemic-intelligence-scanning-process>
- Anand SP, Tam CC, Calvin S, Ayache D, Slywchuk L, Lambraki I, Ahmad R, Waddell JT, Galanis E, Vrbova L. Estimation des risques de santé publique liés aux maladies infectieuses : une approche canadienne de l'évaluation rapide des risques. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2024;50(9):308–20. DOI
- RAND Methodological Guidance for Conducting and Critically Appraising Delphi Panels. RAND Corporation; 2023. [Consulté le 19 août 2024]. <https://www.rand.org/pubs/tools/TLA3082-1.html>
- RStudio Team. RStudio: Integrated Development for R. Boston, MA: RStudio, Inc.; 2019. <http://www.rstudio.com/>
- Braun V, Clarke V. Using thematic analysis in psychology. *Qual Res Psychol* 2006;3(2):77–101. DOI
- Brankston G, Bagree E, Ahmad R, Dulong C, Elliott C, Galanis E. Assessing Public Health Threats: An Overview of Coordinated Threat Assessment at the Public Health Agency of Canada. Manuscrit non publié 2025.
- Nasa P, Jain R, Juneja D. Delphi methodology in healthcare research: how to decide its appropriateness. *World J Methodol* 2021;11(4):116–29. DOI PubMed



Évaluation des menaces pour la santé publique : un aperçu de l'évaluation coordonnée des menaces au sein de l'Agence de la santé publique du Canada

Gabrielle Brankston^{1*}, Ekim Bagree¹, Rukshanda Ahmad¹, Camille Dulong¹, Catherine Elliott¹, Eleni Galanis^{1,2}, Jacqueline Middleton¹, Amrit Sandhu¹, Lindsay Whitmore¹

Résumé

Contexte : La détection précoce, l'évaluation et la communication des menaces pour la santé publique sont des activités essentielles pour atténuer les répercussions sur la santé publique en garantissant le déploiement en temps utile d'une intervention appropriée. L'Agence de la santé publique du Canada (ASPC) utilise une méthodologie standardisée pour consolider l'expertise scientifique et technique sur une base hebdomadaire afin de caractériser et d'évaluer systématiquement les signaux émergents en matière de santé publique et de communiquer les évaluations aux décideurs.

Méthodes : Le processus d'évaluation coordonnée des menaces de l'ASPC et la méthodologie standardisée utilisée pour caractériser et évaluer les menaces sont décrits.

Résultats : La méthodologie d'évaluation coordonnée des menaces utilise une méthode standardisée qui comprend la mobilisation d'experts en la matière au sein de l'ASPC pour évaluer, documenter et communiquer la caractérisation de chaque menace. Trois attributs clés sont utilisés pour évaluer chaque menace en fonction du risque pour la santé humaine, du risque pour le Canada et de la possibilité que le Canada ne dispose pas de mesures de contrôle suffisantes pour gérer une menace précise. Des critères qualitatifs pour chaque attribut de la menace sont utilisés pour évaluer une menace comme étant « élevée », « modérée » ou « faible ». L'évaluation globale est basée sur les trois attributs de la menace et s'accompagne d'une justification narrative à l'appui du niveau de menace attribué.

Conclusion : La méthodologie standardisée d'évaluation des menaces constitue un processus coordonné et systématique permettant de caractériser et d'évaluer les menaces pour la santé publique de manière cohérente et opportune. Le cadre reflète les éléments importants à prendre en compte en matière de priorité pour la santé publique, offre une certaine souplesse dans les indicateurs utilisés afin de caractériser une menace pour la santé publique et s'applique à toute menace préoccupante pour la santé publique.

Citation proposée : Brankston G, Bagree E, Ahmad R, Dulong C, Elliott C, Galanis E, Middleton J, Sandhu A, Whitmore L. Évaluation des menaces pour la santé publique : un aperçu de l'évaluation coordonnée des menaces au sein de l'Agence de la santé publique du Canada. *Relevé des maladies transmissibles au Canada*, 2026;52(5):195–202. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v52i05a02f>

Mots-clés : santé publique, évaluation des menaces, outil, méthode, cadre, renseignements sur la santé publique

Introduction

Les renseignements sur la santé publique sont une fonction centrale de la santé publique visant à détecter, évaluer, interpréter et communiquer des informations en vue d'une prise de décision éclairée pour protéger la santé de la population (1).

Ces activités sont essentielles pour atténuer les répercussions sur la santé publique en garantissant le déploiement en temps utile d'une intervention appropriée et sont en place dans les organismes de santé publique infranationaux, nationaux et

Cette oeuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale Creative Commons Attribution 4.0.



Affiliations

¹ Direction des sciences appliquées en santé publique, Agence de la santé publique du Canada, Ottawa, ON

² École de santé publique et de santé des populations, Université de la Colombie-Britannique, Vancouver, BC

*Correspondance :

gabrielle.brankston@phac-aspc.gc.ca



internationaux (2–4). Certains organismes suivent une approche centralisée dans le cadre de laquelle une équipe centrale est responsable de toutes les étapes, y compris la détection, l'évaluation et la communication des signaux (2,4). D'autres suivent une approche de dissémination, la responsabilité de ces activités étant répartie entre différentes équipes au sein de l'organisme (5).

Dans le cadre des activités de renseignement sur la santé publique, l'évaluation des menaces est une caractérisation précoce de haut niveau de l'importance pour la santé publique d'un signal ou d'un événement précis (4) à l'aide de données et de renseignements provenant de plusieurs sources, ainsi que de l'avis d'experts (6). Les indicateurs d'importance pour la santé publique sont mesurés de différentes manières par les différents organismes de santé publique; toutefois, des facteurs tels que les répercussions sur la santé de la population, le potentiel d'exposition ou de transmission et la disponibilité de mesures de contrôle de la santé publique sont souvent pris en compte (2–4). Le processus d'évaluation des menaces peut s'avérer difficile en raison de données limitées ou émergentes; toutefois, une méthodologie standardisée garantit que toutes les menaces pour la santé publique sont caractérisées à l'aide d'une approche cohérente afin d'éclairer une intervention en matière de santé publique proportionnelle au niveau de la menace (6).

L'évaluation des menaces de l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC) est standardisée par le biais du processus d'évaluation coordonnée des menaces (ECM), qui a été établi en réponse aux recommandations identifiées par la vérificatrice générale du Canada en 2021 pour renforcer son processus d'évaluation des risques et sa coordination afin d'orienter l'intervention en matière de santé publique (7). Située dans un spectre d'activités d'évaluation des risques, l'ECM est une approche propre à l'ASPC qui consolide les données, les informations et l'expertise en la matière sur une base hebdomadaire afin d'évaluer systématiquement les signaux émergents en matière de santé publique qui peuvent constituer une menace pour le Canada et qui pourraient nécessiter d'autres mesures de santé publique. Grâce au processus d'ECM, un rapport hebdomadaire sur les menaces est produit et partagé avec les partenaires de la santé publique afin de documenter et de communiquer une évaluation préliminaire et de haut niveau des menaces émergentes pour la santé publique. Cet article présente une vue d'ensemble du processus d'ECM de l'ASPC et une description de la méthodologie utilisée pour évaluer les menaces. Le **tableau 1** contient une liste de termes associés à l'évaluation des menaces et leurs définitions.

Tableau 1 : Définitions des termes techniques associés à l'évaluation des menaces pour la santé publique de l'Agence de la santé publique du Canada

Terme technique	Définition
Danger	Tout ce qui est susceptible de causer un préjudice (8).
Signal	Données ou renseignements représentant un risque aigu potentiel pour la santé humaine. Les signaux peuvent consister en des rapports de cas ou de décès (individuels ou agrégés) ou d'exposition potentielle d'êtres humains à des dangers (9).
Événement	Un signal qui a été évalué et vérifié (9).
Menace	Un événement qui a été réévalué comme ayant le potentiel (direct ou indirect) de causer un préjudice aux Canadiens ou aux personnes vivant au Canada et qui peut nécessiter des mesures supplémentaires (10).
Risque	Fonction de la probabilité qu'un événement ou une menace pour la santé publique ne se produise et de l'ampleur des répercussions s'il se produit (11).

Méthodes

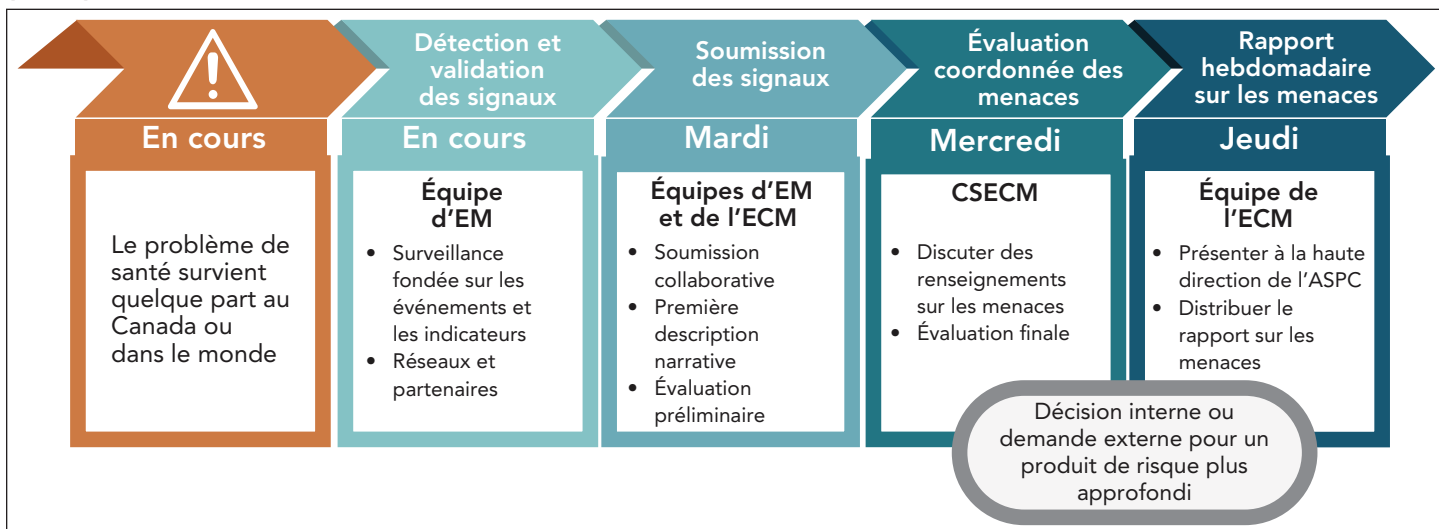
Méthode d'évaluation coordonnée des menaces

Processus global

Le processus d'évaluation des menaces commence lorsque l'ASPC détecte un signal indiquant un risque pour la santé humaine au Canada ou à l'étranger (**figure 1**). Les signaux de menaces pour la santé publique peuvent être liés à un nouveau danger ou à un changement dans l'épidémiologie d'un danger existant. Il s'agit notamment d'une augmentation de la morbidité ou de la mortalité chez les animaux ou les êtres humains, d'un changement dans la répartition géographique ou temporelle d'un danger donné, d'une grappe inattendue de cas ou de décès, de l'émergence ou de la réémergence d'un agent pathogène et de dangers susceptibles de provoquer une morbidité ou une mortalité importante chez les êtres humains.

Détection et validation des signaux : Les signaux sont détectés par diverses sources, notamment les notifications des partenaires infranationaux, nationaux et internationaux, ainsi que les systèmes de surveillance fondés sur les événements ou les indicateurs (6,12). Des experts en la matière (EM) au sein de l'ASPC valident les signaux pour déterminer s'ils sont susceptibles de constituer une menace pour le Canada. Le processus d'évaluation de la menace est lancé pour les signaux qui répondent aux critères de soumission décrits dans le cadre d'évaluation des menaces, décrit ci-dessous.

Figure 1 : Vue d'ensemble du cycle hebdomadaire d'évaluation coordonnée des menaces de l'Agence de la santé publique du Canada



Abréviations : ASPC, Agence de la santé publique du Canada; CSECM, Comité scientifique pour l'évaluation coordonnée des menaces; ECM, évaluation coordonnée des menaces; EM, experts en la matière

Évaluation : Une évaluation préliminaire des menaces est effectuée par l'EM qui présente une demande, en collaboration avec l'équipe de l'ECM, au moyen de la méthode standardisée. L'évaluation finale des menaces est déterminée lors d'une réunion hebdomadaire du Comité scientifique pour l'évaluation coordonnée des menaces (CSECM), qui est composé d'experts scientifiques et techniques en santé publique possédant un large éventail de compétences au sein de l'ASPC. La consolidation des avis d'experts à l'aide d'un outil d'évaluation standardisé permet de mesurer de manière transparente et systématique le niveau de la menace pour la santé publique. Des évaluations de risques supplémentaires sont envisagées pour les menaces complexes ou celles qui nécessitent une évaluation plus approfondie selon les EM (13). Les menaces sont réévaluées chaque semaine en fonction de l'évolution de la situation et des informations disponibles.

Communication et documentation : Une communication claire et en temps opportun du niveau de la menace à la haute direction de l'ASPC favorise une compréhension commune et éclairée de la menace afin d'appuyer la prise de décision concernant les mesures à prendre. Le rapport hebdomadaire sur les menaces documente le signal, l'évaluation et la justification, ainsi que les mesures de santé publique prises par l'ASPC pour faire face à la menace.

Une équipe centrale composée d'épidémiologistes et d'un directeur médical coordonne le processus. Les programmes principaux et de soutien de l'ASPC associés à chaque menace sélectionnent un représentant pour contribuer à la soumission écrite et à la présentation orale au CSECM. Des experts en la matière dans divers domaines, y compris l'évaluation des risques, se réunissent lors des réunions du CSECM pour discuter de l'évaluation des menaces pour chaque soumission et la finaliser.

Résultats

Cadre d'évaluation des menaces

L'évaluation des menaces de l'ASPC utilise un cadre standard qui implique l'évaluation de trois attributs de la menace caractérisant l'importance de l'événement pour la santé publique et un niveau de la menace global associé à l'événement (figure 2) (14). Le cadre peut être utilisé pour caractériser les menaces pesant sur la population générale ou un sous-groupe en particulier, qui peut inclure des populations présentant un risque accru de préjudice grave en raison de facteurs biologiques (p. ex., immunodépression, âge), socio-économiques (p. ex., accès aux soins) ou géographiques. L'incertitude relative aux données utilisées pour caractériser une menace peut élever le niveau d'évaluation de l'un des attributs ou l'évaluation globale.

Attributs de la menace

Chacun des attributs de la menace est évalué individuellement et se voit attribuer un niveau « élevé », « modéré » ou « faible » sur la base des définitions du tableau 2. Ces définitions offrent une certaine souplesse dans les indicateurs utilisés pour caractériser une menace et peuvent être appliquées à n'importe quelle menace pour la santé publique.

Risque pour la santé humaine : Reflète la gravité du risque pour la santé humaine (tableau 2). Les indicateurs à prendre en compte pour cet attribut sont la morbidité, la mortalité, le taux de létalité et la charge de morbidité en ce qui a trait au bien-être physique, mental ou social. Lors de l'évaluation du risque pour la santé humaine, les conséquences pour la santé généralement associées à la population la plus susceptible d'être touchée sont prises en compte. Le niveau attribué à cet attribut peut varier en fonction du contexte de la situation évaluée. Par exemple, un foyer d'un agent pathogène entérique touchant principalement



Figure 2 : Cadre de soumission et d'évaluation des menaces

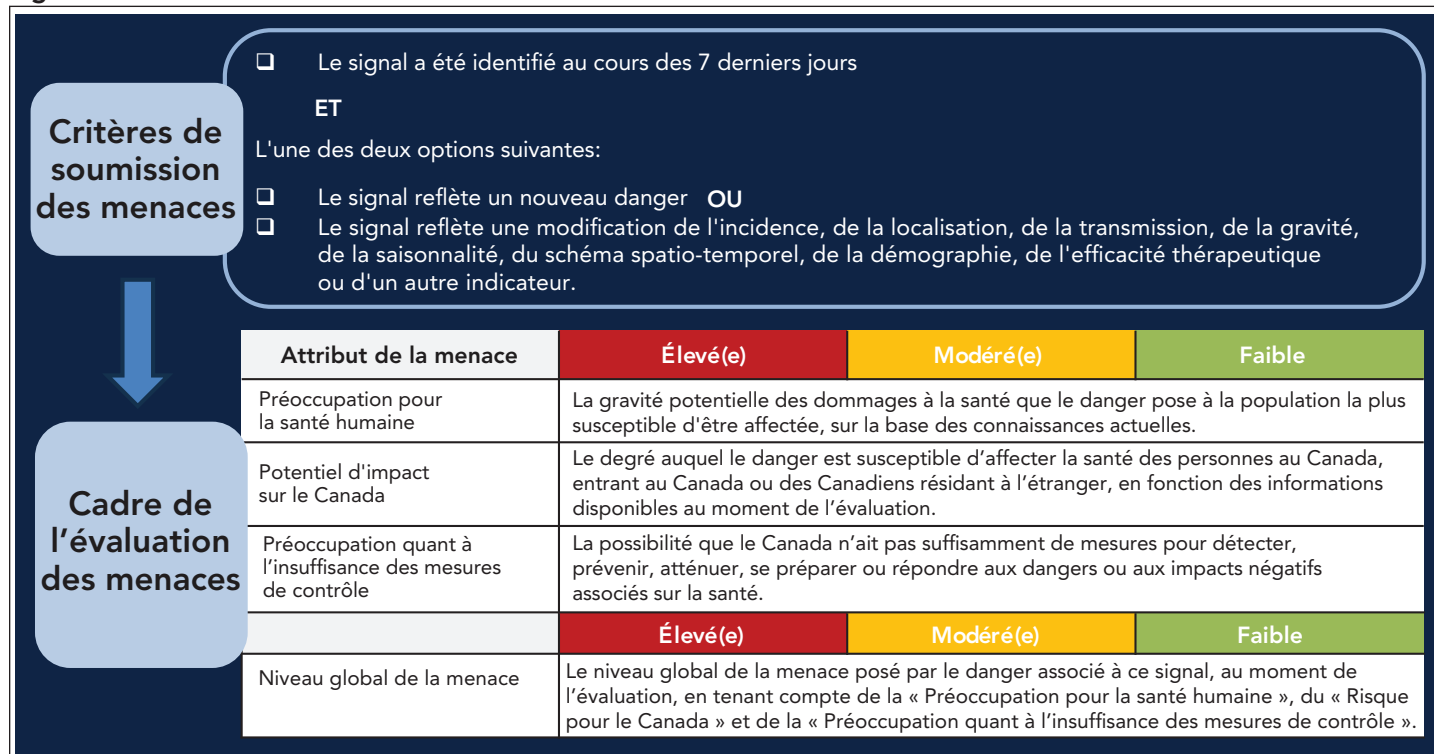


Tableau 2 : Définitions associées à chaque attribut de la menace

Attribut de la menace	Élevée	Modérée	Faible
Risque pour la santé humaine	Ce danger présente ou est susceptible de présenter un risque grave pour la santé de la population la plus susceptible d'être touchée (p. ex., un danger qui met généralement la vie en danger et/ou qui a des conséquences permanentes ou à long terme sur la santé).	Ce danger présente ou est susceptible de présenter un risque modéré pour la santé de la population la plus susceptible d'être touchée (p. ex., un danger qui est généralement associé à des effets graves mais non mortels sur la santé ou qui a généralement des conséquences non permanentes ou à court terme sur la santé).	Ce danger présente ou est susceptible de présenter un risque mineur pour la santé de la population la plus susceptible d'être touchée (p. ex., un danger qui est généralement autolimitatif ou associé à des conséquences minimales pour la santé).
Risque pour le Canada	Le danger présente actuellement ou potentiellement un risque pour un grand nombre de personnes dans la population générale ou dans des sous-groupes précis au Canada, de personnes arrivant au Canada, et/ou de résidents du Canada à l'étranger.	Le danger présente actuellement ou potentiellement un risque pour un nombre modéré de personnes dans la population générale ou dans des sous-groupes précis au Canada, de personnes arrivant au Canada, et/ou de résidents du Canada à l'étranger.	Le danger présente actuellement ou potentiellement un risque pour un nombre minimal de personnes dans la population générale ou dans des sous-groupes précis au Canada, de personnes arrivant au Canada, et/ou de résidents du Canada à l'étranger. OU Il est peu probable que le danger présente un risque pour des personnes se trouvant au Canada, des personnes arrivant au Canada, et/ou des résidents du Canada à l'étranger.
Risque d'insuffisance des mesures de contrôle	Il n'existe actuellement aucun mécanisme connu permettant de détecter, de prévenir, d'atténuer, de se préparer et/ou de répondre aux répercussions de ce danger sur le Canada ^a . OU Il existe peut-être des mécanismes permettant de détecter, de prévenir, d'atténuer, de se préparer et/ou de répondre aux répercussions de ce danger sur le Canada, mais ils sont considérés comme expérimentaux, à efficacité inconnue ou non disponibles. OU La mise en œuvre des mesures nécessaires nécessitera beaucoup de ressources.	Il existe des mécanismes permettant de détecter, de prévenir, d'atténuer, de se préparer et/ou de répondre aux répercussions de ce danger sur le Canada ^a , mais ils peuvent présenter des problèmes d'efficacité, de disponibilité ou de déploiement. OU La mise en œuvre des mesures nécessaires peut nécessiter des ressources accrues.	Il existe des mécanismes efficaces, disponibles et faciles à déployer permettant de détecter, de prévenir, d'atténuer, de se préparer et/ou de répondre aux répercussions de ce danger sur le Canada ^a . OU Les interventions de routine sont adéquates (c.-à-d., il n'est pas nécessaire de mettre en œuvre des mesures de contrôle supplémentaires).

^a « Canada » désigne les personnes vivant au Canada, les personnes arrivant au Canada, et/ou les résidents du Canada à l'étranger



des populations présentant un risque élevé de maladie grave (p. ex., des enfants de moins de cinq ans) peut se voir attribuer un niveau plus élevé que le même agent pathogène touchant un groupe d'adultes jeunes ou d'âge moyen.

Risque pour le Canada : Décrit le nombre d'individus ou la proportion d'une population qui sera potentiellement touchée par un danger (tableau 2). Parmi les exemples d'indicateurs à prendre en compte figurent la transmissibilité d'un agent pathogène, la répartition des vecteurs de maladies au Canada et la portée géographique d'un danger, tel que la fumée de feux de forêt. Le nombre de personnes potentiellement ou actuellement touchées qui serait considéré comme élevé, modéré ou faible variera en fonction du contexte de l'événement. Par exemple, un attribut « élevé » peut désigner une grande proportion d'un sous-groupe particulier au sein du Canada ou un grand nombre de personnes dans la population générale.

Risque d'insuffisance des mesures de contrôle : Concerne la capacité du Canada à participer à des activités de santé publique afin de détecter un danger ou d'y répondre (tableau 2). Les activités liées à la détection, à la prévention, à l'atténuation, à la préparation ou à l'intervention peuvent s'appliquer à différents stades d'un événement. Par exemple, « détection » fait référence à la question de savoir si le Canada dispose d'une

capacité de surveillance et/ou de laboratoire suffisante pour détecter un danger en cas d'entrée sur son territoire et doit être prise en compte dans l'évaluation des menaces qui ne sont pas encore arrivées au Canada. En revanche, « prévention » et « intervention » font référence à la question de savoir si le Canada dispose de mécanismes, tels que des vaccins, des traitements, des protocoles de sécurité et des lignes directrices, pour empêcher la propagation du danger. En outre, certaines mesures de contrôle dépendent de la connaissance de la source du danger avant d'être mises en œuvre. Par exemple, le risque d'insuffisance des mesures de contrôle peut être évalué à un niveau plus élevé dans le cas d'une vague d'intoxication alimentaire dont la source n'est pas connue, car la mise en œuvre d'un rappel d'aliments, une mesure de contrôle efficace, dépend de la connaissance de la source de la vague.

Évaluation globale de la menace

L'évaluation globale de la menace fournit une évaluation unique qui communique le niveau de la menace, permettant aux décideurs de mieux comprendre pourquoi une mesure de santé publique est nécessaire pour une menace donnée. Ces trois attributs sont pris en compte lors de l'évaluation globale, même s'ils n'ont pas tous le même poids. Comme indiqué dans le **tableau 3**, un agent pathogène associé à des conséquences graves ou fatales peut être considéré comme présentant un

Tableau 3 : Un exemple utilisant la méthode d'évaluation des menaces de l'Agence de la santé publique du Canada

Résumé de la situation			
L'Agence de la santé publique du Canada a été informée que le ministère de la Santé du pays X a signalé une épidémie de fièvre hémorragique qui a entraîné plusieurs décès. La majorité des cas et des décès concerne le personnel soignant de deux établissements de santé. D'autres contacts ont été identifiés et font l'objet d'un suivi. La transmission du virus nécessite un contact étroit avec les fluides corporels d'une personne infectée. Le gouvernement du pays X coordonne l'intervention, notamment la recherche de cas, la recherche des contacts, la mise en œuvre de mesures de prévention et de contrôle de l'infection dans les établissements de santé, la communication des risques et l'évaluation de vaccins et de traitements possibles en vue d'essais cliniques. Le pays X a également mis en place des mesures de contrôle aux frontières pour empêcher les cas potentiels de voyager en dehors du pays. Il n'existe aucun traitement ni aucun vaccin approuvé. Les programmes de l'Agence de la santé publique du Canada ont consulté les données sur les voyages et estiment que le nombre mensuel de voyageurs entre le Canada et le pays X au cours des trois prochains mois est faible.			
Attribut de la menace	Élevée	Modérée	Faible
Risque pour la santé humaine	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Risque pour le Canada	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
Risque d'insuffisance des mesures de contrôle	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
Évaluation globale de la menace	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
Justification du niveau d'évaluation des menaces			
Le niveau de la menace global est jugé faible pour le Canada au moment de l'évaluation. Le risque pour la santé humaine est jugé « élevé », car la maladie X est une maladie grave, souvent mortelle pour les êtres humains. Les taux de létalité varient de 24 à 88 % en fonction de la souche du virus et de la prise en charge. Le risque pour le Canada est jugé « faible » puisqu'il n'y a pas de cas au Canada et le pays X a mis en œuvre des mesures appropriées de prévention et de contrôle des infections, y compris des mesures aux frontières, pour empêcher la propagation du virus en dehors de la région touchée. En outre, le nombre de voyages entre le Canada et le pays X est relativement faible. Le risque d'insuffisance des mesures de contrôle est jugé « faible ». Il n'existe pas de vaccin ou de traitement approuvé pour ce virus, mais le Canada dispose de capacités suffisantes pour détecter les cas et prendre des mesures pour limiter la propagation si un cas associé à un voyage est détecté.			



risque faible s'il est peu probable qu'il soit présent au Canada et s'il peut être géré efficacement le cas échéant. Compte tenu de la subjectivité de cette approche, le niveau final de l'évaluation globale est déterminé par consensus au cours des réunions du CSECM.

Justification de l'évaluation globale de la menace

Une justification narrative du niveau global d'évaluation de la menace fournit le contexte dans lequel chaque menace est évaluée et justifie le niveau de la menace attribué sur la base des informations utilisées pour effectuer l'évaluation. La justification décrit le niveau de chaque attribut de la menace et la manière dont il contribue à l'évaluation globale de la menace. Il s'agit notamment de toute nuance dans le raisonnement qui soutient le niveau choisi pour les différents attributs de la menace et l'évaluation globale de la menace, les principales lacunes en matière d'information et l'incertitude associée à l'évaluation.

Discussion

Le processus d'évaluation coordonnée des menaces de l'ASPC a été créé en réponse aux recommandations du rapport de 2021 de la vérificatrice générale du Canada sur la préparation aux pandémies, la surveillance et les mesures à la frontière à la suite de la pandémie de COVID-19 (7). L'objectif du processus d'évaluation coordonnée des menaces de l'ASPC est de fournir à la haute direction de l'ASPC un aperçu rapide et opportun des menaces à l'aide d'une méthode standardisée. Ce processus fournit une approche scientifique systématique pour évaluer les diverses menaces de l'ensemble des programmes de l'ASPC en consolidant les données émergentes et les avis des EM sur une base hebdomadaire. Le processus mis en place à l'ASPC optimise la capacité à prévoir, détecter, comprendre et répondre aux menaces pour la santé publique par la communication d'évaluations opportunes et de mesures correspondantes pour les partenaires de la santé publique au sein de l'ASPC et partout au Canada.

Bien que les organismes de santé publique varient dans leurs processus et leurs priorités en matière de risques, de nombreux organismes utilisent un outil standard afin de caractériser et d'évaluer les menaces pour la santé publique (2–5). L'outil standardisé d'évaluation des menaces de l'agence de la santé publique du Canada reflète trois éléments clés à prendre en compte en matière d'importance pour la santé publique, garantissant ainsi l'application d'une méthodologie cohérente à une grande variété de menaces, avec des résultats transparents.

Limites

Un principe essentiel du cadre d'évaluation des menaces est que l'application des attributs de la menace est qualitative et souple et qu'elle peut être appliquée à toute menace pour

la santé publique du Canada. La souplesse dans l'application du cadre est essentielle, étant donné l'étendue des données et des renseignements qui peuvent être utilisés pour éclairer l'évaluation. Par exemple, un événement lié à un agent pathogène utilisera des indicateurs différents pour attribuer un niveau à des attributs de la menace individuels par rapport à un événement lié à une catastrophe naturelle. Le premier peut caractériser le risque pour la santé humaine en utilisant le taux de létalité, tandis que le second peut s'appuyer sur la charge de préjudice pour la santé mentale. La justification de l'évaluation des menaces fournit le contexte du niveau choisi et garantit la transparence de l'évaluation, quels que soient les indicateurs utilisés pour parvenir au niveau d'évaluation.

La nature qualitative des définitions de l'évaluation des menaces peut rendre difficile l'attribution d'un niveau « élevé », « modéré » ou « faible » pour chaque section en l'absence de lignes directrices quantitatives. Toutefois, cette subjectivité permet à des experts d'influencer l'évaluation des menaces et de pondérer les attributs de la menace en fonction du contexte de l'événement. L'approche permet également de prendre en compte les opinions divergentes, qui sont discutées lors des réunions du CSECM et résolues par un consensus de groupe.

Certains organismes de santé publique adoptent une approche tous risques (2), tandis que d'autres se concentrent sur les maladies infectieuses (3,4). Au moment de la rédaction du présent document, la majorité des menaces évaluées par l'ASPC étaient liées à des maladies infectieuses; toutefois, un petit nombre de menaces liées à des maladies non infectieuses ont été incluses dans le rapport sur les menaces (p. ex., les risques environnementaux, la mésinformation et la désinformation). Bien que ces signaux relèvent souvent de la responsabilité d'autres ministères, des travaux sont en cours pour élargir la portée du processus de l'ECM afin d'inclure un éventail plus large de dangers pour la santé (15,16). Reconnaisant la nature de plus en plus interconnectée et complexe des risques naturels et anthropiques et leurs répercussions potentielles sur la santé (16), une approche qui comprend les risques infectieux et non infectieux accroît l'efficacité en reconnaissant et en intégrant des éléments communs d'évaluation de menaces pour tous les types de dangers. Par conséquent, le cadre d'évaluation des menaces décrit dans le présent document a été conçu en gardant à l'esprit une approche inclusive et devrait continuer à s'appliquer à l'évaluation des menaces associées à divers types de dangers.

Conclusion

En résumé, les renseignements sur la santé publique, y compris l'évaluation des menaces, sont un élément clé de l'infrastructure de la santé publique. L'évaluation préliminaire des menaces peut s'avérer difficile en raison des informations limitées et émergentes; toutefois, une méthode standardisée permet de caractériser toutes les menaces pour la santé publique à l'aide d'une approche cohérente. La mise en œuvre de l'ECM dans l'ensemble de l'ASPC a amélioré le processus et la transparence



des activités d'évaluation des risques et favorise les relations en partageant les résultats avec les partenaires de la santé publique.

Déclaration des auteurs

G. B. — Conceptualisation, administration du projet, rédaction—version originale, rédaction—révision et édition

E. B. — Rédaction de la version originale, rédaction—révision et édition

R. A. — Conceptualisation, rédaction—révision et édition, supervision

C. D. — Administration du projet, rédaction—révision et édition

C. E. — Conceptualisation, rédaction—révision et édition

E. G. — Conceptualisation, rédaction—révision et édition, supervision

J. M. — Administration du projet, rédaction—révision et édition

A. S. — Administration du projet, rédaction—révision et édition

L. W. — Conceptualisation, rédaction—révision et édition, supervision

Intérêts concurrents

Aucun.

Identifiants ORCID

Aucun.

Remerciements

Aucun.

Financement

Ce travail a été soutenu par l'Agence de la santé publique du Canada.

Références

1. UNTERM. Le portail terminologique des Nations Unies. Département de l'Assemblée Générale et la gestion des conférences [Consulté le 11 sept. 2024]. <https://unterm.un.org/unterm2/fr/view/2b406931-845d-4e66-a6fe-b464ee3d6573>
2. Hamblion E, Saad NJ, Greene-Cramer B, Awofisayo-Okuyelu A, Selenic Minet D, Smirnova A, Engedashet T, Helew E, Kaasik-Aaslav K, Alexandrova Ezerska L, Lata H, Allain I, Peron E, Abdelmalik P, Perez-Gutierrez E, Almiron M, Kato M, Babu A, Matsui T, Biaukula V, Nabeth P, Corpuz A, Pukkila J, Cheng KY, Impouma B, Koua E, Mahamud A, Barboza P, Socé Fall I, Morgan O; World Health Organization Public Health Intelligence teams. Global public health intelligence: world Health Organization operational practices. *PLOS Glob Public Health* 2023;3(9):e0002359. DOI PubMed
3. European Centre for Disease Prevention and Control. Weekly threats reports. Stockholm, SE: ECDC; 2024. [Consulté le 6 sept. 2024]. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-and-data/monitoring/weekly-threats-reports>
4. UK Health Security Agency. Guidance: Epidemic intelligence activities. London, UK: UK Health Security Agency; 2022. [Consulté le 6 sept. 2024]. <https://www.gov.uk/government/publications/emerging-infections-and-zoonoses-epidemic-intelligence-scanning-procedures/epidemic-intelligence-scanning-process>
5. Alharbi NK, Alariqi L, Mantero J, Zeyad L, Mercy K, Xiang N, Calvin S, Ekdahl K, Khan A, Roberts H, Salter M, McGillycuddy C, Brown C, Marble E, Peron E, Corpuz A, AlAttar F, Alawadhi MA, Almohammadi E, Al-Harthy K, Al-Hajri M, Alqabandi S, Almudarra S, Penttinen P; Gulf Center for Disease Control and Prevention. Methods and tools for rapid risk assessments for acute public health emergencies. *J Infect Public Health* 2025;18(12):102965. DOI PubMed
6. World Health Organization. Rapid Risk Assessment of Acute Public Health Events. Geneva, CH: WHO; 2012. <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-HSE-GAR-ARO-2012.1>
7. Bureau du vérificateur général du Canada. Préparation en cas de pandémie, surveillance et mesures de contrôle aux frontières. Rapports de la vérificatrice générale du Canada au Parlement du Canada. Rapport 8. Ottawa, ON : BVC; 2021. [Consulté le 5 sept. 2024]. <https://www.canada.ca/fr/verificateur-general/notre-travail/rapports-daudit/parl-oag-202103-03-e.html>
8. World Health Organization. Exposure assessment of microbiological hazards in foods: Guidelines. Microbiological Risk Assessment Series No. 7. Geneva, CH: WHO; 2008. [Consulté le 9 sept. 2024]. <https://www.who.int/publications/i/item/9241546891>



9. World Health Organization. Early detection, assessment and response to acute public health events: Implementation of Early Warning and Response with a focus on Event-Based Surveillance. Geneva, CH: WHO; 2014. [Consulté le 9 sept. 2024]. <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-HSE-GCR-LYO-2014.4>
10. European Centre for Disease Prevention and Control. Health emergency preparedness for imported cases of high consequence infectious diseases. Stockholm, SE: ECDC; 2019. [Consulté le 1^{er} mai 2023]. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/health-emergency-preparedness-imported-cases-high-consequence-infectious-diseases>
11. Agence de la santé publique du Canada. Évaluations des risques pour les professionnels de la santé publique. Ottawa, ON : ASPC; 2023. [Consulté le 9 sept. 2024]. <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/mesures-interventions-urgence/evaluations-rapides-risques-professionnels-sante-publique.html>
12. Norzin T, Ghiasbeglou H, Patricio M, Romanova S, Zaghlool A, Tanguay F, Zhao L au nom du Réseau mondial d'information en santé publique (RMISP). Surveillance fondée sur les événements : fournir une alerte rapide pour les menaces de maladies transmissibles. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2023;49(2/3):33–9. DOI
13. Anand SP, Tam CC, Calvin S, Ayache D, Slywchuk L, Lambraki I, Ahmad R, Waddell JT, Galanis E, Vrbova L. Estimation des risques de santé publique liés aux maladies infectieuses : une approche canadienne de l'évaluation rapide des risques. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2024;50(9):308–20. DOI
14. Brankston G, Ahmad R, Dulong C, Elliot C, Galanis E, Middleton J. Using a consensus-based approach to build a threat assessment tool for use in a Canadian federal public health setting. Manuscrit non publié. 2024.
15. Sécurité publique Canada. Lignes directrices sur la méthodologie d'évaluation tous risques 2011–2012. Ottawa, ON : Sécurité publique Canada; 2012. [Consulté le 24 oct. 2024]. <https://www.securitepublique.gc.ca/cnt/rsrscs/pblctns/ll-hzrds-sssmnt-archvd/index-fr.aspx>
16. United Nations Office for Disaster Risk Reduction. Hazard definition and classification review: Technical report. Geneva, CH: UNDRR; 2020. [Consulté le 24 oct. 2024]. <https://www.undrr.org/media/47681/download?startDownload=20241024>

Recevez le **RMTC** dans votre boîte courriel

- Connaître les tendances
- Recevoir les directives en matière de dépistage
- Être à l'affût des nouveaux vaccins
- Apprendre sur les infections émergentes
- Recevoir la table des matières directement dans votre boîte courriel

ABONNEZ-VOUS AUJOURD'HUI

Recherche web : RMTC+abonnez-vous





Diagnostic de laboratoire de la coqueluche : enquête sur les méthodes des laboratoires provinciaux de santé publique

Courtney Meilleur^{1*}, Jennifer Grant², Gregory Tyrrell³, Jessica Minion⁴, Paul Van Caesele⁵, Julianne Kus⁶, Brigitte Lefebvre⁷, Todd Hatchette⁸, Guillaume Desnoyers⁹, Lei Jiao¹⁰, Heidi Paulin¹¹, Raymond Tsang¹

Résumé

Contexte : La coqueluche, une maladie respiratoire évitable par la vaccination causée par la bactérie *Bordetella pertussis* (*B. pertussis*), est une maladie à déclaration obligatoire au Canada depuis plus de 100 ans. Toutefois, des cas sont réapparus au Canada et dans le monde en 2023–2024.

Objectif : Examiner l'étendue et la profondeur de la surveillance des souches de coqueluche actuellement effectuée au Canada.

Méthodes : Un questionnaire a été envoyé aux dix laboratoires provinciaux de santé publique pour savoir comment la coqueluche était diagnostiquée ou identifiée en laboratoire, y compris les méthodes de diagnostic par amplification en chaîne par polymérase (PCR), la culture bactériologique, l'identification et la caractérisation des souches telles que le typage moléculaire et les tests de sensibilité aux antibiotiques.

Résultats : Neuf des dix laboratoires provinciaux ont répondu. Cinq laboratoires provinciaux ont déclaré avoir effectué des cultures bactériologiques, dont certaines uniquement à partir d'échantillons testés positifs à la PCR. Le stockage à long terme des spécimens soumis et historiques a eu lieu dans six laboratoires. L'identification de *B. pertussis* a généralement été réalisée par analyse de spectrométrie de masse à temps de vol avec ionisation par désorption laser assistée par matrice (SM MALDI-TOF), bien que des méthodes immunochimiques et basées sur la PCR aient également été utilisées. Un laboratoire a réalisé des tests de sensibilité aux antibiotiques dans des circonstances particulières. Aucun laboratoire n'a effectué de sérotypage des fimbriae ni examiné l'expression d'autres antigènes du vaccin contre la coqueluche. Un laboratoire a utilisé le séquençage du génome entier pour la recherche sur les éclosions. Des analyses diagnostiques par PCR ont été réalisées dans huit des laboratoires ayant répondu au questionnaire et comprennent toujours les cibles génétiques IS481 et pIS1001. Certains laboratoires ont également déclaré avoir utilisé d'autres cibles génétiques pour identifier et distinguer *B. pertussis*, *B. parapertussis*, *B. holmesii* et *B. bronchiseptica*.

Conclusion : Compte tenu de l'augmentation mondiale de la coqueluche et de l'émergence de souches résistantes aux macrolides et déficientes en pertactine, la caractérisation des souches devrait être ajoutée au programme national canadien de surveillance de la coqueluche.

Citation proposée : Meilleur C, Grant J, Tyrrell GJ, Minion J, Van Caesele P, Kus JV, Lefebvre B, Hatchette T, Desnoyers G, Jiao L, Paulin H, Tsang RSW. Diagnostic de laboratoire de la coqueluche : enquête sur les méthodes des laboratoires provinciaux de santé publique. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2026;52(5):203–14. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v52i05a03f>

Mots-clés : coqueluche, programme national de surveillance, recommandations, procédures de diagnostic, caractérisation des souches

Cette oeuvre est mise à disposition selon les termes de la licence internationale Creative Commons Attribution 4.0.



Affiliations

¹ Maladies bactériennes évitables par la vaccination, Laboratoire national de microbiologie, Agence de la santé publique du Canada, Winnipeg, MB

² Centre de contrôle des maladies de la Colombie-Britannique, Vancouver, BC

³ Laboratoire provincial de santé publique, Edmonton, AB

⁴ Roy Romanow Provincial Laboratory, Regina, SK

⁵ Laboratoire provincial Cadham, Winnipeg, MB

⁶ Laboratoire de Santé publique Ontario, Toronto, ON

⁷ Laboratoire de santé publique du Québec, Institut national de santé publique du Québec, Sainte-Anne-de-Bellevue, QC

⁸ Programme de pathologie et de médecine de laboratoire, Régie de la santé de la Nouvelle-Écosse, Halifax, NS

⁹ Laboratoire de santé publique du Nouveau-Brunswick, Centre hospitalier universitaire Dr. Georges-L.-Dumont, Moncton, NB

¹⁰ Laboratoire de santé publique de Terre-Neuve-et-Labrador, St. John's, NL

¹¹ Services de laboratoire provinciaux, Santé Île-du-Prince-Édouard, Charlottetown, PE

*Correspondance :

courtney.meilleur@phac-aspc.gc.ca



Introduction

La coqueluche est causée par la bactérie *Bordetella pertussis* (*B. pertussis*) (1). La coqueluche est une maladie à déclaration obligatoire au Canada depuis 1924 (2). La surveillance de la coqueluche est assurée par les provinces et les territoires qui, à leur tour, signalent sur une base volontaire les cas au Système canadien de surveillance des maladies à déclaration obligatoire de l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC). Les données collectées et validées par ce système sont publiées chaque année en ligne sur le site Web des maladies à déclaration obligatoire (3). L'ASPC soutient également le Programme canadien de surveillance active de l'immunisation (IMPACT) pour la surveillance en milieu hospitalier des cas de coqueluche pédiatrique (4).

Pour lutter contre la coqueluche, un vaccin à germes entiers inactivés a été introduit au Canada en 1943, puis remplacé par un vaccin adsorbé à germes entiers de 1981 à 1985. Finalement, le vaccin acellulaire contre la coqueluche a été introduit en 1997 en raison de sa nature moins réactogène (5). Malgré l'existence d'un vaccin, la coqueluche continue de provoquer des maladies chez les nourrissons, les jeunes enfants, les adolescents et les adultes pour diverses raisons liées à l'hésitation vaccinale, à l'affaiblissement de l'immunité protectrice induite par le vaccin et à la divergence entre les souches actuelles en circulation et les souches vaccinales (6).

Entre 2020 et 2022, les restrictions imposées par la pandémie de COVID-19 ont perturbé les rassemblements sociaux, ce qui a entraîné une diminution du nombre de différentes infections respiratoires, y compris la coqueluche (7). Comme pour d'autres infections respiratoires (8,9), la coqueluche semble connaître une réémergence après la pandémie et causer plus de cas qu'avant la pandémie (10,11). Les données de 29 pays de l'Espace économique européen ont rapporté 1 578 et 2 623 cas de coqueluche en 2021 et 2022, respectivement (12,13). En 2023, le nombre de cas de coqueluche signalés par ces pays a bondi à plus de 25 000 cas et au cours des trois premiers mois de 2024, plus de 32 000 cas ont été signalés (14). En Chine, la coqueluche a augmenté en 2022 et 2023 avec 39 781 et 38 205 cas rapportés, respectivement (15). Au cours des deux premiers mois de 2024, 32 380 cas, dont 13 décès, ont été enregistrés (16). De plus, la maladie n'affecte plus seulement les nourrissons, mais aussi les enfants plus âgés, et une nouvelle souche présentant une résistance aux macrolides et une déficience en pertactine est apparue (17). En Corée du Sud, une épidémie nationale a été déclarée en 2024, le taux d'incidence le plus élevé étant observé chez les personnes de 13 ans, avec 526,2 cas pour 100 000 habitants (18). De plus, la souche résistante aux macrolides semble s'être répandue dans certains pays asiatiques (19). Outre la surveillance de la sensibilité aux macrolides, le Centre européen de prévention

et de contrôle des maladies (ECDC) recommande également d'effectuer un sérotypage, un typage des séquences d'antigènes multilocus et l'expression de l'antigène vaccinal par épreuve immuno-enzymatique (ELISA) ou séquençage génétique (20). Des programmes comparables de surveillance des souches sont également disponibles aux *Centers for Disease Control and Prevention* des États-Unis et à la *Health Security Agency* du Royaume-Uni.

En 2024, l'Organisation panaméricaine de la Santé a également signalé une augmentation de la coqueluche dans plusieurs pays des Amériques, dont les États-Unis, le Brésil, le Mexique et le Pérou (21). Par exemple, des données préliminaires aux États-Unis indiquent que les cas de coqueluche signalés en 2024 ont été multipliés par six par rapport à 2023 (22). Le Canada n'a pas fait exception, plusieurs provinces ayant signalé une augmentation du nombre de cas de coqueluche, entraînant un nombre de cas jamais observé depuis l'introduction des vaccins contre cette maladie. L'augmentation des cas de coqueluche s'est produite dans presque toutes les provinces et tous les territoires (23–29) (*communication personnelle, Dr Paul Van Caesele, 31 mars 2025*). Pour les onze premiers mois de 2024, Santé publique Ontario a signalé 1 634 cas de coqueluche, dont 1 396 cas confirmés et 239 cas probables. Ces données ont mené aux taux d'incidence les plus élevés depuis 2017 chez les enfants de moins d'un an et ceux de 10 à 14 ans (74,2 et 55,2 pour 100 000 habitants, respectivement). Selon la Santé publique du Québec, 16 130 cas de coqueluche ont été enregistrés du 1^{er} janvier au 9 octobre 2024. À Terre-Neuve-et-Labrador, 230 cas confirmés de coqueluche ont été enregistrés dans l'ensemble de la province au 10 septembre 2024.

Compte tenu de la résurgence mondiale de la coqueluche après la pandémie de COVID-19, avec l'émergence de souches résistantes aux macrolides et déficientes en antigènes vaccinaux (30,31), il convient de revoir la capacité du Canada à mettre en place un programme de surveillance national comprenant la caractérisation des souches et des tests de sensibilité aux antibiotiques. C'est dans cette optique que la Direction générale du Laboratoire national de microbiologie de l'ASPC collabore avec les laboratoires de santé publique provinciaux et territoriaux pour examiner comment la coqueluche est diagnostiquée et caractérisée au Canada, afin de comprendre l'étendue et la profondeur de la surveillance de cette maladie dans le pays.

Méthodes

Cette étude visait à obtenir des détails sur le travail de caractérisation des souches, qui peut contribuer à la surveillance



nationale de la coqueluche au Canada. La caractérisation des souches est souvent effectuée dans les laboratoires provinciaux de santé publique, qui servent également de laboratoires de référence pour leur province et les gouvernements territoriaux voisins. La Direction générale du Laboratoire national de microbiologie de l'ASPC entretient des relations de travail étroites avec les agences de santé publique de toutes les provinces et de tous les territoires en tant que partenaires pour les enjeux de microbiologie en santé publique. Cette relation est formalisée sous la forme d'une association nationale de professionnels des laboratoires de santé publique, créée en 2001 sous le nom de Réseau des laboratoires de santé publique du Canada, dont le rôle est de fournir une intervention rapide, coordonnée et unifiée des laboratoires aux maladies infectieuses émergentes et réémergentes (32). Ainsi, les laboratoires de première ligne et les laboratoires hospitaliers, cibles de l'enquête, n'ont pas été inclus.

Par conséquent, le 17 novembre 2024, un courriel a été envoyé aux microbiologistes médicaux ou aux directeurs médicaux de dix laboratoires provinciaux de santé publique, expliquant l'objectif de l'enquête, avec un questionnaire comportant des questions sur la culture bactériologique de *B. pertussis*, la méthode de diagnostic par amplification en chaîne par polymérase (PCR) et la caractérisation des souches. Pour la caractérisation des souches, les questions suivantes ont été posées : 1) la durée de conservation des cultures; 2) l'identification et la caractérisation des cultures, y compris le sérotypage (pour l'expression des antigènes des fimbriae); 3) l'expression d'autres antigènes vaccinaux; 4) le typage moléculaire et 5) les tests de sensibilité aux antibiotiques. Pour les méthodes de diagnostic par PCR, les détails de la méthode utilisée (trousse ou plateforme commerciale ou méthode développée par le laboratoire), les cibles génétiques détectées dans les tests par PCR et les valeurs seuils de positivité ont été inclus dans le questionnaire. Une copie du questionnaire d'enquête se trouve dans l'**appendice** et les participants avaient jusqu'au 31 décembre 2024 pour répondre sur une base volontaire.

Étant donné que le questionnaire ne demandait aucun renseignement personnel et qu'il a été réalisé dans le cadre de l'autonomie du Réseau des laboratoires de santé publique du Canada à des fins de santé publique, l'approbation éthique de la recherche institutionnelle n'a pas été demandée et le consentement éclairé n'a pas été nécessaire puisque la réponse était volontaire. La protection des données n'a été appliquée qu'à l'identification des laboratoires par des numéros, au lieu de nommer le laboratoire lié aux données saisies dans l'enquête. Les questions de l'enquête étaient basées sur des questions reçues par la Direction générale du laboratoire national de microbiologie de la part de praticiens de la santé publique de tout le pays, telles que les schémas de résistance aux antibiotiques et les types de souches trouvées.

Résultats

Neuf des dix laboratoires provinciaux de santé publique ont répondu au questionnaire. Un laboratoire provincial de santé publique n'a pas répondu à l'enquête.

Culture de *Bordetella pertussis* et tests ultérieurs sur les isolats de *Bordetella pertussis*

Cinq laboratoires provinciaux de santé publique ont effectué des cultures bactériologiques d'échantillons primaires pour isoler *B. pertussis*, bien que l'un d'entre eux ait déclaré ne le faire que rarement au cours des dernières années. Trois de ces cinq laboratoires provinciaux ont révélé que seuls les échantillons testés positifs par PCR pour *B. pertussis* étaient soumis à une culture, et l'un de ces laboratoires n'a effectué une culture que sur les échantillons positifs par PCR avec des valeurs de seuil de cycle (Ct) faibles. Six laboratoires provinciaux ont déclaré avoir conservé à long terme (plusieurs années) des isolats de *B. pertussis*. Bien que certains laboratoires aient cessé d'effectuer des cultures primaires, les isolats historiques ont été conservés et stockés. Deux laboratoires provinciaux ont également signalé qu'ils conservaient à $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ les échantillons primaires soumis pour le dépistage de *B. pertussis*.

Parmi les laboratoires effectuant une culture bactériologique primaire ou une identification bactérienne en tant que laboratoire provincial de référence en matière de santé publique, six laboratoires (dont un qui ne fournissait pas de service de culture primaire, mais recevait des échantillons pour des tests d'identification diagnostique de référence) ont identifié *B. pertussis* par temps de vol avec ionisation par désorption laser assistée par matrice (MALDI-TOF). L'un de ces six laboratoires a également utilisé des tests biochimiques tels que l'oxydase, la motilité, la croissance sur gélose MacConkey et le séquençage génétique pour l'identification de *B. pertussis* et d'autres espèces *Bordetella* peu communes, alors qu'un autre laboratoire a également utilisé des tests d'agglutination bactérienne et d'immunofluorescence pour l'identification de *B. pertussis* et de *B. parapertussis*.

Un seul laboratoire a déclaré effectuer des tests de sensibilité aux antibiotiques pour les échantillons de *B. pertussis* à la demande des cliniciens. Aucun laboratoire n'a signalé de typage phénotypique ou génétique, y compris l'expression des antigènes vaccinaux ou le séquençage des gènes des antigènes vaccinaux. Un seul laboratoire a déclaré avoir procédé au séquençage du génome entier de *B. pertussis* et de *B. parapertussis* pour la recherche sur les éclosions. L'étendue de la culture bactériologique à partir d'échantillons primaires et les tests ultérieurs visant à caractériser les souches dans les différents laboratoires provinciaux de santé publique sont résumés dans le **tableau 1**.



Tableau 1 : Culture primaire de *Bordetella pertussis* à partir d'échantillons cliniques, méthode d'identification, tests de sensibilité aux antibiotiques et typage de routine dans les laboratoires provinciaux de santé publique au Canada

Laboratoires	Culture primaire	Méthode d'identification	Test de sensibilité aux antibiotiques	Typage de routine pour la caractérisation des souches	Préservation de la culture	Commentaires
1	Oui	MALDI-TOF plus PCR	Non	Non	Oui, années	-
2	Oui ^a	MALDI-TOF	Oui ^b E-test	Non	Oui, années	Séquençage du génome entier pour la recherche sur les éclosions
3	Oui	MALDI-TOF	Non	Non	Oui, plus de 10 ans	-
4	Oui ^c	MALDI-TOF	Non	Non	Oui, années	-
5	Oui ^d	MALDI-TOF plus agglutination et immunofluorescence ^e	Non	Non	Oui, années	-
6	Non ^f	MALDI-TOF et tests biochimiques (séquençage de l'ARNr 16S si nécessaire)	Non	Non	Oui ^g , années	-
7	Non	s.o.	Non	Non	Non	-
8	Non	s.o.	Non	Non	Non	-
9	Non	s.o.	Non	Non	Non	-
10	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	Pas de réponse

Abréviations : MALDI-TOF, temps de vol avec ionisation par désorption laser assistée par matrice; PCR, amplification en chaîne par polymérase; s.o., sans objet; -, aucun commentaire

^a Uniquement sur les échantillons positifs à la PCR

^b Uniquement à la demande des cliniciens

^c Uniquement lorsqu'ils sont présentés sur des milieux de culture et de transport appropriés

^d Uniquement sur les échantillons positifs à la PCR avec des valeurs de seuil de cycle (Ct) faibles

^e Immunofluorescence

^f Toutefois, reçoit des échantillons suspectés de *Bordetella* en tant que laboratoire provincial de référence pour l'identification

^g Reçoit des échantillons suspectés de *Bordetella* à des fins d'identification

Diagnostic de la coqueluche par amplification en chaîne par polymérase

Trois laboratoires provinciaux de santé publique ont utilisé des trousse ou des plateformes de test disponibles dans le commerce pour le diagnostic en laboratoire de la coqueluche : le RIDA®GENE *Bordetella* de R-Biopharm AG (33), le Simplexa™ *Bordetella* Direct Test de Diasorin (34) et le Solana® *Bordetella* Complete Assay de QuidelOrtho Corporation (35). Cinq autres laboratoires provinciaux ont utilisé des tests développés en laboratoire (TDL) et, bien que les cibles génétiques détectées par des ensembles d'amorces-sondes particuliers dans ces TDL puissent différer, elles comprenaient invariablement IS481 et pIS1001 (pour la détection et la différenciation ou l'identification simultanées de *B. pertussis* et de *B. parapertussis*). Certains laboratoires ont également utilisé des cibles génétiques supplémentaires telles que hIS1001 (pour la détection de *B. holmesii*), BHrecA (pour la détection de *B. holmesii*), bfrZ (pour la détection de *B. bronchiseptica*) et IS1002 (pour la détection de *B. parapertussis*). Les cibles génétiques utilisées dans les tests parPCR dans les différents laboratoires et leur capacité à identifier et à différencier les espèces communes de *Bordetella* sont résumées dans le **tableau 2**. Cinq laboratoires

utilisant des TDL ont également déclaré utiliser les valeurs de Ct pour interpréter les résultats de PCR. Les résultats positifs de PCR pour la coqueluche ont été définis par des valeurs de Ct comprises entre 35 ou moins et moins de 45 (tableau 2).

Discussion

Neuf des dix laboratoires provinciaux de santé publique ont répondu à cette enquête et les données obtenues ont servi de base à ce rapport. Parmi les huit laboratoires provinciaux de santé publique qui fournissent des tests diagnostiques par PCR, cinq sont en mesure de détecter *B. pertussis*, *B. parapertussis* et *B. holmesii*, et trois n'ont pu détecter que *B. pertussis* et *B. parapertussis*. Par conséquent, les laboratoires n'ont pas tous pu identifier avec certitude ces trois espèces les plus importantes par PCR. La culture bactériologique pour récupérer les *B. pertussis* viables des échantillons cliniques n'a été effectuée que dans cinq des laboratoires ayant répondu, et souvent uniquement sur des échantillons cliniques positifs à la PCR. Le test MALDI-TOF était la méthode la plus utilisée pour identifier les cultures de *B. pertussis* (utilisée par tous les laboratoires qui fournissent ce service de diagnostic ou d'identification



Tableau 2 : Cibles génétiques de l'amplification en chaîne par polymérase pour la détection ou le diagnostic moléculaire de *Bordetella pertussis* et d'autres espèces de *Bordetella*

Laboratoires et méthode de PCR	IS481	IS1001	IS1002	hIS1001 (<i>B. holmesii</i>)	bfrZ	BHrecA (<i>B. holmesii</i>)	Valeurs de Ct pour définir les résultats positifs à la PCR	Commentaires
1 ^a	√	√	-	√	√	-	≤ 35	Peut identifier les quatre espèces, y compris <i>B. bronchiseptica</i> avec une PCR propre à l'espèce; cependant, pourrait ne pas identifier la co-infection de Bp et Bh.
2 ^b	√	√	-	√	-	-	s.o.	Peut identifier Bp avec précision dans la plupart des cas, mais pourrait ne pas détecter une co-infection par Bp et Bh; ne peut pas différencier <i>B. para</i> et Bb.
3 ^a	√	√	-	√	-	-	< 45	Peut identifier Bp avec précision dans la plupart des cas, mais pourrait ne pas détecter une co-infection par Bp et Bh; ne peut pas différencier <i>B. para</i> et Bb.
4 ^c	√	√	-	-	-	-	Valeurs seuils intégrées ^d	Peut identifier et différencier Bp et <i>B. para</i> avec précision dans la plupart des cas, cependant, <i>B. para</i> et Bb pourraient être mal identifiées; Bp et Bh pourraient également être mal identifiées.
5 ^a	√	√	-	-	-	√	≤ 36	Méthode décrite dans J Clin Microbiol 2010;48(4):1435-7.
6	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	Sans objet ou n'offre pas de service de diagnostic par PCR au laboratoire provincial de santé publique.
7 ^a	√	√	-	√	-	-	40	Peut identifier Bp avec précision dans la plupart des cas, mais pourrait ne pas détecter une co-infection par Bp et Bh; ne peut pas différencier <i>B. para</i> et Bb.
8 ^a	√	√	√	-	-	-	40	Peut identifier Bp et <i>B. para</i> ; mais dans les échantillons IS481+, IS1001- et IS1002-, la différenciation entre Bp et Bh/Bb n'est pas possible (en raison du fait que Bb pourrait contenir un faible nombre de copies d'IS481). Dans les échantillons IS1001+ et IS1002-, la différenciation entre <i>B. para</i> et Bb n'est pas possible (en raison du fait que Bb pourrait contenir un faible nombre de copies d'IS1001).
9 ^c	√	√	-	-	-	-	Valeurs seuils intégrées ^e	Peut identifier et différencier Bp et <i>B. para</i> avec précision dans la plupart des cas, cependant, <i>B. para</i> et Bb pourraient être mal identifiées; Bp et Bh pourraient également être mal identifiées.
10	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	Pas de réponse

Abréviations : Bb, *Bordetella bronchiseptica*; Bh, *Bordetella holmesii*; Bp, *Bordetella pertussis*; *B. para*, *Bordetella parapertussis*; PCR, amplification en chaîne par polymérase; s.o., sans objet; valeur Ct, valeur seuil du cycle; -, non testé dans ce laboratoire

^a Test développé en laboratoire

^b Trousse commerciale de test de diagnostic

^c Plateforme commerciale de test de diagnostic

^d Environ 37

^e Non fournies, mesure et interprétation du signal de fluorescence



de référence). Cependant, seul un laboratoire effectuait des tests de sensibilité aux antibiotiques par E-test (méthode de l'épsilomètre) à la demande des cliniciens. De plus, aucun des laboratoires n'a effectué de typage de routine des isolats pour comprendre les caractéristiques de la souche *B. pertussis* en circulation. Par conséquent, les résultats de laboratoire actuels n'apportent pas de renseignements supplémentaires pour comprendre comment les caractéristiques des souches pourraient modifier l'épidémiologie de la coqueluche au Canada.

À l'heure actuelle, la surveillance nationale de la coqueluche dépend des provinces et des territoires qui signalent les cas avec un minimum de renseignements démographiques, notamment l'âge et le sexe. La surveillance IMPACT de la coqueluche est axée sur les cas hospitalisés avec quelques renseignements cliniques supplémentaires (4). L'une des lacunes concerne le manque de renseignements sur la bactérie *B. pertussis* qui circule actuellement au Canada, ce qui est nécessaire pour comprendre si l'augmentation du nombre de cas de coqueluche au Canada en 2024 est due à l'expansion d'une souche clonale ou à divers types de souches. La résistance aux antibiotiques macrolides oraux, tels que l'érythromycine ou la clarithromycine, a été signalée ailleurs et pourrait également avoir émergé dans les souches canadiennes en circulation. C'est dans cette optique que les méthodes de laboratoire actuellement utilisées par nos partenaires provinciaux pour la surveillance de cette maladie bactérienne hautement contagieuse ont été examinées.

Comme pour d'autres agents pathogènes courants, la caractérisation des souches est un élément important pour comprendre l'évolution de l'épidémiologie de la coqueluche au Canada et dans le monde. Par exemple, alors qu'il s'agissait principalement d'une maladie infantile, il apparaît aujourd'hui que, selon la localité, une proportion notable de cas survient chez les enfants plus âgés, les adolescents, les adultes ou les personnes âgées. Plusieurs études réalisées à la fin des années 1990 et au début des années 2000 ont décrit des polymorphismes génétiques dans les gènes des antigènes vaccinaux (p. ex., pertactine et anatoxine coquelucheuse), ce qui laisse supposer une divergence entre les souches de *B. pertussis* actuellement en circulation et les souches utilisées pour fabriquer les vaccins (36–40). Des polymorphismes génétiques dans le gène *fim3* qui code pour les fimbriae 3 ou l'antigène du sérotype 3 ont également été observés. Au Canada, depuis les années 1970, la majorité des isolats de *B. pertussis* examinés expriment l'antigène fimbriae 3, mais rarement l'antigène fimbriae 2. De plus, des mutations non synonymes du gène *fim3* ont entraîné des changements d'acides aminés sur un épitope de surface de l'antigène des fimbriae, permettant d'émettre l'hypothèse que ces polymorphismes pourraient être soumis à une pression immunitaire ou à une sélection résultant d'une réponse immunitaire induite par un vaccin ou d'origine naturelle (41). Des études récentes ont également démontré que les changements génétiques qui favorisent l'augmentation de la

production d'anatoxine coquelucheuse (comme l'allèle *ptxP3*) ont été associés à la résurgence de la coqueluche (42). Également, les récents isolats mondiaux de *B. pertussis* sont souvent déficients dans l'expression de l'antigène pertactine, y compris les isolats du Canada (43–48). De plus, sur une période de neuf ans, les échantillons de *B. pertussis* récupérés dans une province pouvaient fluctuer entre différents génotypes et l'expression de l'antigène vaccinal pertactine (49).

Bien que l'on ne comprenne pas entièrement 1) comment ces polymorphismes génétiques dans les gènes des antigènes vaccinaux ou 2) comment les souches n'exprimant pas certains antigènes vaccinaux (tels que les isolats canadiens n'exprimant pas les antigènes fimbriae 2 et pertactine) affecteraient l'efficacité du vaccin, on s'attend à ce qu'une dérive antigénique supplémentaire s'éloignant des souches vaccinales *B. pertussis* et de leurs antigènes codés ait un effet négatif sur l'efficacité du vaccin. Cela souligne donc l'importance d'intégrer la caractérisation des souches dans le programme global de surveillance de la coqueluche au Canada. La caractérisation des souches pourrait également atténuer l'émergence potentielle d'une résistance aux antibiotiques, comme dans le cas d'une forte augmentation du nombre de cas de coqueluche due à l'émergence d'une souche *B. pertussis* résistante à l'érythromycine en Chine (50).

Au Canada, comme dans de nombreux autres pays, la plupart des cas de coqueluche sont diagnostiqués en laboratoire par PCR. Ceci est probablement dû au fait que *B. pertussis* est une bactérie fastidieuse sur le plan nutritionnel qui nécessite des milieux de culture spécialisés et enrichis pour assurer sa croissance. Les milieux de culture couramment utilisés pour l'isolement bactériologique à partir d'échantillons primaires comprennent la gélose Bordet Gengou et la base de gélose charbon Regan-Lowe, qui contiennent de l'amidon ou du charbon pour neutraliser les acides gras et les peroxydes toxiques, du sang de cheval ou de mouton défibriné, et parfois des antibiotiques tels que la céphalexine pour inhiber la flore normale présente dans le nasopharynx. De plus, les bactéries ne peuvent être récupérées qu'au cours des deux premières semaines de la toux, alors que la PCR reste positive jusqu'à trois ou quatre semaines après l'apparition de la maladie. Ainsi, la culture bactérienne est devenue moins populaire dans les laboratoires de première ligne, qui adoptent de plus en plus des tests par PCR capables de détecter et d'identifier simultanément un certain nombre d'agents pathogènes respiratoires (p. ex., le BioFire Respiratory Panel [RP]2.1-EZ, qui peut détecter jusqu'à 19 agents pathogènes respiratoires, y compris *B. pertussis* et *B. parapertussis*). Également, la pratique du diagnostic de la coqueluche par PCR pourrait varier d'une province à l'autre (p. ex., certaines provinces font davantage appel au laboratoire provincial de santé publique pour fournir ce service, alors que d'autres décentralisent les tests). De même, la capacité à détecter les espèces de *Bordetella* (p. ex., *B. holmesii* et



B. bronchiseptica) qui pourrait également provoquer des symptômes de toux varie d'un pays à l'autre.

Les trousse et plateformes de test disponibles dans le commerce ou les TDL pour la détection de la coqueluche par le test d'amplification des acides nucléiques (TAAN) ne permettent pas tous de détecter et de distinguer *B. pertussis*, l'agent responsable de la coqueluche, de *B. parapertussis* et de *B. holmesii*, qui provoquent des symptômes semblables à ceux de la coqueluche. Pour détecter et différencier ces trois espèces de *Bordetella*, un TAAN doit disposer d'amorces ou de sondes particulières qui ciblent ces trois espèces séparément (51,52). L'une de ces cibles génétiques particulières pour *B. pertussis* est *ptxA*. *Bordetella bronchiseptica* pourrait également provoquer des infections respiratoires avec toux chez les personnes immunodéprimées (53). Pour la détection et l'identification de *B. bronchiseptica*, un autre ensemble d'amorces ou de sondes serait nécessaire (54,55). Le défi que représente l'utilisation du TAAN avec un nombre minimal de paires d'amorces et de sondes est dû au fait que, par exemple, *B. holmesii* héberge un faible nombre de copies d'IS481 (56) alors que *B. bronchiseptica* héberge un faible nombre de copies d'IS481 et d'IS1001 (57). Les IS481 et IS1001 sont souvent utilisés dans les tests par PCR pour détecter *B. pertussis* et *B. parapertussis*, respectivement.

Bien que le TAAN puisse être en mesure de détecter et de différencier ou d'identifier d'importantes espèces de *Bordetella* responsables d'infections respiratoires chez l'humain, la nature sensible de cette méthode de laboratoire pourrait nécessiter quelques considérations supplémentaires dans l'interprétation du résultat du test. Tout d'abord, les résultats d'un TAAN pour la coqueluche doivent être interprétés dans le contexte clinique. Par exemple, au Canada, un cas de coqueluche confirmé en laboratoire est défini soit par l'isolement bactériologique de *B. pertussis*, soit par la détection de l'ADN de *B. pertussis* à partir d'un échantillon clinique approprié, ainsi que par au moins une observation clinique compatible, soit une toux qui dure depuis deux semaines ou plus, une toux paroxystique de n'importe quelle durée, une toux accompagnée d'une reprise inspiratoire ou une toux se terminant par des vomissements ou des haut-le-cœur, qui pourrait être associée à une apnée (58). Ensuite, la contamination de l'environnement par l'organisme ou son ADN pourrait entraîner des résultats faussement positifs. Par exemple, des pseudo-éclosions de coqueluche ont été décrites dans la littérature (59–61). C'est pourquoi les *Centers for Disease Control and Prevention* des États-Unis recommandent également que la confirmation par culture d'au moins un cas ait lieu dans le cadre d'une éclosion présumée de coqueluche (62).

En résumé, le maintien de la capacité de culture de *B. pertussis* ainsi que l'identification et la caractérisation des souches, y compris les tests de sensibilité aux antibiotiques, devraient rester disponibles au niveau provincial ou national

en attendant d'autres discussions sur le programme de surveillance le plus rentable qui réponde aux besoins de la santé publique canadienne. Auparavant, le Laboratoire national de microbiologie réalisait le sérotypage à l'aide d'anticorps monoclonaux dirigés contre les fimbriae 2 et 3 de *B. pertussis*, immunobuvardage de type western pour détecter l'expression de l'antigène vaccinal pertactine et le génotypage des gènes des antigènes vaccinaux, notamment la sous-unité A de l'anatoxine coquelucheuse et la région promotrice de l'anatoxine coquelucheuse, le fimbriae 3, la pertactine et l'hémagglutinine filamenteuse (41,43,49).

En 2002, le gouvernement du Canada a organisé une conférence nationale de consensus sur la coqueluche avec des recommandations concernant le diagnostic de laboratoire et la surveillance (63). Par la suite, le Laboratoire national de microbiologie a réuni des experts canadiens de la coqueluche dans le cadre d'un atelier afin de discuter des recommandations sur le diagnostic de laboratoire et la surveillance formulées lors de la conférence nationale de consensus. L'un des plans d'action de cet atelier consistait à mettre en place un groupe de travail pour discuter de la mise en œuvre d'un programme national de caractérisation des souches (64). En raison de priorités concurrentes, ce plan a été suspendu, mais compte tenu de la résurgence mondiale de la coqueluche, de l'inquiétude suscitée par la résistance aux antibiotiques et de la circulation de souches n'exprimant pas les antigènes vaccinaux, il est peut-être temps de réexaminer ce plan et de le mettre en œuvre.

Limites

Les limites de cette étude comprennent le fait que l'enquête n'a pas été envoyée aux laboratoires de première ligne (y compris les laboratoires médicaux privés), aux laboratoires hospitaliers et aux laboratoires régionaux de santé publique. Ainsi, d'importants laboratoires pourraient avoir été omis, alors qu'ils pourraient fournir des cultures bactériologiques pour le diagnostic de la coqueluche en laboratoire, ainsi que la technologie de PCR globale proposée pour la détection de cette maladie, y compris les plateformes de diagnostic moléculaire couramment utilisées telles que le BioFire Respiratory Panel [RP] 2.1-EZ, qui permet la détection et l'identification simultanées de 19 agents pathogènes viraux et bactériens respiratoires, dont *B. pertussis* et *B. parapertussis*. Contacter tous les laboratoires médicaux et hospitaliers de première ligne aurait constitué une entreprise de grande envergure. Néanmoins, six laboratoires régionaux ont été contactés par l'intermédiaire d'un laboratoire provincial de santé publique afin de recueillir des renseignements de première ligne à des fins de comparaison. Aucun de ces six laboratoires n'a déclaré effectuer de culture bactériologique pour la coqueluche; deux laboratoires utilisent BioFire pour la détection de *B. pertussis* et *B. parapertussis* (l'un de ces deux laboratoires disposant également d'un TDL) et un laboratoire utilise un TDL qui ne cible que IS481. Aucun de ces six laboratoires n'a effectué



de tests pour identifier, typer ou déterminer la sensibilité aux antibiotiques de *B. pertussis*. Cela s'explique probablement par le fait que, du moins dans certaines provinces, les tests de dépistage de *B. pertussis* pourraient être considérés comme des tests spécialisés et donc perçus comme devant être mieux pris en charge par les laboratoires de référence provinciaux de santé publique.

Conclusion

Cette enquête a permis de faire le point sur la situation actuelle de la coqueluche au Canada et ailleurs dans le monde, de résumer les procédures de diagnostic de laboratoire utilisées dans le Réseau des laboratoires de santé publique du Canada, de soulever certaines lacunes dans le système de surveillance national et de formuler des recommandations pour combler ces lacunes. Alors que les tests par PCR pour détecter *B. pertussis* sont largement disponibles dans tout le pays, la capacité de culture pourrait être plus limitée dans certaines grandes provinces. Il n'existe pas encore de typage de routine des souches qui puisse fournir des renseignements sur les caractéristiques des souches telles que l'expression des antigènes vaccinaux, les polymorphismes génétiques susceptibles d'entraîner une discordance entre les souches vaccinales et les souches actuellement en circulation, ainsi que des données sur la résistance aux antimicrobiens. Le maintien d'une certaine capacité de culture bactériologique et de caractérisation des souches est essentiel pour comprendre les effets de la pression immunitaire induite par le vaccin sur *B. pertussis*. Un système de collecte de données représentatives de la distribution nationale des types de souches (y compris la résistance aux antimicrobiens) est essentiel pour comprendre la nature évolutive de la coqueluche et pour se préparer au besoin éventuel d'une nouvelle souche vaccinale. Un système de surveillance sentinelle comprenant la collecte de données sur le typage des souches associée à des renseignements épidémiologiques est recommandé pour une compréhension globale de l'épidémiologie actuelle de la coqueluche au Canada. À l'avenir, la collecte et la caractérisation des souches avec contrôle de la sensibilité aux antibiotiques devraient être incluses dans un système de surveillance sentinelle, afin de comprendre la nature évolutive de *B. pertussis* dans le cadre des programmes nationaux de vaccination des nourrissons, des adolescents et des mères contre la coqueluche.

Déclaration des auteurs

C. M. — Rédaction de la version originale, rédaction-révision et édition, enquête, conservation des données
J. G. — Ressources, rédaction-révision et édition, méthodologie
G. T. — Ressources, rédaction-révision et édition, méthodologie
J. M. — Ressources, rédaction-révision et édition, méthodologie
P. V. C. — Ressources, rédaction-révision et édition, méthodologie
J. K. — Ressources, rédaction-révision et édition, méthodologie
B. L. — Ressources, rédaction-révision et édition, méthodologie

T. H. — Ressources, rédaction-révision et édition, méthodologie
G. D. — Ressources, rédaction-révision et édition, méthodologie
L. J. — Ressources, rédaction-révision et édition, méthodologie
H. P. — Ressources, rédaction-révision et édition, méthodologie
R. T. — Conceptualisation, méthodologie, rédaction de la version originale, rédaction-révision et édition, enquête, supervision

Intérêts concurrents

Aucun déclaré.

Identifiants ORCID

Jessica Minion — [0000-0002-8863-5697](https://orcid.org/0000-0002-8863-5697)

Julianne Kus — [0000-0001-6033-7244](https://orcid.org/0000-0001-6033-7244)

Todd Hatchette — [0000-0002-5377-2528](https://orcid.org/0000-0002-5377-2528)

Raymond Tsang — [0000-0003-1140-402X](https://orcid.org/0000-0003-1140-402X)

Remerciements

Les auteurs remercient les laboratoires provinciaux et territoriaux d'avoir répondu à cette enquête. Nous remercions également Gabriella DeAngelis pour son aide dans la compilation des résultats.

Financement

Aucun.

Références

1. UNICEF. What is the 100-day cough? New York, NY: UNICEF; 2024. [Consulté le 13 mars 2024]. <https://www.unicef.org/eca/stories/what-100-day-cough>
2. Agence de la santé publique du Canada. Nombre de cas signalés de maladies de 1924 à 2023 au Canada- maladies à déclaration obligatoire en direct. Ottawa, ON : ASPC; 2025. <https://maladies.canada.ca/declaration-obligatoire/graphiques?c=pl>
3. Agence de la santé publique du Canada. Maladies à déclaration obligatoire en direct. Ottawa, ON : ASPC; 2025. <https://maladies.canada.ca/declaration-obligatoire/>
4. Agence de la santé publique du Canada. La coqueluche (toux coquelucheuse) : surveillance. Ottawa, ON : ASPC; 2020. [Consulté le 26 févr. 2025]. <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/immunisation/maladies-pouvant-etre-prevenues-vaccination/coqueluche-toux-coquelucheuse/surveillance.html>



5. Thommes E, Wu J, Xiao Y, Tomovici A, Lee J, Chit A. Revisiting the epidemiology of pertussis in Canada, 1924-2015: a literature review, evidence synthesis, and modeling study. *BMC Public Health* 2020;20(1):1749. [DOI PubMed](#)
6. Jackson DW, Rohani P. Perplexities of pertussis: recent global epidemiological trends and their potential causes. *Epidemiol Infect* 2014;142(4):672–84. [DOI PubMed](#)
7. Matczak S, Levy C, Fortas C, Cohen JF, Béchet S, Aït El Belghiti F, Guillot S, Trombert-Paolantoni S, Jacomo V, Savitch Y, Paireau J, Brisse S, Guiso N, Lévy-Bruhl D, Cohen R, Toubiana J. Association between the COVID-19 pandemic and pertussis derived from multiple nationwide data sources, France, 2013 to 2020. *Euro Surveill* 2022;27(25):2100933. [DOI PubMed](#)
8. Chow EJ, Uyeki TM, Chu HY. The effects of the COVID-19 pandemic on community respiratory virus activity. *Nat Rev Microbiol* 2023;21(3):195–210. [DOI PubMed](#)
9. Lee PI, Hsueh PR, Chuang JH, Liu MT. Changing epidemic patterns of infectious diseases during and after COVID-19 pandemic in Taiwan. *J Microbiol Immunol Infect* 2024;57(5):685–90. [DOI PubMed](#)
10. Bricks LF, Vargas-Zambrano JC, Macina D. Epidemiology of Pertussis After the COVID-19 Pandemic: Analysis of the Factors Involved in the Resurgence of the Disease in High-, Middle-, and Low-Income Countries. *Vaccines (Basel)* 2024;12(12):1346. [DOI PubMed](#)
11. Liu Y, Yu D, Wang K, Ye Q. Global resurgence of pertussis: A perspective from China. *J Infect* 2024;89(5):106289. [DOI PubMed](#)
12. European Centre for Disease Prevention and Control. Pertussis—Annual Epidemiological Report for 2021. ECDC: Stockholm, SE; 2024. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/pertussis-annual-epidemiological-report-2021>
13. European Centre for Disease Prevention and Control. Pertussis—Annual Epidemiological Report for 2022. ECDC: Stockholm, SE; 2024. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/pertussis-annual-epidemiological-report-2022>
14. European Centre for Disease Prevention and Control. Increase of pertussis cases in the EU/EEA. ECDC: Stockholm, SE; 2024. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/increase-pertussis-cases-eueea>
15. Mengyang G, Yahong H, Qinghong M, Wei S, Kaihu Y. Resurgence and atypical patterns of pertussis in China. *J Infect* 2024;88(4):106140. [DOI PubMed](#)
16. Liu Y, Ye Q. Resurgence and the shift in the age of peak onset of pertussis in southern China. *J Infect* 2024;89(2):106194. [DOI PubMed](#)
17. Fu P, Yan G, Li Y, Xie L, Ke Y, Qiu S, Wu S, Shi X, Qin J, Zhou J, Lu G, Yang C, Wang C. Pertussis upsurge, age shift and vaccine escape post-COVID-19 caused by ptxP3 macrolide-resistant *Bordetella pertussis* MT28 clone in China. *Clin Microbiol Infect* 2024;30(11):1439–46. [DOI PubMed](#)
18. Kang HM, Lee TJ, Park SE, Choi SH. Pertussis in the post-COVID-19 era: resurgence, diagnosis, and management. *Infect Chemother* 2025;57(1):13–30. [DOI PubMed](#)
19. Ivaska L, Barkoff AM, Mertsola J, He Q. Macrolide resistance in *Bordetella pertussis*: current situation and future challenges. *Antibiotics (Basel)* 2022;11(11):1570. [DOI PubMed](#)
20. European Centre for Disease Prevention and Control. Laboratory diagnosis and molecular surveillance of *Bordetella pertussis*. ECDC: Stockholm, SE; 2022. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/bordetella-pertussis-laboratory-diagnosis-and-molecular-surveillance>
21. Anderer IS. Whooping Cough Cases Rise in Latin America and the US in 2024. *JAMA* 2024;332(11):865. [DOI](#)
22. US Centers for Disease Control and Prevention. Pertussis surveillance and trends. Atlanta, GA: CDC; 2025. [Consulté le 9 mars 2025]. <https://www.cdc.gov/pertussis/php/surveillance/index.html>
23. British Columbia Centers for Disease Control. British Columbia Provincial Pertussis Summary December 6, 2024. BCCDC; Vancouver, BC; 2024. [Consulté le 9 mars 2025]. http://www.bccdc.ca/resource-gallery/Documents/Statistics%20and%20Research/Statistics%20and%20Reports/BC_Pertussis_Update_6Dec2024.pdf
24. Santé publique Ontario. Rapport de surveillance. La coqueluche en Ontario. Toronto, ON : SPO; 2024. [Consulté le 9 mars 2025]. https://www.publichealthontario.ca/-/media/Documents/P/24/pertussis-ontario.pdf?rev=93063d0172e743d490199fd37e55df10&sc_lang=fr&hash=D5B8F2F57C86E839AA3D302872B2ED49
25. Université McGill, Salle de presse, communications institutionnelles. Expert: Hausse des cas de coqueluche. September 4, 2024. [Consulté le 9 mars 2025]. <https://www.mcgill.ca/newsroom/fr/channels/news/expert-hausse-des-cas-de-coqueluche-359272>



26. Gouvernement du Nunavut. Rappel: éclosion de coqueluche en cours à Igloodik. Gouvernement du Nunavut : Iqaluit, NU; 2025. [Consulté le 9 mars 2025]. <https://www.gov.nu.ca/fr/salle-des-medias/rappel-eclosion-de-coqueluche-en-cours-igloodik-2025-01-16>
27. Gouvernement de l'Île-du-Prince-Édouard. Le Bureau du médecin hygiéniste en chef déclare une éclosion de coqueluche. Gouvernement de l'Île-du-Prince-Édouard : Charlottetown, PE; 2024. [Consulté le 9 mars 2025]. <https://www.princeedwardisland.ca/fr/nouvelles/bureau-du-medecin-hygieniste-chef-declare-eclosion-coqueluche>
28. New Brunswick Health Council. Whooping cough outbreak declared across N. B. NBHC: Moncton, NB; August 22, 2024. [Consulté le 9 mars 2025]. <https://nbhc.ca/health-in-the-news/whooping-cough-outbreak-declared-across-nb>
29. Government of Newfoundland and Labrador. Media Advisory: Province Experiencing Increase in Pertussis, Dr. Janice Fitzgerald Available to Media. Government of Newfoundland and Labrador: St John's, NL; 2024. [Consulté le 9 mars 2025]. <https://www.gov.nl.ca/releases/2024/health/0910n01/>
30. Guo M, Chen S, Gao W, Yuan L, Yao K. Global pertussis resurgence: an urgent call for macrolide resistance monitoring. *J Infect* 2024;89(6):106336. DOI PubMed
31. Heininger U, Martini H, Eeuwijk J, Prokić I, Guignard AP, Turrani E, Duchenne M, Berlaimont V. Pertactin deficiency of *Bordetella pertussis*: insights into epidemiology, and perspectives on surveillance and public health impact. *Hum Vaccin Immunother* 2024;20(1):2435134. DOI PubMed
32. National Collaborating Centre for Infectious Diseases. The Canadian Public Health Laboratory Network. NCCID: Winnipeg, MB. <https://nccid.ca/cphln/>
33. R-Biopharm. RIDA@GENE *Bordetella*. <https://clinical-biopharm.com/products/ridagene-bordetella/>
34. Diasorin. Simplexa™ *Bordetella* Direct. <https://int.diasorin.com/en/molecular-diagnostics/kits-reagents/simplexa-bordetella-direct>
35. QuidelOrtho. Solana® *Bordetella* Complete Assay. <https://www.quidelortho.com/us/en/products/solana-molecular-testing-platform/solana-bordetella-complete-assay>
36. Mooi FR, He Q, van Oirschot H, Mertsola J. Variation in the *Bordetella pertussis* virulence factors pertussis toxin and pertactin in vaccine strains and clinical isolates in Finland. *Infect Immun* 1999;67(6):3133–4. DOI PubMed
37. Fry NK, Neal S, Harrison TG, Miller E, Matthews R, George RC. Genotypic variation in the *Bordetella pertussis* virulence factors pertactin and pertussis toxin in historical and recent clinical isolates in the United Kingdom. *Infect Immun* 2001;69(9):5520–8. DOI PubMed
38. Gzyl A, Augustynowicz E, van Loo I, Slusarczyk J. Temporal nucleotide changes in pertactin and pertussis toxin genes in *Bordetella pertussis* strains isolated from clinical cases in Poland. *Vaccine* 2001;20(3-4):299–303. DOI PubMed
39. van Loo IH, Mooi FR. Changes in the Dutch *Bordetella pertussis* population in the first 20 years after the introduction of whole-cell vaccines. *Microbiology (Reading)* 2002;148(Pt 7):2011–8. DOI PubMed
40. Kourova N, Caro V, Weber C, Thiberge S, Chuprinina R, Tseneva G, Guiso N. Comparison of the *Bordetella pertussis* and *Bordetella parapertussis* isolates circulating in Saint Petersburg between 1998 and 2000 with Russian vaccine strains. *J Clin Microbiol* 2003;41(8):3706–11. DOI PubMed
41. Tsang RS, Lau AK, Sill ML, Halperin SA, Van Caesele P, Jamieson F, Martin IE. Polymorphisms of the fimbria fim3 gene of *Bordetella pertussis* strains isolated in Canada. *J Clin Microbiol* 2004;42(11):5364–7. DOI PubMed
42. Mooi FR, van Loo IH, van Gent M, He Q, Bart MJ, Heuvelman KJ, de Greeff SC, Diavatopoulos D, Teunis P, Nagelkerke N, Mertsola J. *Bordetella pertussis* strains with increased toxin production associated with pertussis resurgence. *Emerg Infect Dis* 2009;15(8):1206–13. DOI PubMed
43. Tsang RS, Shuel M, Jamieson FB, Drews S, Hoang L, Horsman G, Lefebvre B, Desai S, St-Laurent M. Pertactin-negative *Bordetella pertussis* strains in Canada: characterization of a dozen isolates based on a survey of 224 samples collected in different parts of the country over the last 20 years. *Int J Infect Dis* 2014;28:65–9. DOI PubMed
44. Martin SW, Pawloski L, Williams M, Weening K, DeBolt C, Qin X, Reynolds L, Kenyon C, Giambone G, Kudish K, Miller L, Selvage D, Lee A, Skoff TH, Kamiya H, Cassiday PK, Tondella ML, Clark TA. Pertactin-negative *Bordetella pertussis* strains: evidence for a possible selective advantage. *Clin Infect Dis* 2015;60(2):223–7. DOI PubMed
45. Hiramatsu Y, Miyaji Y, Otsuka N, Arakawa Y, Shibayama K, Kamachi K. Significant decrease in pertactin-deficient *Bordetella pertussis* isolates, Japan. *Emerg Infect Dis* 2017;23(4):699–701. DOI PubMed



46. Barkoff AM, Mertsola J, Pierard D, Dalby T, Hoegh SV, Guillot S, Stefanelli P, van Gent M, Berbers G, Vestrheim D, Greve-Isdahl M, Wehlin L, Ljungman M, Fry NK, Markey K, He Q. Pertactin-deficient *Bordetella pertussis* isolates: evidence of increased circulation in Europe, 1998 to 2015. *Euro Surveill* 2019;24(7):1700832. DOI PubMed
47. Weigand MR, Williams MM, Peng Y, Kania D, Pawloski LC, Tondella ML; CDC Pertussis Working Group. Genomic survey of *Bordetella pertussis* diversity, United States, 2000–2013. *Emerg Infect Dis* 2019;25(4):780–3. DOI PubMed
48. Zhou G, Li Y, Wang H, Wang Y, Gao Y, Xu J, Wang F, Peng T, Zhang M, Shao Z. Emergence of erythromycin-resistant and pertactin- and filamentous hemagglutinin-deficient *Bordetella pertussis* strains - Beijing, China, 2022-2023. *China CDC Wkly* 2024;6(20):437–41. DOI PubMed
49. Tsang RS, Shuel M, Cronin K, Deng S, Whyte K, Marchand-Austin A, Ma J, Bolotin S, Crowcroft N, Schwartz K, Van Domselaar G, Graham M, Jamieson FB. The evolving nature of *Bordetella pertussis* in Ontario, Canada, 2009-2017: strains with shifting genotypes and pertactin deficiency. *Can J Microbiol* 2019;65(11):823–30. DOI PubMed
50. Li L, Deng J, Ma X, Zhou K, Meng Q, Yuan L, Shi W, Wang Q, Li Y, Yao K. Li Y, Yao K. High prevalence of macrolide-resistant *Bordetella pertussis* and ptxP1 genotype, mainland China, 2014–2016. *Emerg Infect Dis* 2019;25(12):2205–14. DOI PubMed
51. Tatti KM, Sparks KN, Boney KO, Tondella ML. Novel multitarget real-time PCR assay for rapid detection of *Bordetella* species in clinical specimens. *J Clin Microbiol* 2011;49(12):4059–66. DOI PubMed
52. Guthrie JL, Robertson AV, Tang P, Jamieson F, Drews SJ. Novel duplex real-time PCR assay detects *Bordetella holmesii* in specimens from patients with Pertussis-like symptoms in Ontario, Canada. *J Clin Microbiol* 2010;48(4):1435–7. DOI PubMed
53. Woolfrey BF, Moody JA. Human infections associated with *Bordetella bronchiseptica*. *Clin Microbiol Rev* 1991;4(3):243–55. DOI PubMed
54. Cheung M, Lee T, Azana RB, Janz L, Prystajecy N, Hoang L. Detection of *Bordetella holmesii* and *Bordetella bronchiseptica* using the ABI 7500 real-time PCR system. *Protocols.io*. 2024. <https://www.protocols.io/view/detection-of-bordetella-holmesii-and-bordetella-br-36wqgn7zygk5/v1>
55. Pradel E, Loch C. Expression of the putative siderophore receptor gene *bfrZ* is controlled by the extracytoplasmic-function sigma factor *BupI* in *Bordetella bronchiseptica*. *J Bacteriol* 2001;183(9):2910–7. DOI PubMed
56. Loeffelholz MJ, Thompson CJ, Long KS, Gilchrist MJ. Detection of *Bordetella holmesii* using *Bordetella pertussis* IS481 PCR assay. *J Clin Microbiol* 2000;38(1):467. DOI PubMed
57. Tizolova A, Guiso N, Guillot S. Insertion sequences shared by *Bordetella* species and implications for the biological diagnosis of pertussis syndrome. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis* 2013;32(1):89–96. DOI PubMed
58. Agence de la santé publique du Canada. National case definition: Pertussis. Ottawa, ON : ASPC; 2008. [Consulté le 13 mars 2024]. <https://www.canada.ca/en/public-health/services/immunization/vaccine-preventable-diseases/pertussis-whooping-cough/health-professionals/national-case-definition.html>
59. Larkin M. Curbing false positives and pseudo-epidemics. *Lancet Infect Dis* 2007;7:186. DOI
60. Mandal S, Tatti KM, Woods-Stout D, Cassiday PK, Faulkner AE, Griffith MM, Jackson ML, Pawloski LC, Wagner B, Barnes M, Cohn AC, Gershman KA, Messonnier NE, Clark TA, Tondella ML, Martin SW. Pertussis Pseudo-outbreak linked to specimens contaminated by *Bordetella pertussis* DNA From clinic surfaces. *Pediatrics* 2012;129(2):e424–30. DOI PubMed
61. Flipse J, Tromp AT, Bosman J, Ten Hove C, Beks H, Kortbeek T, Bastiaens GJ, Mascini EM. Pseudo-Outbreak of *Bordetella parapertussis* Caused by Contaminated Swabs in the Netherlands. *Emerg Infect Dis* 2022;28(4):890–2. DOI PubMed
62. US Centers for Disease Control and Prevention. Laboratory testing for pertussis. Atlanta, GA: CDC; 2024. [Consulté le 13 mars 2025]. <https://www.cdc.gov/pertussis/php/laboratories/index.html>
63. Santé Canada. Conférence de concertation sur la coqueluche. Toronto, du 25 au 28 mai 2002. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2003;29 Suppl 3:1–36. https://publications.gc.ca/collections/collection_2016/aspc-phac/HP3-1-29-S3-fra.pdf
64. Agence de la santé publique du Canada. Supplément : Compte rendu de l'atelier sur la coqueluche du laboratoire national de microbiologie. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2006;3254:1–24. <https://publications.gc.ca/collections/Collection/HP3-3-32S4F.pdf>



Appendice

Liste 1 : Questionnaire sur le diagnostic en laboratoire de l'infection à *Bordetella pertussis*

1. Votre laboratoire (province) effectue-t-il des cultures bactériennes de *Bordetella pertussis* et d'autres espèces de *Bordetella*?
Oui _____; Non _____
2. a) Décrivez la méthode de PCR (et les cibles de PCR) que votre laboratoire (province) utilise pour la détection de la coqueluche. _____
b) Le test permet-il de différencier *B. pertussis*, *B. parapertussis* et *B. holmesii*? _____
c) Si votre laboratoire effectue une PCR quantitative : Oui _____; Non _____; quelle est la valeur Ct utilisée pour déterminer un résultat positif (présence de la coqueluche)? _____
3. a) Après la culture, quelle méthode utilisez-vous pour l'identifier comme *B. pertussis* et non comme une autre espèce de *Bordetella*? _____
b) Votre laboratoire (province) effectue-t-il un typage phénotypique ou moléculaire? Oui _____; Non _____
c) Votre laboratoire effectue-t-il des tests de sensibilité aux antibiotiques? Oui _____; Non _____
 - i. Si oui, par quelle méthode : diffusion en gélose (); méthode E-test (); technique de microdilution en milieu liquide pour la CMI (); technique de dilution en gélose pour la CMI ().
d) Combien de temps conservez-vous vos cultures positives? _____ mois; _____ années



Infections associées aux dispositifs médicaux et aux interventions chirurgicales dans les hôpitaux de soins de courte durée au Canada, 2020–2024

Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales^{1*}

Résumé

Contexte : Les infections nosocomiales (IN) représentent un fardeau important pour les soins de santé au Canada. Le Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales assure la surveillance nationale des IN dans les hôpitaux de soins de courte durée sentinelles.

Objectif : Décrire l'épidémiologie des IN liées aux dispositifs médicaux et aux interventions chirurgicales au Canada de 2020 à 2024.

Méthodes : Des données ont été recueillies auprès de 67 hôpitaux de soins de courte durée sentinelles canadiens entre le 1^{er} janvier 2020 et le 31 décembre 2024 pour les bactériémies sur cathéters centraux aux soins intensifs (BACC-USI), les infections du site opératoire (ISO) de la hanche et du genou, les ISO de dérivation du liquide céphalorachidien (LCR) et les ISO cardiaques pédiatriques. Les nombres de cas, les taux, les caractéristiques des patients et des hôpitaux, la répartition des agents pathogènes ainsi que les données sur la résistance aux antimicrobiens sont présentés.

Résultats : Entre 2020 et 2024, 1 846 infections liées aux dispositifs médicaux et 1 014 infections liées aux interventions chirurgicales ont été signalées. Les taux de BACC-USI, d'ISO de la hanche et du genou, d'ISO, de la dérivation du LCR et d'ISO cardiaques pédiatriques ont fluctué tout au long de la période d'étude, sans qu'aucune tendance significative n'ait été observée. Les agents pathogènes les plus fréquemment identifiés étaient les staphylocoques à coagulase négative (37 %) dans les BACC-USI et *Staphylococcus aureus* (41 %) dans les ISO.

Conclusion : Les tendances épidémiologiques et microbiologiques des IN associées à des dispositifs et à des interventions chirurgicales sont essentielles pour comparer les taux d'infection au niveau national et international, déterminer tout changement dans les taux d'infection ou les schémas de résistance aux antimicrobiens et contribuer à orienter les politiques et les programmes de prévention et de contrôle des infections en milieu hospitalier et de gestion des antimicrobiens.

Citation proposée : Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales. Infections associées aux dispositifs médicaux et aux interventions chirurgicales dans les hôpitaux de soins de courte durée au Canada, 2020–2024. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2026;52(5):215–26.

<https://doi.org/10.14745/ccdr.v52i05a04f>

Mots-clés : infection nosocomiale, soins de courte durée, surveillance, résistance aux antimicrobiens, infection associée à un dispositif médical, infection associée à une intervention chirurgicale, infection du site opératoire, BACC-USI, bactériémie sur cathéter central, infection du site opératoire d'une arthroplastie de la hanche et du genou, infection du site opératoire d'une dérivation du liquide céphalorachidien, infection du site opératoire d'une chirurgie cardiaque pédiatrique, Canada

Cette oeuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale Creative Commons Attribution 4.0.



Affiliation

¹ Centre de la lutte contre les maladies transmissibles et les infections, Agence de la santé publique du Canada, Ottawa, ON

*Correspondance :

cnisp-pcsin@phac-aspc.gc.ca



Introduction

Les infections nosocomiales (IN) constituent une conséquence fréquente de la prestation des soins et, chez les patients hospitalisés, prolongent les séjours à l'hôpital et nécessitent des traitements supplémentaires (1,2). Les IN peuvent résulter de l'utilisation de dispositifs médicaux invasifs et d'interventions chirurgicales (3) et sont couramment signalées dans les hôpitaux canadiens, où elles sont fortement associées aux réadmissions hospitalières et à la mortalité toutes causes confondues, comparativement aux patients chirurgicaux sans infection associée (4).

Une étude de prévalence ponctuelle menée en 2024 dans des hôpitaux sentinelles canadiens de soins de courte durée a révélé qu'un tiers (33 %) de toutes les IN déclarées étaient associées à des dispositifs médicaux (5). Parmi l'ensemble des patients hospitalisés adultes, la prévalence des infections du site opératoire (ISO) dans cette étude était de 1,6 %, et celle des bactériémies sur cathéters centraux (BACC) était de 0,7 % (5). Le risque d'infections liées aux dispositifs et aux interventions chirurgicales est associé à des facteurs tels que les caractéristiques démographiques des patients, les antécédents chirurgicaux et la durée du séjour à l'hôpital, ainsi qu'au type d'établissement où les soins sont dispensés (6–8).

Avoir une compréhension de l'épidémiologie des IN associées aux dispositifs médicaux et aux interventions chirurgicales est essentiel pour établir des taux de référence au fil du temps. Ces repères appuient l'élaboration de programmes efficaces de gestion des antimicrobiens et orientent les stratégies de prévention et de contrôle des infections. La collecte et l'analyse des données de sensibilité aux antimicrobiens sont essentielles pour orienter l'utilisation appropriée des antimicrobiens et lutter contre la résistance aux antimicrobiens (9). Ce rapport présente un résumé épidémiologique de certaines IN associées aux dispositifs médicaux et aux interventions chirurgicales, signalées entre 2020 et 2024 dans 67 hôpitaux participant au Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales (PCSIN).

Méthodes

Conception

Depuis sa création en 1994, le PCSIN mène une surveillance nationale des IN dans des hôpitaux sentinelles de soins de courte durée partout au Canada, en collaboration avec l'Agence de la santé publique du Canada et l'Association pour la microbiologie médicale et l'infectiologie Canada. Les données présentées portent sur les infections associées aux dispositifs médicaux, notamment les bactériémies sur cathéters centraux aux soins intensifs (BACC-USI), ainsi que sur les IN associées aux interventions chirurgicales, notamment les ISO liées aux arthroplasties de la hanche et du genou, aux dérivations du liquide céphalorachidien (LCR) et à la chirurgie cardiaque pédiatrique.

Définitions de cas

Les IN associées aux dispositifs et aux interventions chirurgicales ont été définies selon des protocoles et des définitions de cas normalisés (voir l'**appendice**). Les infections complexes, définies comme des infections d'incision profonde et des infections d'organe/espace, ont été incluses dans la surveillance des ISO de la hanche et du genou. Les bactériémies associées aux cathéters centraux identifiées en unité de soins intensifs (USI) ont été incluses dans la surveillance des BACC. Les USI mixtes pour les patients adultes, les unités de soins intensifs de cardiologie (USIC) pour adultes, les unités de soins intensifs pédiatriques (USIP) et les unités de soins intensifs néonataux (USIN) ont été considérées comme des USI admissibles. Les USI mixtes pour adultes comprenaient toutes les USI pour adultes accueillant plusieurs types de patients (c.-à-d., médical/chirurgical, chirurgical/trauma, brûlure/trauma, médical/neurochirurgical).

Source des données

Les données épidémiologiques relatives aux infections liées aux dispositifs médicaux et aux interventions chirurgicales identifiées entre le 1^{er} janvier 2020 et le 31 décembre 2024 (en utilisant la date de l'intervention chirurgicale pour les ISO et la date de l'hémoculture positive pour les BACC) ont été soumises par les hôpitaux participants à l'aide de formulaires de collecte de données normalisés. La participation des hôpitaux est variable, selon le projet de surveillance et l'année. La transmission des données et l'identification des cas ont été soutenues par des séances de formation et des évaluations périodiques de la qualité des données.

Analyse statistique

Pour calculer les taux d'ISO de la hanche et du genou, d'ISO de la dérivation du LCR et d'ISO cardiaques pédiatriques, le nombre de cas a été divisé par le nombre d'interventions chirurgicales réalisées (multiplié par 100). Pour calculer les taux des BACC-USI, le nombre de cas a été divisé par les dénominateurs de jours-cathéter (multipliés par 1 000). Les taux des BACC dans les USI néonatales ont également été calculés pour 1 000 jours de cathéter, selon la catégorie de poids à la naissance (750 g ou moins, 751 g à 1 000 g, 1 001 g à 1 500 g, 1 501 g à 2 500 g et plus de 2 500 g). Pour calculer l'utilisation des cathéters en fonction de l'USI, le nombre total de jours de pose de cathéters centraux a été divisé par le nombre total de jours d'hospitalisation dans les USI. Pour calculer les proportions de pathogènes, le nombre de pathogènes a été divisé par le nombre total de pathogènes identifiés. Les dénominateurs peuvent varier, car les données manquantes et incomplètes ont été exclues des analyses. La médiane et les écarts interquartiles (ÉI) ont été calculés pour les variables continues. Les tendances dans le temps ont été testées à l'aide du test de Mann-Kendall. Le test du khi-carré a été utilisé pour comparer deux variables catégorielles. Les tests de signification étaient bilatéraux et les différences étaient considérées comme significatives à $p \leq 0,05$. Les analyses ont été effectuées à l'aide de la version R 4.3.2.



Résultats

Entre 2020 et 2024, jusqu'à 67 hôpitaux uniques ont soumis des données au PCSIN des données concernant les infections associées aux dispositifs et aux interventions chirurgicales. Pour la dernière année de données de surveillance disponible, 2024, 67 hôpitaux ont soumis ces données (**tableau 1**), la majorité des hôpitaux participants étant situés dans les régions de l'Ouest (Colombie-Britannique, Alberta, Manitoba et Saskatchewan; n = 29, 43,3 %) et du Centre (Ontario et Québec; n = 28, 41,8 %). De plus, la majorité des hôpitaux desservait une population exclusivement adulte (n = 26, 38,8 %) ou mixte (adulte/pédiatrique) (n = 22, 32,8 %) et étaient de taille moyenne (201 à 499 lits; n = 29, 43,3 %) (**tableau 1**). Au total, 1 846 BACC-USI et 1 014 infections associées aux interventions chirurgicales ont été signalées (**tableau 2**) entre 2020 et 2024. Parmi toutes les ISO signalées, les infections de la hanche et du genou représentaient 70,2 % (n = 712) de ces types d'infections (**tableau 2**).

Au total, 3 111 agents pathogènes ont été identifiés dans des infections liées à des dispositifs médicaux et 1 072 agents pathogènes dans des cas liés à des interventions

Tableau 2 : Nombre d'infections liées aux dispositifs médicaux et aux interventions chirurgicales, par type et par année, 2020–2024

Type d'infection	2020	2021	2022	2023	2024	Total pour 2020–2024
BACC-USI	273	416	356	435	366	1 846
ISO de la dérivation du LCR	22	20	28	14	19	103
ISO cardiaque pédiatrique	37	35	25	52	50	199
ISO de la hanche et du genou	85	126	166	165	170	712
Nombre total d'infections	417	597	575	666	605	2 860

Abréviations : BACC, bactériémies sur cathéters centraux; ISO, infection du site chirurgical; LCR, liquide céphalo rachidien; USI, unité de soins intensifs

chirurgicales entre 2020 et 2024 (**tableau 3**). Parmi les agents pathogènes identifiés pour les BACC-USI, 59,6 % étaient à Gram positif, 24,7 % à Gram négatif et 15,7 % étaient fongiques. Les staphylocoques à coagulase négative (CoNS) et *Enterococcus* spp. ont été le plus souvent identifiés dans les

Tableau 1 : Caractéristiques des hôpitaux de soins de courte durée participant à la surveillance des infections liées aux dispositifs médicaux et aux interventions chirurgicales, 2024

Caractéristiques des hôpitaux	BACC-USI mixte pour adultes	BACC-USIC pour adultes	BACC-USIP	BACC-USIN	ISO de la dérivation du LCR	ISO cardiaque pédiatrique	ISO de la hanche et du genou	Total des hôpitaux uniques
Nombre total d'hôpitaux participants	40	9	12	20	11	6	30	67
Région^a								
Ouest	17	4	5	8	4	1	16	29
Centre	19	4	6	9	5	4	7	28
Est	4	1	1	3	2	1	7	10
Nord	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.	s.o.
Type d'hôpital								
Adulte ^b	22	4	s.o.	s.o.	2	s.o.	12	26
Adultes-USIN	6	2	s.o.	3	s.o.	s.o.	2	6
Mixte ^c	12	3	1	5	2	s.o.	16	22
Pédiatrique ^d	s.o.	s.o.	8	8	7	4	s.o.	99
Obstétrique-pédiatrique	s.o.	s.o.	3	4	s.o.	2	s.o.	4
Taille de l'hôpital								
Petit (1 à 200 lits)	4	1	7	9	5	4	6	19
Moyen (201 à 499 lits)	20	3	4	7	3	2	14	29
Grand (500 lits et plus)	16	5	1	4	3	s.o.	10	19

Abréviations : BACC, bactériémies sur cathéters centraux; ISO, infection du site opératoire; LCR, liquide céphalo rachidien; s.o., sans objet; USI, unité de soins intensifs; USIC, unité de soins intensifs de cardiologie; USIN, unité de soins intensifs néonataux; USIP, unité de soins intensifs pédiatriques

^a La région de l'Ouest comprend la Colombie-Britannique, l'Alberta, le Manitoba et la Saskatchewan; la région du Centre comprend l'Ontario et le Québec; la région de l'Est comprend le Nouveau-Brunswick, la Nouvelle-Écosse, l'Île-du-Prince-Édouard et Terre-Neuve-et-Labrador; la région du Nord comprend le Yukon, les Territoires du Nord-Ouest et le Nunavut

^b Hôpitaux pour adultes seulement, à l'exclusion des établissements pour adultes dotés d'une unité de soins intensifs néonataux

^c Les hôpitaux mixtes offrent des soins à la fois aux adultes et aux enfants

^d Hôpitaux pédiatriques seulement, à l'exclusion des établissements mixtes comprenant des unités pour femmes et des services d'obstétrique



Tableau 3 : Répartition et classement des agents pathogènes à Gram négatif, à Gram positif et fongiques les plus fréquemment signalés, 2020–2024^a

Catégorie d'agent pathogène	Rang	Agent pathogène	BACC-USI		Hanche et genou		Dérivation du LCR		Cardiologie pédiatrique	
			N = 3,111		N = 805		N = 111		N = 156	
			n	%	n	%	n	%	n	%
Gram positif	1	Staphylocoque négatif à la coagulase ^b	678	21,8	139	17,3	33	29,7	22	14,1
	2	<i>Enterococcus</i> spp.	666	21,4	50	6,2	2	1,8	1	0,6
	3	<i>Staphylococcus aureus</i> ^c	305	9,8	315	39,1	32	28,8	92	59,0
	4	<i>Streptococcus</i> spp.	65	2,1	70	8,7	4	3,6	11	7,1
		Autres agents pathogènes à Gram positif ^d	139	4,5	59	7,3	15	13,5	8	5,1
		Total à Gram positif	1 853	59,6	633	78,6	86	77,5	134	85,9
Gram négatif	1	<i>Klebsiella</i> spp.	173	5,6	14	1,7	8	7,2	4	2,6
	2	<i>Escherichia coli</i>	132	4,2	25	3,1	3	2,7	0	0,0
	3	<i>Enterobacter</i> spp.	129	4,1	34	4,2	4	3,6	6	3,9
	4	<i>Pseudomonas</i> spp.	95	3,1	28	3,5	3	2,7	0	0,0
	5	<i>Serratia</i> spp.	58	1,9	14	1,7	2	1,8	2	1,3
		Autres agents pathogènes à Gram négatifs ^e	182	5,9	52	6,5	3	2,7	3	1,9
		Total à Gram négatif	769	24,7	167	20,7	23	20,7	15	9,6
Fongique	1	<i>Candida albicans</i>	259	8,3	4	0,5	0	0,0	0	0,0
	2	Autres <i>Candida</i> spp. ^f	215	6,9	1	0,1	2	0,9	7	4,5
		Autres agents pathogènes fongiques ^g	15	0,5	0	0,0	0	0,0	0	0,0
		Total des fongiques	489	15,7	5	0,6	2	1,8	7	0,0
Total			3 111	100	805	100	111	100	156	100

Abréviations : BACC-USI, bactériémies sur cathéters centraux aux soins intensifs; LCR, liquide céphalorachidien; USI, unité de soins intensifs

^a Le nombre d'agents pathogènes peut ne pas correspondre au nombre d'infections, car chaque cas d'infection liée à un dispositif ou au site opératoire peut inclure plusieurs agents pathogènes

^b Les staphylocoques négatifs à la coagulase comprenaient *S. lugdunensis*, *S. haemolyticus*, *S. epidermidis*, *S. capitis*, *S. hominis* et *S. warneri*

^c Le *Staphylococcus aureus* comprend *S. aureus* résistant à la méthicilline, *S. aureus* sensible à la méthicilline et *S. aureus* non spécifié

^d Les autres agents pathogènes à Gram positif comprenaient des cocci anaérobies à Gram positif, *Finnegoldia magna*, *Clostridioides*, *Lactobacillus* et d'autres

^e Les autres agents pathogènes à Gram négatif comprenaient *Stenotrophomonas*, *Morganella morganii*, *Proteus mirabilis*, *Pantoea*, *Prevotella*, *Bacteroides fragilis* et d'autres

^f Les autres *Candida* comprenaient *C. dubliniensis*, *C. glabrata*, *C. krusei*, *C. lusitaniae*, *C. parapsilosis* et *C. tropicalis*

^g Les autres agents pathogènes fongiques comprennent *Aspergillus*, *Trichophyton tonsurans* et des fongiques non spécifiés

cas de BACC-USI. Parmi les agents pathogènes identifiés pour les ISO, 79,6 % étaient à Gram positif, 19,1 % à Gram négatif et 1,3 % étaient fongiques. Les staphylocoques à coagulase négative et *Staphylococcus aureus* étaient les agents pathogènes les plus fréquemment associés aux ISO (tableau 3). De 2020 à 2024, la proportion de *S. aureus* résistants à la méthicilline (SARM) était de 16,7 % pour les BACC-USI et de 9,9 % pour les ISO (données non présentées).

Bactériémies sur cathéters centraux aux soins intensifs

Caractéristiques de l'infection : Entre 2020 et 2024, un total de 2 801 BACC-USI ont été signalées. La majorité des cas ont été signalés dans les USI mixtes pour adultes (65,9 %, n = 1 846) et les USIN (17,3 %, n = 484), ce qui reflète une participation plus élevée à la surveillance des BACC dans ces USI. Le **tableau 4** présente les données démographiques des patients et les résultats pour les BACC-USI. L'âge médian des patients atteints d'une BACC dans les USI pour adultes était plus élevé dans

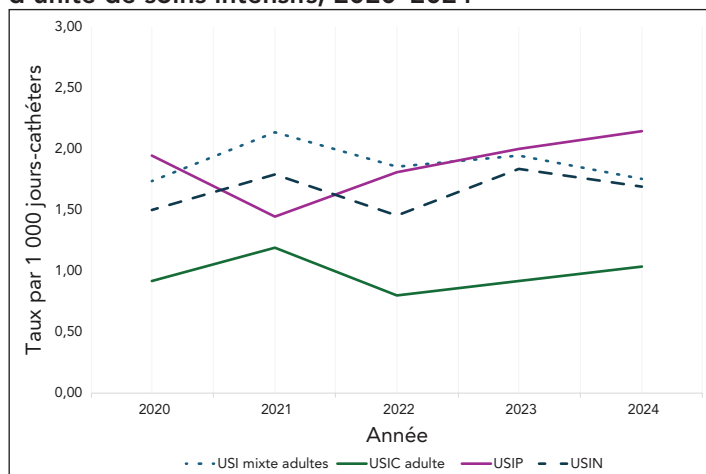
les USIC pour adultes que dans les USI mixtes pour adultes ($p < 0,001$). Dans l'ensemble des unités de soins intensifs, la majorité des personnes atteintes de BACC-USI étaient de sexe masculin, variant de 57,4 % en USIP à 68,2 % en USIC pour adultes. Le délai médian entre l'admission en soins intensifs et l'infection était le plus long en USIP (28 jours, ÉI : 12–66 jours), tandis que des délais plus courts ont été observés dans tous les autres types d'USI, variant de 10 à 14 jours ($p < 0,001$).

Tendances dans le temps : De 2020 à 2024, les USI mixtes pour adultes présentaient les taux globaux les plus élevés de BACC-USI (1,89 infection pour 1 000 jours de cathéter), suivies des USIP (1,88 infection pour 1 000 jours de cathéter), des USIN (1,66 infection pour 1 000 jours de cathéter) et des USIC pour adultes (0,97 infection pour 1 000 jours de cathéter) (appendice, **tableau A1**). De 2020 à 2024, dans les USI pour adultes, les taux de BACC ont fluctué pour les USI mixtes pour adultes (1,74–1,82 infections pour 1 000 jours-lignes, $p = 0,45$) et les USIC pour adultes (0,80–1,19 infections pour 1 000 jours-lignes, $p = 0,57$) (**figure 1**). Les taux de BACC-USI ont atteint un sommet en

Tableau 4 : Caractéristiques des patients et résultats des bactériémies sur cathéters centraux aux soins intensifs, 2020–2024

Caractéristiques	USI mixte adultes (N = 1,846)	USIC adulte (N = 182)	USIP (N = 289)	USIN (N = 484)
Âge, médiane (ÉI)	59 ans (46 ans–68 ans)	65 ans (52 ans–72 ans)	6 mois (3 mois–24 mois)	21 jours (9 jours–52 jours)
Sexe, femme, n/N (%)	582 (31,5 %)	55 (30,2 %)	123 (42,6 %)	184 (38,0 %)
Poids de naissance (g), médiane (ÉI)	s.o.	s.o.	s.o.	947 (ÉI : 669–2130)
Âge gestationnel (semaines), médiane (ÉI)	s.o.	s.o.	s.o.	27,0 (ÉI : 24,1–34,0)
Nombre de jours entre l'admission aux soins intensifs et l'infection, médiane (ÉI)	11 (ÉI : 6–21)	10 (ÉI : 6–18)	28 (ÉI : 12–66)	15 (ÉI : 8–38)
Décès, toutes causes confondues à 30 jours, (%)	606 (32,9 %)	58 (31,9 %)	28 (9,7 %)	51 (10,6 %)

Abréviations : ÉI, écarts interquartiles; s.o., sans objet; USI, unité de soins intensifs; USIC, unité de soins intensifs de cardiologie; USIN, unité de soins intensifs néonataux; USIP, unité de soins intensifs pédiatriques

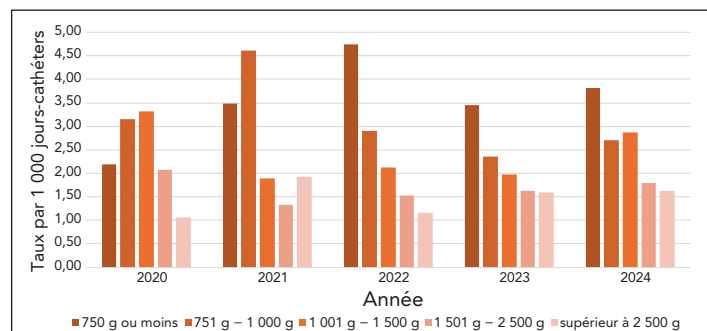
Figure 1 : Taux d'infections des bactériémies sur cathéters centraux pour 1 000 jours-cathéters, par type d'unité de soins intensifs, 2020–2024


Abréviations : USI, unité de soins intensifs; USIC, unité de soins intensifs de cardiologie; USIN, unité de soins intensifs néonataux; USIP, unité de soins intensifs pédiatriques

2021 tant dans les USI mixtes pour adultes que dans les USICV pour adultes, avec respectivement 2,14 et 1,27 infection pour 1 000 jours de cathéter. L'utilisation des cathéters de 2020 à 2024 variait de 70,1 % à 74,2 % dans les USI mixtes pour adultes et de 66,4 % à 87,0 % dans les USIC pour adultes (données disponibles sur demande).

Dans les USI pédiatriques, les BACC-USIN et les BACC-USIP ont fluctué entre 2020 et 2024, les taux de BACC-USIN se situant entre 1,46 et 1,84 infections pour 1 000 jours-ligne (figure 1). En outre, les BACC en USIP ont été les plus faibles en 2021 (1,45 infection pour 1 000 jours-lignes), puis ont augmenté chaque année de 2022 à 2024 (figure 1). Parmi les 65,7 % (n = 318/484) des cas de BACC en USIN provenant des sites participants disposant de données selon le poids à la naissance, les taux d'infections pour 1 000 jours de cathéter étaient les plus élevés chez les nourrissons de plus faible poids à la naissance (1 000 g ou moins) entre 2020 et 2024. Un pic a été observé en 2022 chez les nourrissons de 750 g ou moins (4,75 infections

pour 1 000 jours de cathéter), les taux diminuant généralement à mesure que le poids à la naissance augmentait (figure 2). L'utilisation des cathéters dans les USIP variait entre 58,9 % et 66,6 % de 2020 à 2024, tandis que les USIN affichaient la plus faible utilisation globale de cathéter au cours de la même période, variant de 28,1 % à 29,5 % (données disponibles sur demande).

Figure 2 : Taux d'infections des bactériémies sur cathéters centraux pour 1 000 jours-cathéters, par type d'unité de soins intensifs néonataux, 2020–2024


La mortalité toutes causes confondues sur 30 jours était la plus élevée dans les USI mixtes pour adultes et les USIC pour adultes, à 32,8 % et 31,9 %, respectivement, tandis que la mortalité toutes causes confondues sur 30 jours variait entre 9,7 % et 10,6 % dans les USI pédiatriques et néonatales. Dans l'ensemble, les agents pathogènes les plus fréquemment identifiés parmi les BACC-USI étaient les CoNS (21,8 %) et les espèces du genre *Enterococcus* (21,4 %), ce qui correspond aux agents pathogènes les plus souvent identifiés dans les USI mixtes pour adultes et les USIC pour adultes. Parmi les BACC en USIP et en USIN, les agents pathogènes les plus fréquemment identifiés étaient les CoNS et *S. aureus* (données disponibles sur demande).



Infections du site opératoire de la hanche et du genou

Caractéristiques de l'infection : Entre 2020 et 2024, un total de 712 ISO complexes de la hanche et du genou ont été signalées, les arthroplasties de la hanche représentant la majorité des cas (n = 440, 61,8 %). Parmi ces ISO, 51,8 % (n = 369) étaient des infections d'organe ou d'espace, tandis que 48,2 % (n = 343) des infections d'incision profonde (**tableau 5**). L'âge médian était de 69 ans (ÉI : 60–77 ans) pour les ISO de la hanche et 67 ans (ÉI : 61–75 ans) pour les ISO du genou. Le délai médian entre l'intervention et l'apparition de l'infection était de 23 jours (ÉI : 16–36 jours) pour les ISO de la hanche et 24 jours (ÉI : 18–37 jours) pour les ISO du genou. La durée médiane du séjour était de deux jours pour la hanche (ÉI : 1–7,5 jours) et un jour pour les ISO (ÉI : 1–3 jours) des genou.

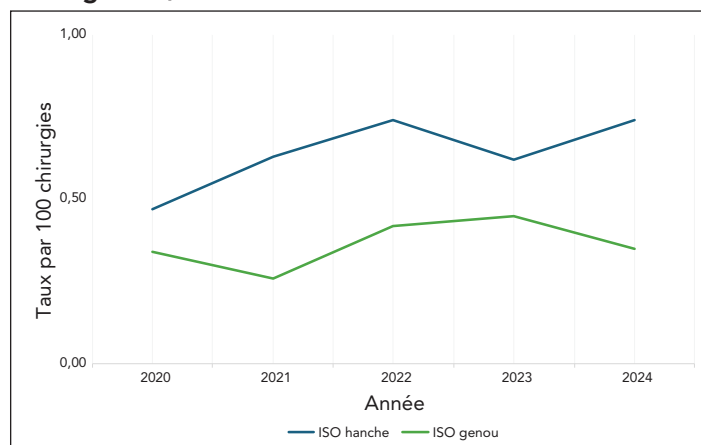
Tableau 5 : Fréquence des infections du site opératoire de la hanche et du genou par année et par type d'infection, 2020–2024

Année	ISO par incision profonde		ISO d'organe ou d'espace		Tous les cas n
	n	%	n	%	
Arthroplastie de la hanche					
2020	22	45,8	26	54,2	48
2021	44	49,4	45	50,6	89
2022	48	46,2	56	53,9	104
2023	47	52,2	43	47,8	90
2024	54	49,5	55	50,5	109
Total	215	48,9	225	51,1	440
Arthroplastie du genou					
2020	14	37,8	23	62,2	37
2021	23	62,2	14	37,8	37
2022	34	54,8	28	45,2	62
2023	34	45,3	41	54,7	75
2024	23	37,7	38	62,3	61
Total	128	47,1	144	52,9	272

Abréviation : ISO, infection du site opératoire

Tendances dans le temps : Entre 2020 et 2023, les taux d'ISO du genou ont augmenté de façon non significative de 32,4 % (0,34–0,45 infection pour 100 interventions, $p = 0,31$), avant de diminuer pour atteindre un taux de 0,35 infection pour 100 interventions en 2024. Les taux d'ISO de la hanche ont fluctué entre 0,47 et 0,74 infections pour 100 interventions chirurgicales ($p = 0,31$) (**figure 3**; appendice, **tableau A2**). La majorité des patients (74,0 %, n = 527/712) ayant subi une ISO de la hanche ou du genou ont été réadmis et 65,3 % (n = 465/712) ont dû subir une reprise chirurgicale. Dans les 30 jours suivant la première culture positive, 15 décès toutes causes confondues (3,5 %, n = 15/440) ont été rapportés parmi les patients ayant subi une ISO complexe à la suite d'une arthroplastie de la hanche, alors qu'aucun décès n'a été rapporté

Figure 3 : Taux d'infections du site opératoire de la hanche et du genou pour 100 interventions chirurgicales, 2020–2024



Abréviation : ISO, infection du site opératoire

parmi les cas d'ISO d'arthroplastie du genou. Les agents pathogènes les plus fréquemment identifiés parmi les ISO de la hanche et du genou étaient *S. aureus* (39,1 %) et CoNS (17,3 %) (**tableau 3**), sans différence significative selon le type d'infection.

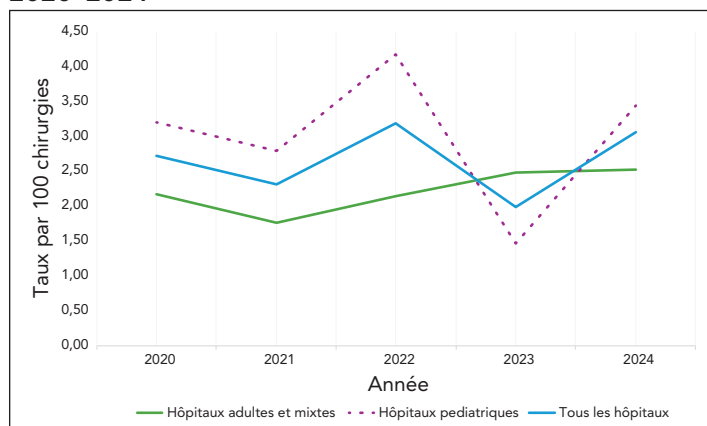
Infections du site opératoire de la dérivation du liquide céphalorachidien

Caractéristiques de l'infection : Entre 2020 et 2024, un total de 103 ISO liées à la dérivation du LCR ont été signalées. L'âge médian était de 49 ans (ÉI : 34–66 ans) pour les patients adultes et deux ans (ÉI : 0,3–11 ans) pour les patients pédiatriques. Le délai médian entre l'intervention et l'apparition de l'infection était de 19 jours (ÉI : 8–40 jours). Plus de la moitié des ISO liées à la dérivation du LCR (54,4 %, n = 56/103) ont été identifiées lors de nouvelles interventions chirurgicales, alors que 45,6 % (n = 47/103) l'ont été lors de reprises chirurgicales. Les femmes représentaient 46,6 % (n = 48/103) des cas.

Tendances dans le temps : Le taux global d'ISO liées à la dérivation du LCR était de 2,64 infections pour 100 interventions chirurgicales (intervalle : 1,99–3,19 infections pour 100 interventions chirurgicales; appendice, **tableau A3**). Les taux d'infection dans les hôpitaux pédiatriques et adultes ou mixtes ne différaient pas de manière significative, avec respectivement 3,07 et 2,18 infections pour 100 interventions chirurgicales ($p = 0,15$). Entre 2020 et 2024, aucune tendance significative n'a été observée dans les taux d'ISO liés aux dérivations du LCR dans les hôpitaux pour adultes et les hôpitaux mixtes (intervalle : 1,76–2,53 infections pour 100 interventions chirurgicales, $p = 0,88$), les hôpitaux pédiatriques (intervalle : 1,47–4,18 infections pour 100 interventions chirurgicales, $p = 0,11$) et tous types d'hôpitaux confondus ($p = 0,50$) (**figure 4**). Les agents pathogènes les plus fréquemment identifiés dans les ISO liées aux dérivations de LCR étaient le CoNS (29,7 %) et *S. aureus* (28,8 %) (**tableau 3**). Les données sur les résultats n'ont pas été recueillies pour la surveillance des ISO liées à la dérivation du LCR.

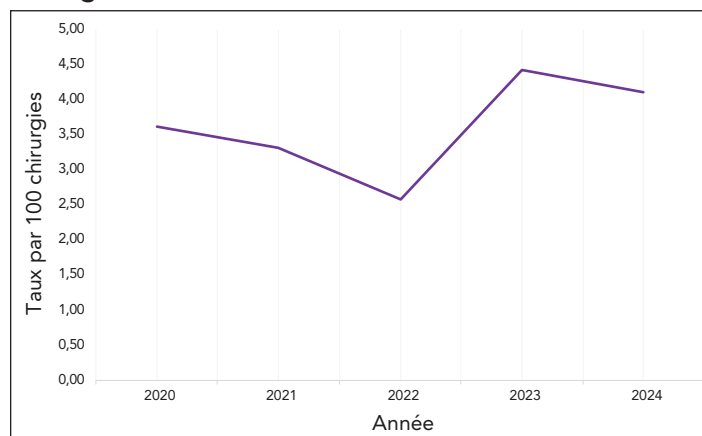


Figure 4 : Taux d'infection du site opératoire de la dérivation du liquide céphalorachidien pour 100 interventions chirurgicales, par type d'hôpital^a, 2020–2024



^a Tous les hôpitaux comprennent les hôpitaux pour adultes, mixtes et pédiatriques participant à la surveillance des infections du site opératoire liées à la dérivation du liquide céphalorachidien

Figure 5 : Taux d'infections du site opératoire cardiaques pédiatriques pour 100 interventions chirurgicales, 2020–2024



Infections du site opératoire cardiaques pédiatriques

Caractéristiques de l'infection : Entre 2019 et 2023, un total de 199 ISO cardiaques pédiatriques ont été signalées (**tableau 6**). La majorité des infections étaient des ISO par incision superficielle (68,8 %), suivie des infections d'organe et d'espace (21,1 %) et des infections d'incision profonde (10,1 %). L'âge médian des patients était de 69 jours (ÉI : 8–365 jours) et le délai médian entre l'intervention chirurgicale et l'apparition de l'infection était de 14 jours (ÉI : 8–22 jours) (données disponibles sur demande). La proportion d'infections d'incision profonde a augmenté de 5,4 % en 2020 à 15,4 % en 2023, suivie d'une diminution à 8,0 % en 2024; cependant, l'augmentation observée entre 2020 et 2023 n'était pas significative ($p = 0,09$, **tableau 6**).

Tendances dans le temps : Le taux global d'ISO cardiaques pédiatriques était de 3,61 infections pour 100 interventions chirurgicales, les taux annuels fluctuant entre 2,59 et 4,43 infections pour 100 interventions chirurgicales (**figure 5**; appendice, **tableau A4**). Aucune tendance significative n'a été

observée au cours de cette période quinquennale. De 2020 à 2024, à 30 jours après l'infection, 70,0 % des patients avaient reçu leur congé. Cinq décès (2,5 % des cas) ont été signalés dans les 30 jours suivant le début de l'infection, y compris un décès directement attribuable aux ISO (données disponibles sur demande). Les agents pathogènes les plus courants identifiés parmi les ISO cardiaques pédiatriques étaient *S. aureus* (59,0 %) et CoNS (14,1 %).

Antibiogramme

Les résultats des tests de sensibilité aux antimicrobiens pour les agents pathogènes à Gram positif, à Gram négatif et fongiques les plus fréquemment identifiés dans les IN liées aux dispositifs et aux interventions chirurgicales sont présentés dans les **figure 6** et **figure 7**. Les isolats de *S. aureus* étaient résistants à la cloxacilline/oxacilline (SARM) dans 15,1 % ($n = 32/212$) des BACC-USI et 11,1 % ($n = 41/370$) des ISO. La résistance au méropénem variait de 0 % à 23 % chez les pathogènes à Gram négatif identifiés dans les BACC-USI. Aucune résistance au méropénem n'a été observée parmi les pathogènes isolés des ISO. Quarante-sept *entérocoques* résistants à la vancomycine ont été identifiés parmi les BACC-USI (24,8 %, $n = 97/391$).

Tableau 6 : Taux d'infections du site opératoire cardiaques pédiatriques par année et par type d'infection, 2022–2024

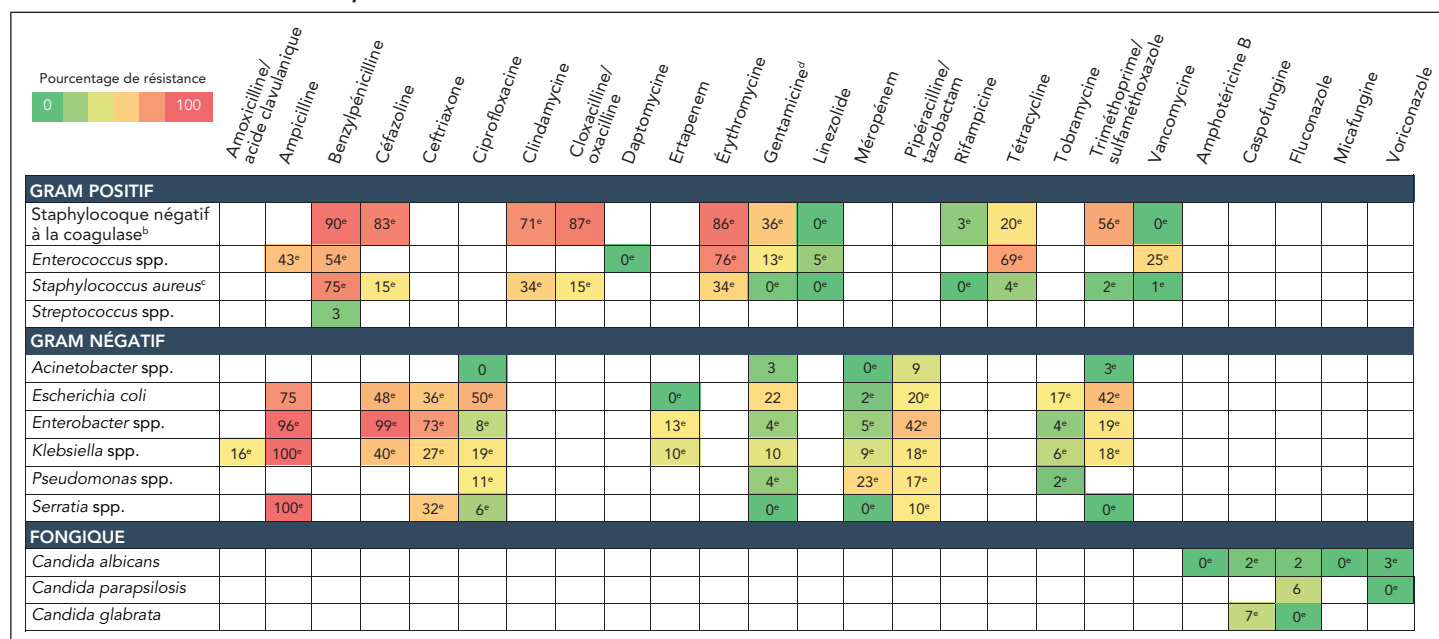
Année	Cas d'ISO par incision superficielle		Cas d'ISO d'organes ou d'espace		Cas d'ISO par incision profonde		Tous les cas ^a
	n	%	n	%	n	%	n
2020	29	78,4 %	6	16,2 %	2	5,4 %	37
2021	23	65,7 %	9	25,7 %	3	8,6 %	35
2022	16	64,0 %	6	24,0 %	3	12,0 %	25
2023	32	61,5 %	12	23,1 %	8	15,4 %	52
2024	37	74,0 %	9	18,0 %	4	8,0 %	50
Total	137	68,8 %	42	21,1 %	20	10,1 %	199

Abréviation : ISO, infection du site opératoire

^a Exclut les cas pour lesquels l'information sur le type d'infection est manquante

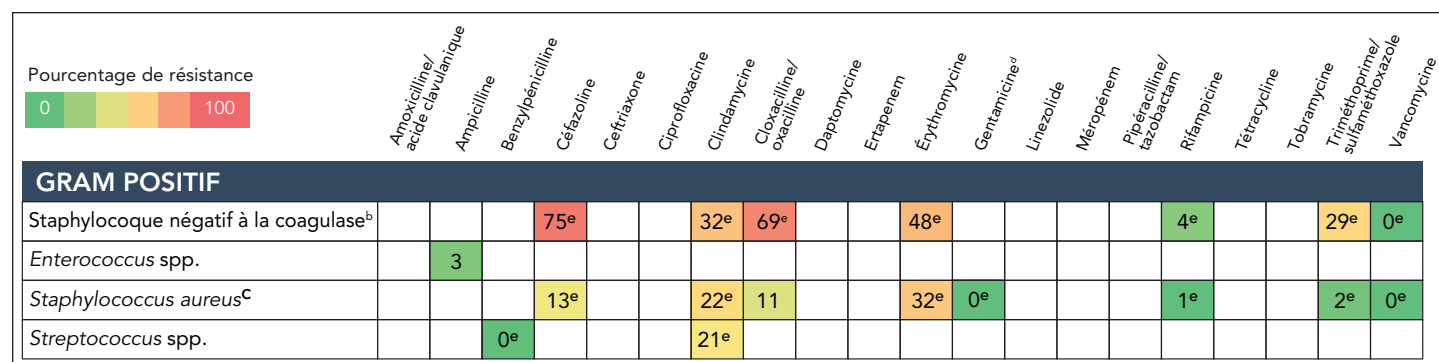


Figure 6 : Résultats de l'antibiogramme^a des agents pathogènes identifiés dans les bactériémies sur cathéters centraux aux soins intensifs, 2020–2024^{b,c,d,e}



^a Les combinaisons antibiotique/organisme comportant moins de 30 tests ont été exclues
^b Les staphylocoques négatifs à la coagulase comprenaient *S. lugdunensis*, *S. haemolyticus*, *S. epidermidis*, *S. capitis*, *S. hominis* et *S. warneri*
^c Comprend les *S. aureus* sensibles à la méthicilline et les *S. aureus* résistants à la méthicilline (SARM)
^d Synergie de la gentamicine pour les organismes à Gram positif
^e Moins de 90 % des isolats ont été testés

Figure 7 : Résultats de l'antibiogramme^a des agents pathogènes identifiés dans les infections du site opératoire de la hanche et du genou, de la dérivation du liquide céphalorachidien et du site opératoire cardiaque pédiatrique, 2020–2024^{b,c,d,e}



^a Les combinaisons antibiotique/organisme comportant moins de 30 tests ont été exclues
^b Les staphylocoques négatifs à la coagulase comprenaient *S. lugdunensis*, *S. haemolyticus*, *S. epidermidis*, *S. capitis*, *S. hominis* et *S. warneri*
^c *Staphylococcus aureus* comprend les *S. aureus* sensibles à la méthicilline et les *S. aureus* résistants à la méthicilline (SARM)
^d Synergie de la gentamicine pour les organismes à Gram positif
^e Moins de 90 % des isolats ont été testés

Discussion

Entre 2020 et 2024, jusqu'à 67 hôpitaux uniques ont soumis des données sur les infections liées aux dispositifs (BACC-USI) et aux interventions chirurgicales, incluant 1 846 BACC-USI et 1 014 infections liées aux interventions chirurgicales. Au total, 3 111 agents pathogènes ont été identifiés dans les BACC-USI et 1 072 agents pathogènes dans les cas liés aux interventions chirurgicales entre 2020 et 2024. Comme l'ont indiqué des rapports de surveillance antérieurs du PCSIN, (10–12), la majorité de ces agents pathogènes étaient des bactéries à Gram positif,

et les plus fréquemment rapportés étaient les staphylocoques à coagulase négative et *S. aureus*.

Bactériémies sur cathéters centraux aux soins intensifs

Globalement, les taux de BACC-USI dans les USI pour adultes de 2020 à 2024 (1,89 et 0,97 infection pour 1 000 jours de cathéter dans les USI mixtes pour adultes et les USIC, respectivement) étaient inférieurs aux taux de BACC-USI rapportés dans les USI pour adultes en Angleterre au cours de la même période



(variant de 1,8 à 3,6 infections pour 1 000 jours de cathéter) (10). Inversement, les taux de BACC dans les USI pour adultes du PCSIN et étaient plus élevés que les taux trimestriels rapportés par 12 USI pour adultes en Australie occidentale (intervalle : 0–0,63 infections par 1 000 jours de ligne) (14). Les comparaisons entre les données du PCSIN et celles d'autres administrations doivent être interprétées avec prudence, car la collecte des données n'est pas normalisée; il peut donc y avoir des différences entre les deux populations comparées.

L'incidence des BACC dans les unités de soins intensifs pédiatriques et néonatales déclarées par le PCSIN était plus élevée qu'en Angleterre, où les taux ont diminué entre les exercices 2020 et 2024 (1,0 et 0,8 infections pour 1 000 jours-ligne, respectivement) (10). Les taux de BACC-USI néonatales rapportés en Corée du Sud entre 2020 et 2022 étaient inférieurs de 12 % aux taux rapportés par le PCSIN au cours de la même période (1,39 contre 1,58 infections pour 1 000 jours-ligne) (15).

Les différences dans les ratios d'utilisation des cathéters ont probablement contribué à la variation observée du fardeau des BACC dans les USI, avec des ratios d'utilisation des cathéters plus élevés dans les unités de soins intensifs pour adultes (66 %–87 %) que dans les USIN (28 %–30 %). La mortalité toutes causes à 30 jours était la plus élevée dans les unités de soins intensifs pour adultes (32 %–33 %), ce qui est cohérent avec une gravité de base plus importante, tandis que la mortalité en pédiatrie et en néonatalogie demeurait nettement plus faible (9,7 %–11 %), reflétant des profils de risque différents selon les types d'unités de soins intensifs. La mortalité toutes causes à 30 jours était la plus élevée dans les unités de soins intensifs pour adultes (32 %–33 %), ce qui est cohérent avec une gravité de base plus importante, tandis que la mortalité en pédiatrie et en néonatalogie demeurait nettement plus faible (9,7 %–11 %). La mortalité toutes causes à 30 jours était la plus élevée dans les unités de soins intensifs pour adultes (32 %–33 %), ce qui est cohérent avec une gravité de base plus importante, tandis que la mortalité en pédiatrie et en néonatalogie demeurait nettement plus faible (9,7 %–11 %).

Infections du site opératoire

Infections du site opératoire de la hanche et du genou :

Les taux d'ISO de la hanche ont fluctué selon les années de déclaration, tandis que les taux d'ISO du genou ont augmenté de façon non significative entre 2020 et 2023, avant de diminuer de nouveau en 2024. Les taux d'ISO de la hanche et du genou montrent une variation continue entre les administrations. Les tendances à long terme des hôpitaux du National Health Service en Angleterre indiquent une diminution régulière et soutenue de l'incidence des ISO de la hanche et du genou en milieu hospitalier au cours de la dernière décennie, de 2015 à 2025 (16). De 2020 à 2024, les taux d'ISO de la hanche en Australie-Occidentale étaient plus élevés que ceux rapportés par le PCSIN (0,75 contre 0,64 infection pour 100 interventions),

tandis que les taux d'ISO du genou étaient plus faibles (0,29 contre 0,36 pour 100 interventions) (14).

Infections du site opératoire de la dérivation du liquide

céphalorachidien : Le taux global d'ISO liées à la dérivation du LCR était de 2,55 pour 100 interventions chirurgicales entre 2020 et 2024. Le taux est similaire à celui précédemment rapporté par le PCSIN de 2019 à 2023 (2,89 pour 100 interventions); toutefois, les différences peuvent refléter des changements dans la participation des hôpitaux (deux hôpitaux de moins ont participé à la déclaration des ISO liées aux dérivations du LCR en 2024 au moment de cette étude) (10). Une enquête nationale menée en Angleterre en 2017 a fait état d'un taux moyen d'infection liées aux dérivations du LCR de 1,9 % (intervalle : 0 %–4,4 %), ce qui est inférieur au taux global rapporté par le PCSIN (17). En revanche, une étude rétrospective menée dans un seul centre en Suède a révélé un taux plus élevé d'infection par la dérivation du LCR de 4,8 % chez les patients adultes ayant subi une chirurgie hydrocéphalique entre 2013 et 2019 (16).

Les taux d'infection liés aux dérivations du liquide céphalorachidien varient considérablement selon la population (pédiatrique vs adulte), le centre et le pays (18). Combiné à un manque de littérature récente, cela limite les comparaisons des données de ce rapport avec celles d'autres régions; par conséquent, les ISO liées aux dérivations du LCR rapportées durant cette période ont été comparées aux données de surveillance du PCSIN publiées antérieurement (10,11,19). Conformément aux résultats précédents, les taux d'ISO liées aux dérivations du LCR ont fluctué entre 2020 et 2024 (10,11,19). Les taux observés de 2020 à 2024 étaient inférieurs à ceux rapportés dans des périodes antérieures (2000–2002), tant chez les patients pédiatriques (3,1 % contre 4,9 %) que chez les patients adultes (2,2 % contre 3,2 %), et étaient comparables au rapport le plus récent (10,19).

Infections du site opératoire cardiaques pédiatriques :

De 2020 à 2024, les hôpitaux du PCSIN ont rapporté un taux global d'ISO cardiaques pédiatriques de 3,7 infections pour 100 interventions, sans tendance significative observée sur la période de cinq ans. En raison de l'absence de rapports nationaux publiés provenant d'autres administrations, ces données n'ont pas pu être comparées directement à celles d'autres pays. Des études monocentriques provenant de plusieurs juridictions ont observé des taux variables d'ISO cardiaques pédiatriques : de 0,9 infection pour 100 interventions dans un centre en Californie, aux États-Unis (20) à 1,97 dans un centre en Ontario, au Canada de 2022 à 2023 (21), jusqu'à 4,34 dans un centre au Chili de 2015 à 2020 (22). Cependant, ces études peuvent ne pas être représentatives de l'ensemble du pays. Comparativement aux données de surveillance du CNISP déjà publiées, les taux d'ISO cardiaques pédiatriques sont demeurés relativement stables depuis le début de la collecte des données en 2010. De 2011 à 2020, le taux d'infection était de 3,5 pour 100 interventions (11).



Antibiogramme

Les comparaisons pertinentes avec d'autres régions sont limitées en raison de lacunes dans la littérature récente et des variations dans la façon dont les données d'antibiogramme sont rapportées pour les infections liées aux dispositifs et aux interventions chirurgicales. Pour y remédier, nous avons comparé les données de 2020–2024 avec les données de surveillance du PCSIN de 2011–2020; cependant, comme les périodes se chevauchent, les changements observés pourraient ne pas refléter les tendances réelles et devraient être interprétés avec prudence (11). Le pourcentage d'isolats de *S. aureus* qui étaient des SARM parmi les BACC-USI (15 %) et les ISO (11 %) dans le réseau du PCSIN est demeuré relativement stable au cours de la période 2020–2024 par rapport aux données de surveillance antérieures de 2011–2020, où les SARM représentaient 15 % des BACC-USI et 14 % des ISO. Parmi les *Enterococcus* spp. identifiés dans les BACC-USI, 25 % étaient des *Enterococci* résistants à la vancomycine, contre 16 % en 2011–2020 (11). Au cours de la période 2011–2020, les résultats de la résistance au méropénem chez les *Pseudomonas* spp. identifiés dans les BACC-USI n'étaient pas disponibles; cependant, dans les rapports de surveillance ultérieurs du PCSIN, une diminution de la résistance a été observée; de 38 % en 2018–2022 à 30 % en 2019–2023 et 23 % en 2020–2024 (10,12). La résistance au méropénem parmi les autres pathogènes à Gram négatif identifiés dans les BACC-USI variait de 0 % à 9 % en 2020–2024 et de 2 % à 7 % en 2011–2020 (11).

Points forts et limites

Le principal atout de la surveillance du PCSIN est la collecte normalisée de données épidémiologiques et moléculaires détaillées provenant d'un vaste réseau représentatif d'hôpitaux sentinelles à travers le Canada. De 2020 à 2024, la couverture par le PCSIN des lits de soins de courte durée au Canada est passée de 35 % à 49 %, avec notamment une représentativité accrue des populations nordiques, communautaires, rurales et autochtones. Pour améliorer encore la représentativité, le PCSIN a lancé un ensemble de données simplifié accessible à tous les hôpitaux de soins de courte durée du Canada, afin de collecter et de visualiser les données sur les taux annuels d'IN. Malgré la meilleure représentativité des données de surveillance du PCSIN, le nombre d'hôpitaux participant à chaque projet de surveillance des IN était différent et les données épidémiologiques recueillies se limitaient aux renseignements disponibles dans les dossiers des patients. En ce qui concerne la surveillance des BACC, les données étaient limitées aux infections survenant dans les USI et, de ce fait, ne représentent qu'un sous-ensemble des BACC survenant à l'hôpital. De plus, lorsque nous comparons nos taux d'infection aux données provenant d'autres pays, il faut tenir compte de plusieurs limites, y compris les différences dans les méthodes de surveillance, les populations de patients et le nombre et les types d'hôpitaux sous surveillance.

Conclusion

Ce rapport résume 1 846 infections liées à des dispositifs et 1 014 infections liées à des interventions chirurgicales ainsi que les données d'antibiogrammes identifiées au cours de cinq années de surveillance (2020–2024) dans 67 hôpitaux du pays. Au cours de cette période, les taux d'infections nosocomiales liées aux dispositifs et aux interventions chirurgicales ont fluctué d'une année à l'autre, sans tendance significative sur l'ensemble de la période étudiée. La collecte et l'analyse des données de surveillance nationales sont importantes pour comprendre et réduire le fardeau des IN liées aux dispositifs et aux interventions chirurgicales. Ces données fournissent des taux de référence pour les comparaisons nationales et internationales et permettent d'orienter les programmes et politiques de gestion des antimicrobiens et de prévention et de contrôle des infections.

Déclaration des auteurs

Les hôpitaux du Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales ont apporté leur expertise dans l'élaboration de protocoles ainsi que dans la collecte et la soumission de données épidémiologiques et microbiologiques. Des épidémiologistes de l'Agence de la santé publique du Canada ont été chargés de la conception, de l'analyse, de l'interprétation, de la rédaction et de la révision de l'article.

Intérêts concurrents

Aucun.

Remerciements

Nous remercions les médecins, les épidémiologistes, les spécialistes de la lutte contre les infections et le personnel de laboratoire de chaque hôpital participant pour leur contribution : Hôpital général de Vancouver (VGH), Vancouver, Colombie-Britannique (BC); Hôpital général de Richmond, Richmond, BC; Hôpital de l'Université de la Colombie-Britannique, Vancouver, BC; Lion's Gate, North Vancouver, BC; Hôpital général de Victoria, Victoria, BC; Hôpital Royal Jubilee, Victoria, BC; Hôpital général régional de Nanaimo, Nanaimo, BC; BC Women's Hospital, Vancouver, BC; Hôpital pour enfants de la Colombie-Britannique, Vancouver, BC; Hôpital général de Kelowna, Kelowna, BC; Hôpital régional de Penticton, Penticton, BC; Hôpital universitaire Northern BC, Prince George, BC; Hôpital régional d'Abbotsford, Abbotsford, BC; Hôpital général de Chilliwack, Chilliwack, BC; Hôpital Royal Columbian, New Westminster, BC; Hôpital Memorial de Surrey, Surrey, BC; Centre Peter Lougheed, Calgary, Alberta (AB); Hôpital général Rockyview, Calgary, AB; South Health Campus, Calgary, AB; Centre médical Foothills, Calgary, AB; Hôpital pour enfants de l'Alberta, Calgary, AB; Hôpital de l'université de l'Alberta,



Edmonton, AB; Hôpital pour enfants Stollery, Edmonton, AB; Hôpital Royal Universitaire, Saskatoon, Saskatchewan (SK); Hôpital général de Regina, Regina, SK; Hôpital Pasqua, Regina, SK; Hôpital St. Paul's, Saskatoon, SK; Centre des sciences de la santé-Winnipeg, Winnipeg, Manitoba (MB); Hôpital pour enfants de l'Université du Manitoba, Winnipeg, MB; Children's Hospital of Western Ontario, London, Ontario (ON); Hôpital Victoria, London, ON; Hôpital universitaire, London, ON; Hôpital Toronto General, Toronto, ON; Hôpital Toronto Western, Toronto, ON; Hôpital Mount Sinai, Toronto, ON; Hôpital Sunnybrook, Toronto, ON; Hôpital général de Kingston, Kingston, ON; L'Hôpital pour enfants malades, Toronto, ON; Hôpital pour enfants McMaster, Hamilton, ON; Centre de soins de santé St-Joseph, Hamilton, ON; Hôpital et Centre de cancérologie Juravinski, Hamilton, ON; Centre des sciences de la santé de Hamilton, Hamilton, ON; le Campus Civic de l'Hôpital d'Ottawa, Ottawa, ON; Campus Général de l'hôpital d'Ottawa, Ottawa, ON; Institut de cardiologie de l'Université d'Ottawa, Ottawa, ON; Centre hospitalier pour enfants de l'est de l'Ontario (CHEO), Ottawa, ON; Hôpital général North York, Toronto, ON; Hôpital régional de Sudbury, Sudbury, ON; SMBD — Hôpital général juif, Montréal, Québec (QC); Hôpital de Montréal pour enfants, Montréal, QC; Hôpital Maisonneuve-Rosemont, Montréal, QC; Hôtel-Dieu de Québec, QC; Centre hospitalier de l'Université de Montréal, Montréal, QC; Hôpital général de Montréal, Montréal, QC; Centre Hospitalier Universitaire Sainte-Justine, Montréal, QC; Hôpital Royal Victoria, Montréal, QC; Hôpital neurologique de Montréal, Montréal, QC; L'hôpital de Moncton, Moncton, Nouveau-Brunswick (NB); Halifax Infirmary, Halifax, Nouvelle-Écosse (NS); Victoria General, Halifax, NS; Hôpital général de Dartmouth, Halifax, NS; Centre de Santé IWK, Halifax, NS; General Hospital & Miller Centre, St. John's, Terre-Neuve-et-Labrador (NL); Centre de santé et de réhabilitation de l'Hôpital pour enfants Janeway, St. John's, NL; Hôpital St. Clare's Mercy, St. John's, NL; Hôpital régional Western Memorial, Corner Brook, NL; Centre de santé régional James Paton, Gander, NL.

Nous remercions le personnel de l'Agence de la santé publique du Canada au Centre de la lutte contre les maladies transmissibles et les infections, Ottawa, Ontario (J. Bartoszko, J. Cayen, K. Choi, N. Jeyakumar, D. Lee, M. LaFreniere, C. Lybeck, C. McClellan, E. McGill, A. Neitzel, N. Papayiannakis, S. Rudat, A. Silva, Z. Suleman, O. Varsaneux) et le Laboratoire national de microbiologie, Winnipeg, Manitoba (S. Ahmed, A. Bangit, A. Bharat, T. Du, R. Edirmanasinghe, K. Fakharuddin, G. Golding, G. Grewal, R. Hizon, X. Li, L. Mataseje, M. McCracken, M. Reimer, N. Lermينياux, J. Tinsley).

Financement

Ce travail a été soutenu par l'Agence de la santé publique du Canada.

Références

1. Institut canadien d'information sur la santé. Les préjudices dans les hôpitaux canadiens... une réalité. Ottawa, ON : ICIS; 2025. [Consulté le 27 janv. 2026]. <https://www.cihi.ca/fr/les-prejudices-dans-les-hopitaux-canadiens-une-realite>
2. Institut canadien d'information sur la santé. Résultats de l'indicateur Préjudices à l'hôpital, 2014-2015 à 2024-2025. Ottawa, ON : ICIS; 2025. <https://www.cihi.ca/sites/default/files/document/hospital-harm-results-2014-2024-data-tables-fr.xlsx>
3. Al-Tawfiq JA, Tambyah PA. Healthcare associated infections (HAI) perspectives. *J Infect Public Health* 2014;7(4):339-44. DOI PubMed
4. Petrosyan Y, Thavorn K, Maclure M, Smith G, Mclsaac DI, Schramm D, Moloo H, Preston R, Forster AJ. Long-term health outcomes and health system costs associated with surgical site infections: a retrospective cohort study. *Ann Surg* 2021;273(5):917-23. DOI PubMed
5. Mitchell R, Lee D, Bartoszko J, Lybeck C, Benoit MÈ, Comeau J, Ellison J, Frenette C, Happe J, Haslam N, Lee B, Mertz D, Smith SW, Thirion D, Wong A, Science M, Hota S. Trends in healthcare-associated infections and antimicrobial-resistant organisms among adults in Canadian acute care hospitals: findings from four point prevalence surveys, 2002 to 2024. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2025;46(10):1-8. DOI PubMed
6. Moriyama K, Ando T, Kotani M, Tokumine J, Nakazawa H, Motoyasu A, Yorozu T. Risk factors associated with increased incidences of catheter-related bloodstream infection. *Medicine (Baltimore)* 2022;101(42):e31160. DOI PubMed
7. Simon S, Hollenbeck B. Risk factors for surgical site infections in knee and hip arthroplasty patients. *Am J Infect Control* 2022;50(2):214-6. DOI PubMed
8. Simon TD, Butler J, Whitlock KB, Browd SR, Holubkov R, Kestle JR, Kulkarni AV, Langley M, Limbrick DD Jr, Mayer-Hamblett N, Tamber M, Wellons JC 3rd, Whitehead WE, Riva-Cambrin J; Hydrocephalus Clinical Research Network. Risk factors for first cerebrospinal fluid shunt infection: findings from a multi-center prospective cohort study. *J Pediatr* 2014;164(6):1462-8.e2. DOI PubMed
9. Wenzler E, Maximos M, Asempa TE, Biehle L, Schuetz AN, Hirsch EB. Antimicrobial susceptibility testing: An updated primer for clinicians in the era of antimicrobial resistance: Insights from the Society of Infectious Diseases Pharmacists. *Pharmacotherapy* 2023;43(4):264-78. DOI PubMed



10. Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales. Infections liées aux dispositifs médicaux et aux interventions chirurgicales dans les hôpitaux de soins de courte durée au Canada, 2019–2023. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2025;51(6/7):290–304. DOI
11. Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales. Infections liées aux instruments médicaux et aux interventions chirurgicales dans les hôpitaux de soins aigus du Canada de 2011 à 2020. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2022;48(7/8):357–72. DOI
12. Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales. Infections associées aux soins de santé et résistance aux antimicrobiens dans les hôpitaux canadiens de soins de courte durée, 2018–2022. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2024;50(6):197–216. DOI
13. UK Health Security Agency. Surveillance of bloodstream infections in critical care units, England: May 2016 to March 2025 report. London, UK: UKHSA; 2026. [Consulté le 27 janv. 2026]. <https://www.gov.uk/government/statistics/surveillance-of-bloodstream-infections-in-critical-care-england/surveillance-of-bloodstream-infections-in-critical-care-units-england-may-2016-to-march-2025>
14. Healthcare Infection Surveillance Western Australia. Aggregate report. Quarter 2, October–December 2024. Perth, AU: HISWA; 2025. [Consulté le 27 janv. 2026]. https://www.health.wa.gov.au/~media/Corp/Documents/Health-for/Infectious-disease/HISWA/HISWA_Agg_Report_Q2-Oct_Dec_2024-25.pdf
15. Korea Disease Control and Prevention Agency. Annual Report of the Korean National Healthcare-Associated Infections Surveillance System (KONIS) 2022. Cheongju-si, KOR: KDCA; 2024. [Consulté le 19 janv. 2026]. [https://www.kdca.go.kr/sites/kdca/download/2022년+전국의료관련감염감시체계\(KONIS\)+감시연보.pdf](https://www.kdca.go.kr/sites/kdca/download/2022년+전국의료관련감염감시체계(KONIS)+감시연보.pdf)
16. UK Health Security Agency. Surveillance of surgical site infections in NHS hospitals in England: April 2024 to March 2025. London, UK: UKHSA; 2025. [Consulté le 30 janv. 2026]. <https://assets.publishing.service.gov.uk/media/69383a867a605b2d61cd8fa0/SSISS-annual-report-2024-to-2025.pdf>
17. Wong J, Ho C, Scott G, Machin JT, Briggs T. Getting It Right First Time: the national survey of surgical site infection rates in NHS trusts in England. *Ann R Coll Surg Engl* 2019;101(7):463–71. DOI PubMed
18. Khalil F, Saemundsson B, Backlund A, Frostell A, Arvidsson L. Revision and infection rate in 728 shunt-treated adult hydrocephalus patients—a single-center retrospective study. *World Neurosurg* 2024;192:e402–9. DOI PubMed
19. Langley JM, Gravel D, Moore D, Matlow A, Embree J, MacKinnon-Cameron D, Conly J; Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program. Study of cerebrospinal fluid shunt-associated infections in the first year following placement, by the Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2009;30(3):285–8. DOI PubMed
20. Caruso TJ, Wang EY, Schwenk H, Marquez JL, Cahn J, Loh L, Shaffer J, Chen K, Wood M, Sharek PJ. A Postoperative Care Bundle Reduces Surgical Site Infections in Pediatric Patients Undergoing Cardiac Surgeries. *Jt Comm J Qual Patient Saf* 2019;45(3):156–63. DOI PubMed
21. Chau N, Tran C, Clarke M, Kilburn J, St George-Hyslop C, Young D, Merklinger SL, Mosolanczki E, Trinder V, O'Hare J, Clarke K, McCormick K, Vanderlaan RD. Pediatric cardiac surgical site infections: A single-center quality improvement initiative. *JTCVS Open* 2024;22:438–47. DOI PubMed
22. Jiménez PD, Valderrama EP, Correa IN, Cerda LJ, Riquelme PMI, Becker RP, González FR, Scheu GC, Clavería RC. Surgical Site Infection in Pediatric Patients Undergoing Cardiac Surgery with Delayed Sternal Closure: experience from a Center in Chile (2015-2020). *Pediatr Cardiol* 2025. DOI PubMed

Appendice

Du matériel supplémentaire est disponible sur demande auprès de l'auteur : cnisp-pcsin@phac-aspc.gc.ca

Définitions de cas

Tableau A1 : Taux d'infections du système sanguin associées aux cathéters centraux pour 1 000 jours-cathéters, par type d'unité de soins intensifs, 2020–2024

Tableau A2 : Taux d'infections du site opératoire de la hanche et du genou pour 100 interventions chirurgicales, 2020–2024

Tableau A3 : Taux d'infection du site opératoire de la dérivation du liquide céphalorachidien pour 100 interventions chirurgicales, par type d'hôpital, 2020–2024

Tableau A4 : Taux d'infections du site opératoire cardiaques pédiatriques pour 100 interventions chirurgicales, 2020–2024



Infections associées aux soins de santé et résistance aux antimicrobiens dans les hôpitaux canadiens de soins de courte durée, 2020–2024

Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales^{1*}

Résumé

Contexte : Les infections associées aux soins de santé (IASS) et la résistance aux antimicrobiens (RAM) continuent de contribuer à la morbidité et à la mortalité excessives parmi les Canadiens.

Objectif : Décrire les caractéristiques épidémiologiques et de laboratoire ainsi que les tendances des IASS et de la RAM pour la période 2020 à 2024 en utilisant les données de surveillance et de laboratoire soumises par les hôpitaux au Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales (PCSIN) et par les laboratoires provinciaux et territoriaux au Laboratoire national de microbiologie (LNM).

Méthodes : Des données ont été recueillies auprès de 109 hôpitaux sentinelles canadiens de soins de courte durée entre le 1^{er} janvier 2020 et le 31 décembre 2024 pour les infections à *Clostridioides difficile* (ICD), les bactériémies à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SARM), les bactériémies à *Enterococcus* résistant à la vancomycine (ERV), en particulier *Enterococcus faecalis* et *Enterococcus faecium*, les infections et colonisations aux entérobactéries productrices de carbapénémases (EPC) et à *Acinetobacter baumannii* productrice de carbapénémase (APC) et les infections et colonisations à *Candidozyma auris* (*C. auris*; anciennement *Candida auris*). L'analyse des tendances concernant le nombre de cas, les taux d'incidence (taux), les résultats, la caractérisation moléculaire et les profils de résistance aux antimicrobiens est présentée.

Résultats : De 2020 à 2024, les taux sont demeurés relativement stables pour les ICD (fourchette : 5,01–5,38 infections pour 10 000 jours-patients) et les bactériémies à SARM (fourchette : 0,99–1,16 infection pour 10 000 jours-patients) et a augmenté considérablement pour les bactériémies à ERV (de 0,30–0,42 infection pour 10 000 jours-patients; $p = 0,01$). Au cours de cette période, les taux d'infection aux EPC sont demeurés faibles par rapport aux autres IASS, mais ont beaucoup augmenté (taux : 0,05–0,20; $p = 0,03$), le nombre d'infections à APC demeure très faible ($n = 22$ infections) et le nombre de cas de *C. auris* est resté faible par rapport aux autres IASS ($n = 43$ isolats).

Conclusion : L'incidence des bactériémies à SARM et des ICD est demeurée stable tandis que les bactériémies à ERV et les infections aux EPC ont augmenté dans les hôpitaux canadiens de soins de courte durée participant au PCSIN. Un nombre accru d'isolats de *C. auris* a été identifié. La communication de données de surveillance normalisées pour éclairer la mise en œuvre des pratiques de prévention et de contrôle des infections dans les hôpitaux de soins de courte durée est essentielle pour contribuer à réduire le fardeau des IASS et de la RAM au Canada.

Citation proposée : Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales. Infections associées aux soins de santé et résistance aux antimicrobiens dans les hôpitaux canadiens de soins de courte durée, 2020–2024. Relevé des maladies transmissibles au Canada 2026;52(5):227–46. <https://doi.org/10.14745/ccdr.v52i05a05f>

Mots-clés : infections associées aux soins de santé, infections acquises en communauté, résistance aux antimicrobiens, surveillance, infection à *Clostridioides difficile*, *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline, *Enterococcus* résistant à la vancomycine, entérobactéries productrices de carbapénémases, *Escherichia coli*, *Candidozyma auris*, Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales

Cette oeuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale Creative Commons Attribution 4.0.



Affiliation

¹ Centre de la lutte contre les maladies transmissibles et les infections, Agence de la santé publique du Canada, Ottawa, ON

*Correspondance :

cnisp-pcsine@phac-aspc.gc.ca



Introduction

Bien qu'elles soient souvent évitables, les infections associées aux soins de santé (IASS) représentent l'un des événements indésirables les plus courants auxquels sont confrontés les patients dans les établissements de soins de courte durée à l'échelle mondiale (1). Outre l'augmentation de la morbidité et de la mortalité, les IASS sont associées à des séjours plus longs dans les hôpitaux et à des coûts de soins plus élevés (1). Au Canada, une enquête de prévalence ponctuelle menée en 2024 a estimé que la prévalence des patients ayant subi au moins une IASS était de 8,1 % (2). La prévalence des IASS de 2019 à 2023 a été estimée à 7,6 % en Angleterre, 8,0 % en Europe et 9,9 % en Australie (3–5).

De nombreux microorganismes responsables d'IASS présentent des niveaux élevés de résistance aux antimicrobiens (RAM), et l'augmentation des taux de résistance menace les progrès réalisés dans la réduction de l'incidence des IASS (6). Les infections causées par des organismes résistants entraînent un risque de décès d'environ 85 % supérieur à celui des infections causées par des organismes sensibles; en 2019, les infections bactériennes liées à la RAM ont été associées à environ cinq millions de décès dans le monde (7,8). Les données provenant du Canada et d'autres pays démontrent que les bactériémies à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SARM) nosocomiales entraînent une morbidité et une mortalité importantes, des hospitalisations plus longues et une augmentation des coûts des soins de santé (9–12). La prévalence de la RAM devrait atteindre 40 % d'ici 2050 (13). Selon ce scénario, on estime que 13 700 Canadiens pourraient mourir chaque année d'infections résistantes, ce qui représenterait une charge économique de 21 milliards de dollars par an pour le produit intérieur brut (PIB) du Canada (13). En outre, l'apparition de nouveaux organismes résistants, tels que *Candidozyma auris* (*C. auris*; anciennement *Candida auris*), a entraîné la nécessité d'une surveillance renforcée et d'une révision des pratiques existantes de prévention et de contrôle des infections (14).

Au Canada, l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC) recueille des données nationales sur diverses IASS et sur la RAM dans le cadre du Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales (PCSIN). Conformément aux éléments fondamentaux de l'Organisation mondiale de la Santé (OMS) en matière de prévention et de contrôle des infections (15), le PCSIN exerce une surveillance cohérente et normalisée afin d'estimer de manière fiable la charge des IASS, d'établir des taux de référence à des fins de comparaison nationale et internationale, d'identifier les facteurs de risque et d'évaluer et d'éclairer les interventions précises visant à améliorer les résultats pour la santé des patients. Les données fournies par le PCSIN soutiennent directement les objectifs de collaboration décrits dans le *Plan d'action pancanadien sur la résistance aux antimicrobiens* (16) et fournissent des renseignements

essentiels sur de nombreux agents pathogènes résistants aux antimicrobiens figurant sur la liste des agents pathogènes résistants aux antimicrobiens prioritaires du Canada pour 2025 (17).

Ce rapport décrit les données de surveillance des IASS et de la RAM les plus récentes recueillies auprès des hôpitaux participant au PCSIN entre 2020 et 2024.

Méthodes

Conception

Créé en 1994, le PCSIN est le fruit d'une collaboration entre l'ASPC, l'Association pour la microbiologie médicale et l'infectiologie Canada et des hôpitaux sentinelles de tout le pays. L'objectif du PCSIN est de faciliter et d'éclairer la prévention, le contrôle et la réduction des IASS et des organismes résistants aux antimicrobiens dans les hôpitaux de soins de courte durée au Canada par le biais d'une surveillance active et de rapports. Le PCSIN effectue une surveillance prospective et sentinelle des IASS (y compris des organismes résistants aux antimicrobiens) (18).

Définitions de cas

Des définitions de cas normalisées pour les infections nosocomiales et acquises en communauté (AC) ont été utilisées. La définition des cas de surveillance et les critères d'admissibilité pour 2024 sont disponibles sur demande auprès de l'auteur.

Sources de données

Entre le 1^{er} janvier 2020 et le 31 décembre 2024, les hôpitaux participants ont transmis des données épidémiologiques et des isolats pour les cas répondant aux définitions de cas respectives pour les infections à *Clostridioides difficile* (ICD), les bactériémies à SARM, les bactériémies à *Enterococcus* résistant à la vancomycine (ERV), en particulier *Enterococcus faecalis* et *Enterococcus faecium*, et les infections ou colonisations aux entérobactéries productrices de carbapénémase (EPC) et à *Acinetobacter baumannii* productrices de carbapénémase (APC). Les isolats de *C. auris* (infections ou colonisations) ont été identifiés par les laboratoires provinciaux et territoriaux et les laboratoires des hôpitaux participants.

En 2024, 109 hôpitaux dans 10 provinces et un territoire ont participé à la surveillance des IASS et sont décrits plus en détail dans le **tableau 1**. La participation des hôpitaux a varié selon le projet de surveillance et l'année (des documents supplémentaires sont disponibles sur demande auprès de l'auteur). Dans le cadre de la surveillance des IASS du PCSIN en 2024, les admissions de patients ont été classées en fonction de la taille des lits d'hôpital : petits (1 à 200 lits, n = 56 sites, 51,3 %), moyens (201 à 499 lits, n = 33 sites, 30,3 %) et



Tableau 1 : Résumé des hôpitaux participant au Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales, par région, 2024

Caractéristiques des hôpitaux	Région				Total
	Ouest ^a	Centre ^b	Est ^c	Nord ^d	
Nombre total d'hôpitaux	44	38	26	1	109
Type d'hôpital					
Adulte ^e	20	15	16	0	51
USIN-adulte	2	6	0	0	8
Mixte ^f	17	11	8	1	37
Pédiatrique ^g	4	4	1	0	9
Pédiatrique-OB	1	2	1	0	4
Taille de l'hôpital					
Petit (1 à 200 lits)	20	13	22	1	56
Moyen (201 à 499 lits)	15	15	3	0	33
Grand (500 lits et plus)	9	10	1	0	20
Admissions et congés					
Nombre total de lits	13 164	13 429	3 207	26	29 826
Nombre total d'admissions	634 776	583 028	112 601	1 935	1 332 340
Nombre total de jours-patients	5 148 759	4 455 471	1 038 466	6 405	10 649 101

Abréviations : OB, obstétrique; USIN, unité de soins intensifs néonataux

^a Par « Ouest », on désigne la Colombie-Britannique, l'Alberta, la Saskatchewan et le Manitoba

^b Par « Centre », on désigne l'Ontario et le Québec

^c Par « Est », on désigne la Nouvelle-Écosse, le Nouveau-Brunswick, l'Île-du-Prince-Édouard et Terre-Neuve-et-Labrador

^d Par « Nord », on désigne le Yukon, les Territoires du Nord-Ouest et le Nunavut

^e Hôpitaux autonomes pour adultes, à l'exclusion des établissements pour adultes disposant d'une unité de soins intensifs néonataux

^f Les hôpitaux mixtes dispensent des soins aux adultes et aux enfants

^g Les hôpitaux pédiatriques autonomes, à l'exclusion des établissements mixtes comprenant des services féminins et obstétricaux

grands (plus de 500 lits, n = 20 sites, 18,3 %). Dans l'ensemble, 44 sites (40 %) se trouvaient dans l'ouest du Canada (Colombie-Britannique, Alberta, Saskatchewan et Manitoba), 38 (35 %) dans le centre du Canada (Ontario et Québec), 26 (24 %) dans l'est du Canada (Nouvelle-Écosse, Nouveau-Brunswick, Île-du-Prince-Édouard et Terre-Neuve-et-Labrador) et un (0,9 %) dans le nord du Canada (Yukon, Territoires du Nord-Ouest et Nunavut) (tableau 1). En plus des types d'hôpitaux pour adultes, mixte et pédiatrique déclarés les années précédentes, le PCSIN a ajouté deux catégories supplémentaires de types d'hôpitaux en 2024. Les unités de soins intensifs néonataux et pour adultes (USIN-adulte) et les unités de soins pédiatriques et obstétricaux (Pédiatrique-OB) ont été ajoutées en tant que types d'hôpitaux afin de mieux caractériser la population de patients desservie par ces établissements.

Les données épidémiologiques (démographiques, cliniques et de résultats) et les données de dénominateur (jours-patients et admissions de patients) ont été collectées et soumises par les hôpitaux participants par l'intermédiaire du Réseau canadien de renseignements sur la santé publique, une plateforme de données en ligne sécurisée.

Des groupes de travail composés d'experts en maladies infectieuses examinent chaque année les protocoles normalisés

et les définitions de cas; le personnel des hôpitaux participant au PCSIN reçoit une formation sur la transmission des données, selon les besoins. La qualité des données des projets de surveillance est évaluée périodiquement. Plus de détails sur la méthodologie ont été publiés précédemment (19,20).

Données de laboratoire

Tous les isolats de laboratoire liés aux patients (échantillons de selles pour les cas d'ICD) ont été envoyés au Laboratoire national de microbiologie (LNM) de l'ASPC pour une caractérisation moléculaire et des tests de sensibilité des antimicrobiens. Les isolats de bactériémies à SARM, de bactériémies à ERV, d'infections ou de colonisations aux EPC et à APC, d'infections ou de colonisations à *C. auris* et d'ICD pédiatriques ont été soumis tout au long de l'année. Les isolats d'ICD adultes ont été soumis chaque année au cours d'une période ciblée de deux mois (du 1^{er} mars au 30 avril).

Analyse statistique

Les taux d'IASS ont été calculés en divisant le nombre total de cas identifiés chez les patients admis dans les hôpitaux participant au PCSIN par le nombre total d'admissions de patients (multiplié par 1 000) ou de jours-présence (multiplié par 10 000). En raison du faible nombre de cas, les taux de *C. auris* et d'APC n'ont pas été calculés. Les taux d'IASS sont rapportés



au niveau national et par région. En raison du faible nombre de cas de bactériémies à ERV AC signalés chaque année, les taux stratifiés ainsi que les taux de mortalité et les résultats de laboratoire pour les bactériémies à ERV AC n'ont pas été inclus dans ce rapport. Les sites qui n'ont pas été en mesure de fournir des données sur les cas ont été exclus du calcul des taux et les données manquantes du dénominateur ont été estimées à l'aide des données rapportées l'année précédente, le cas échéant. Les données épidémiologiques et moléculaires manquantes ont été exclues de l'analyse. Le test de Mann-Kendall a été utilisé pour évaluer les tendances monotones des taux au fil du temps. Le test du khi carré pour la tendance a été utilisé pour analyser les tendances dans les proportions au fil du temps. Le test du khi carré a été utilisé pour comparer deux variables catégorielles, tandis que le test t a été utilisé pour comparer les différences entre les groupes. Les tests de signification étaient bilatéraux et les différences étaient considérées comme significatives à $p \leq 0,05$. La stabilité des taux au fil du temps indique qu'aucune tendance statistiquement significative n'a été observée. Lorsque

les données étaient disponibles, la mortalité toutes causes confondues a été rapportée pour les IASS. Le taux de mortalité toutes causes confondues a été défini comme le nombre de décès pour 100 cas d'IASS 30 jours après une culture positive.

Résultats

Infection à *Clostridioides difficile*

Entre 2020 et 2024, les taux globaux d'ICD sont demeurés stables, allant de 5,01 à 5,38 infections pour 10 000 jours-patients. Les taux semblent diminuer de 5,38 en 2020 à 5,01 en 2022, suivis d'une modeste augmentation à 5,19 en 2024; cependant, aucune tendance significative n'a été observée ($p = 0,81$) (tableau 2). L'âge médian des patients atteints d'une ICD était de 69 ans (écart interquartile [ÉI] : 56–79), les hommes et les femmes représentant chacun 50,3 % du total des cas (documents supplémentaires).

Tableau 2 : Données sur les infections à *Clostridioides difficile*, Canada, 2020–2024^a

Données sur l'infection à <i>C. difficile</i>	Nombre d'infections et taux d'incidence (par année)				
	2020	2021	2022	2023	2024
Tous les cas					
Nombre de cas d'infection à <i>C. difficile</i>	3 649	3 639	3 877	4 736	4 818
Taux pour 1 000 admissions de patients	4,16	3,97	4,18	4,16	4,17
Taux pour 10 000 jours-patients	5,38	5,07	5,01	5,21	5,19
Nombre d'hôpitaux répondants	81	81	81	99	97
Taux de mortalité, toutes causes confondues					
Nombre de décès	43	66	64	76	76
Taux de mortalité, toutes causes confondues, pour 100 cas (%) ^b	9,0	8,8	8,9	8,2	8,0
ICD nosocomiale					
Nombre de cas d'ICD nosocomiale	2 624	2 570	2 818	3 310	3 409
Taux pour 1 000 admissions de patients	3,05	2,85	3,09	2,96	2,99
Taux pour 10 000 jours-patients	3,89	3,60	3,66	3,66	3,69
Nombre d'hôpitaux répondants	81	81	81	99	97
Taux de mortalité, toutes causes confondues					
Nombre de décès	39	50	54	59	58
Taux de mortalité, toutes causes confondues, pour 100 cas (%) ^b	8,7	9,2	9,9	8,6	8,3
ICD-AC					
Nombre de cas d'ICD-AC	1 025	1 069	1 059	1 425	1 409
Taux pour 1 000 admissions de patients	1,43	1,43	1,40	1,51	1,47
Taux pour 10 000 jours-patients	1,86	1,82	1,68	1,87	1,81
Nombre d'hôpitaux répondants	70	70	70	88	86
Taux de mortalité, toutes causes confondues					
Nombre de décès	15	16	10	16	16
Taux de mortalité, toutes causes confondues, pour 100 cas (%) ^b	9,6	7,4	5,8	6,4	6,9

Abréviations : AC, associées à la communauté; *C. difficile*, *Clostridioides difficile*; ICD, infections à *Clostridioides difficile*

^a Il n'y a pas eu de résistance à la tigécycline, à la vancomycine ou au métronidazole dans les isolats de *C. difficile* envoyés au Laboratoire national de microbiologie de 2019 à 2023

^b Les données de mortalité sont collectées pendant la période de deux mois (mars et avril de chaque année) pour les adultes (âgés de 18 ans et plus) et tout au long de l'année pour les enfants (âgés d'un an à moins de 18 ans). Parmi les patients pédiatriques, aucun décès n'a été attribué à une infection à *C. difficile* nosocomiale



Source d'infection : Stratifiés selon la source d'infection, les taux d'ICD nosocomiale ont diminué de 3,89 pour 10 000 jours-patients en 2020 à 3,60 en 2021, suivis d'une période de stabilité relative jusqu'en 2024 (3,69 pour 10 000 jours-patients); globalement, aucune tendance significative n'a été observée ($p = 1,00$) (tableau 2). Les taux d'ICD AC sont demeurés stables au cours de la période de cinq ans. Après s'être maintenu à 1,43 pour 1 000 admissions de patients en 2020 et 2021, le taux était le plus bas en 2022 (1,40 pour 10 000 jours-patients) avant une légère augmentation à 1,47 en 2024 ($p = 0,61$) (tableau 2).

Au niveau régional, les taux d'ICD nosocomiale pour 10 000 jours-patients ont fluctué dans toutes les régions entre 2020 et 2024, sans tendance significative (fourchette de l'Ouest : 3,00–3,46, $p = 1,00$; fourchette du Centre : 3,48–3,82, $p = 0,09$; fourchette de l'Est : 3,19–3,56, $p = 0,22$). Pour les ICD AC, les taux pour 1 000 admissions de patients demeurent les plus élevés dans la région du Centre, avec une tendance à la baisse entre 2020 et 2024 (fourchette : 1,54–1,70, $p = 0,11$), tandis que la région de l'Ouest affiche une tendance à la hausse, de 1,11–1,45 avec un pic de 1,61 en 2023 ($p = 0,46$). Le taux d'ICD AC dans la région de l'Est est demeuré relativement stable, avec une augmentation mineure de 0,95 à 1,12 pour 1 000 admissions de patients ($p = 0,22$), ce qui indique qu'il n'y a pas eu de changement statistiquement significatif au cours de la période de cinq ans (documents supplémentaires).

Types d'hôpital : Les taux d'ICD nosocomiale pour 10 000 jours-patients étaient systématiquement plus élevés dans les hôpitaux pour adultes (fourchette : 3,63–3,89) et pédiatriques (fourchette : 3,34–3,97), avec des taux inférieurs à ceux observés dans les hôpitaux mixtes (fourchette : 2,56–3,09). Les taux d'ICD AC pour 1 000 admissions de patients étaient plus élevés dans les hôpitaux pour adultes (fourchette : 1,74–1,82) et les hôpitaux mixtes (fourchette : 1,31–1,67), avec des taux plus faibles observés dans les hôpitaux pédiatriques (fourchette : 0,35–0,68) entre 2020 et 2024 (documents supplémentaires). En fonction de la taille de l'hôpital, les taux d'ICD nosocomiale étaient généralement les plus élevés dans les grands

hôpitaux (fourchette : 3,28–3,82), suivis par les hôpitaux de taille moyenne (fourchette : 3,20–3,60) et de petite taille (fourchette : 2,68–2,98). Les taux d'ICD AC pour 1 000 admissions de patients étaient semblables dans les grands hôpitaux (fourchette : 1,38–1,85) et les hôpitaux de taille moyenne (fourchette : 1,39–1,52) et plus faibles pour les hôpitaux de petite taille (fourchette : 0,82–1,32), qui suivent une tendance similaire à celle des ICD nosocomiale (documents supplémentaires).

Mortalité toutes causes confondues à 30 jours : La mortalité globale à 30 jours, toutes causes confondues, attribuable aux ICD est demeurée stable entre 2020 et 2024 (fourchette : 8,0–9,0, $p = 0,09$) (tableau 2). Il n'y avait pas de différence importante dans la mortalité toutes causes confondues à 30 jours entre les ICD nosocomiale (8,3 %) et les ICD AC (6,9 %) en 2024 ($p = 0,51$).

Résistance aux antimicrobiens : Entre 2020 et 2024, 24,7 % ($n = 608/2\ 458$) des isolats d'ICD résistaient à un ou plusieurs antimicrobiens testés. La proportion d'isolats de *C. difficile* résistant à la moxifloxacine a fluctué entre 6,1 % et 9,0 %, avec une moyenne de 7,0 % et 6,5 % en 2024 (tableau 3). La résistance à la clindamycine dans les populations d'ICD nosocomiale et AC a fluctué entre 2020 et 2024, 2024 présentant les taux de résistance les plus élevés, soit 34,0 % et 30,7 %, respectivement (documents supplémentaires). Aucun des 2 458 isolats testés ne résistait au métronidazole, à la vancomycine ou à la tigécycline.

Typage moléculaire : Entre 2020 et 2024, les cinq ribotypes les plus répandus des isolats des cas d'ICD nosocomiale étaient 106, 014, 020, 002 et 027, avec des prévalences globales de 15,9 %, 8,7 %, 7,0 %, 5,7 % et 4,8 %, respectivement, tandis que les cinq ribotypes les plus répandus des isolats des cas d'ICD AC étaient 106, 014, 020, 002 et 015, avec des prévalences globales de 15,9 %, 8,6 %, 6,3 %, 5,2 % et 4,2 %. Entre 2020 et 2024, la prévalence du ribotype 027 associé à la souche NAP1 a diminué de 5,9 % à 3,4 % pour les ICD nosocomiales, mais a augmenté de 1,3 % à 4,0 % pour les ICD AC (documents supplémentaires).

Tableau 3 : Données sur la résistance aux antimicrobiens de *Clostridioides difficile*, Canada, 2020–2024^{a,b}

Antibiotique	Nombre d'isolats et % de résistance (par année)									
	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
Clindamycine	62	17,0	67	12,4	101	22,7	69	13,1	192	33,0
Moxifloxacine	24	6,6	49	9,0	31	7,0	32	6,1	38	6,5
Rifampicine	3	0,8	9	1,7	4	0,9	4	0,8	6	1,0
Nombre total d'isolats testés ^c	365	s.o.	542	s.o.	444	s.o.	525	s.o.	582	s.o.

Abbréviation : s.o., sans objet

^a Les isolats d'infection à *Clostridioides difficile* sont collectés pour les tests de résistance pendant la période de deux mois (mars et avril de chaque année) pour les adultes (âgés de 18 ans et plus) et tout au long de l'année pour les enfants (âgés d'un an à moins de 18 ans), uniquement chez les patients admis

^b Il n'y a pas eu de résistance à la tigécycline, à la vancomycine ou au métronidazole dans les isolats de *C. difficile* envoyés au Laboratoire national de microbiologie de 2019 à 2023

^c Le nombre total reflète le nombre d'isolats testés pour chacun des antibiotiques énumérés ci-dessus



Bactériémies à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline

Entre 2020 et 2024, les taux globaux de bactériémies à SARM sont demeurés stables, allant de 5,01 à 5,38 infections pour 10 000 jours-patients. Le taux était le plus bas en 2022; cependant, aucune tendance significative au fil du temps n'a été observée ($p = 0,99$) (tableau 4). L'âge médian des patients atteints d'une bactériémie à SARM était de 57 ans (EI : 41–71), les femmes représentant 36,6 % des cas (documents supplémentaires).

Source d'infection : Les taux de bactériémies à SARM AC n'ont pas beaucoup changé ($p = 0,46$) entre 2020 (0,65 infection pour 10 000 jours-patients) et 2024 (0,67 pour 10 000 jours-patients). Les taux de bactériémies à SARM associés aux soins de santé sont demeurés stables (fourchette : 0,42–0,47 infection pour 10 000 jours-patients) (tableau 4).

Les taux de bactériémies à SARM nosocomiale sont demeurés stables dans toutes les régions (fourchette de l'Ouest : 0,46–0,58; fourchette du Centre : 0,36–0,45; fourchette de l'Est :

0,36–0,58; fourchette du Nord : zéro infection pour 10 000 jours-patients) (documents supplémentaires). Les taux de bactériémies à SARM AC sont demeurés stables dans toutes les régions, à l'exception de l'Est, où une augmentation importante a été observée, passant de 0,34 en 2020 à 0,67 infection pour 10 000 jours-patients en 2024 ($p = 0,03$) (fourchette de l'Ouest : 0,70–0,83; fourchette du Centre : 0,43–0,63; fourchette de l'Est : 0,34–0,67; fourchette du Nord : zéro infection pour 10 000 jours-patients) (documents supplémentaires). En 2024, les taux de bactériémies à SARM nosocomiales et AC étaient les plus élevés dans l'Ouest du Canada (0,71 et 0,57 infection pour 10 000 jours-patients, respectivement) (documents supplémentaires).

Types d'hôpital : Les taux de bactériémies à SARM nosocomiales et AC sont demeurés plus élevés au fil du temps dans les hôpitaux pour adultes et mixtes de 2020 à 2024 (SARM nosocomiales : fourchette des hôpitaux pour adultes : 0,50–0,65; fourchette des hôpitaux mixtes : 0,36–0,47; SARM AC : fourchette des hôpitaux pour adultes : 0,70–0,86; fourchette des hôpitaux mixtes : 0,55–0,79, avec des taux plus faibles observés dans les hôpitaux pour adultes avec une USIN (fourchette des bactériémies à

Tableau 4 : Données sur les bactériémies à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline, Canada, 2020–2024

Données sur les bactériémies à SARM	Année				
	2020	2021	2022	2023	2024
Tous les cas					
Nombre de bactériémies à SARM	868	872	835	914	993
Taux pour 1 000 admissions de patients	0,88	0,84	0,80	0,87	0,91
Taux pour 10 000 jours-patients	1,16	1,11	0,99	1,11	1,16
Nombre d'hôpitaux répondants	81	81	81	82	77
Taux de mortalité, toutes causes confondues^a					
Nombre de décès	145	164	164	175	187
Taux de mortalité, toutes causes confondues, pour 100 cas	16,7	18,8	20,2	19,1	19,0
Bactériémies à SARM nosocomiale					
Nombre de bactériémies dues aux SARM nosocomiales	323	348	347	378	415
Taux pour 1 000 admissions de patients	0,33	0,34	0,33	0,36	0,38
Taux pour 10 000 jours-patients	0,43	0,44	0,41	0,46	0,49
Nombre d'hôpitaux répondants	81	81	81	82	77
Taux de mortalité, toutes causes confondues^a					
Nombre de décès	62	86	81	94	94
Taux de mortalité, toutes causes confondues, pour 100 cas	19,2	24,7	23,7	24,9	22,8
Bactériémies à SARM AC					
Nombre de bactériémies à SARM AC	480	471	453	528	560
Taux pour 1 000 admissions de patients	0,49	0,46	0,44	0,51	0,52
Taux pour 10 000 jours-patients	0,65	0,61	0,55	0,66	0,67
Nombre d'hôpitaux répondants	80	80	80	81	76
Taux de mortalité, toutes causes confondues^a					
Nombre de décès	72	71	79	80	91
Taux de mortalité, toutes causes confondues, pour 100 cas	15,0	15,1	17,8	15,2	16,4

Abréviations : AC, associées à la communauté; bactériémies à SARM, bactériémies à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline

^a Basé sur le nombre de cas avec des données sur 30 jours correspondantes sur les résultats



SARM nosocomiale : 0,30–0,46; fourchette des bactériémies à SARM AC : 0,24–0,47 infection pour 10 000 jours-patients), pédiatriques (fourchette des bactériémies à SARM nosocomiales : 0,30–0,43; fourchette des bactériémies à SARM AC : 0,32–0,43 infection pour 10 000 jours-patients) et les hôpitaux pédiatriques-OB (fourchette des bactériémies à SARM nosocomiale et AC : 0,04–0,22 infection pour 10 000 jours-patients) (documents supplémentaires). En fonction de la taille de l'hôpital, les taux de bactériémies à SARM nosocomiales et AC étaient généralement les plus élevés dans les hôpitaux de taille moyenne (201 à 499 lits; fourchette des bactériémies à SARM nosocomiales : 0,38–0,47; fourchette des bactériémies à SARM AC : 0,64–0,81) et les hôpitaux de grande taille (500 lits ou plus; fourchette des bactériémies à SARM nosocomiale : 0,41–0,60; fourchette des bactériémies à SARM AC : 0,52–0,73) (documents supplémentaires). Aucune tendance significative n'a été observée au fil du temps par type ou taille d'hôpital au cours de cette période de déclaration ($p > 0,05$).

Mortalité toutes causes confondues à 30 jours : La mortalité toutes causes confondues à trente jours est demeurée stable entre 2020 et 2024 (fourchette : 16,7–20,2) (tableau 4). En 2024, la mortalité toutes causes confondues à 30 jours était beaucoup plus élevée chez les patients atteints de bactériémies à SARM nosocomiale (22,8 %) que chez ceux atteints de bactériémies à SARM AC (16,4 %) ($p = 0,034$).

Résistance aux antimicrobiens : La résistance à la clindamycine parmi les isolats de SARM a diminué considérablement, passant de 33,4 % à 27,6 % entre 2020 et 2024 ($p < 0,01$) (tableau 5). Depuis 2020, la proportion d'isolats de SARM résistant à

l'érythromycine est demeurée relativement stable et élevée à environ 68 % par rapport aux autres antibiotiques testés. La résistance à la tétracycline a beaucoup augmenté, passant de 6,6 % en 2020 à 10,1 % en 2024 ($p = 0,02$). Tous les isolats de bactériémies à SARM testés entre 2020 et 2024 étaient sensibles au linézolide, à la daptomycine et à la vancomycine.

En comparant les isolats des cas de SARM nosocomiales à ceux des cas de SARM AC, la résistance à la clindamycine était systématiquement plus élevée parmi les isolats de SARM nosocomiales chaque année, de 2020 (35,0 %, $n = 89/254$ c. 31,1 %, $n = 117/376$) à 2024 (32,2 %, $n = 125/388$ c. 24,3 %, $n = 117/481$) (documents supplémentaires). Il n'y a pas eu d'autres différences notables dans les profils de résistance aux antibiotiques selon le type de cas de bactériémies à SARM.

Typage moléculaire : Entre 2020 et 2024, la proportion des types de spas identifiés comme t002, le plus souvent associés aux bactériémies à SARM nosocomiales, a continué à diminuer, passant de 15,7 % de tous les isolats de bactériémies à SARM nosocomiales en 2020 à 8,2 % en 2024 ($p < 0,01$) (documents supplémentaires). Le type de spa t008, le plus souvent associé aux bactériémies à SARM AC, représentait la plus grande proportion d'isolats identifiés à la fois dans les cas de bactériémies à SARM AC (33,7 %) et de bactériémies à SARM nosocomiales (47,4 %) (documents supplémentaires). Parmi les bactériémies à SARM AC, la proportion de spas t008 est passée de 45,4 % en 2020 à 47,2 % en 2024 ($p = 0,59$). En revanche, le type de spa t008 parmi les bactériémies à SARM nosocomiales a beaucoup augmenté, passant de 28,0 % en 2020 à 35,4 % en 2024 ($p < 0,01$).

Tableau 5 : Données sur la résistance aux antimicrobiens des bactériémies à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline, Canada, 2020–2024^a

Antibiotique	Année									
	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
Ciprofloxacine	460	65,6	490	65,8	415	66,5	512	63,4	566	61,6
Clindamycine	234	33,4	220	29,5	157	25,2	186	23,0	254	27,6
Daptomycine	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Érythromycine	507	72,3	510	68,5	428	68,6	543	67,2	629	68,4
Gentamicine	22	3,1	35	4,7	20	3,2	33	4,1	44	4,8
Linézolide	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Rifampicine	6	0,9	10	1,3	5	0,8	9	1,1	12	1,3
Triméthoprime/sulfaméthoxazole	16	2,3	32	4,3	36	5,8	20	2,5	20	2,2
Tétracycline	46	6,6	63	8,5	52	8,3	71	8,8	93	10,1
Tigécycline	1	0,1	6	0,8	5	0,8	5	0,6	13	1,4
Vancomycine	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nombre total d'isolats testés ^{b,c}	701	s.o.	745	s.o.	624	s.o.	808	s.o.	919	s.o.

Abréviation : s.o., sans objet

^a Tous les isolats de bactériémies à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SARM) de 2020 à 2024 envoyés au Laboratoire national de microbiologie étaient sensibles à la nitrofurantoïne

^b Certaines années, le nombre d'isolats testés pour leur résistance a varié en fonction de l'antibiotique

^c Le nombre total reflète le nombre d'isolats testés pour chacun des antibiotiques énumérés ci-dessus



Bactériémies à *Enterococcus* résistant à la vancomycine

De 2020 à 2024, les taux de bactériémies à ERV ont beaucoup augmenté, passant de 0,30 à 0,42 infection pour 10 000 jours-patients ($p = 0,01$) (tableau 6). L'âge médian des patients atteints d'une bactériémie à ERV était de 63 ans (ÉI : 51–71) et les femmes représentaient 38,8 % des cas de bactériémies à ERV (documents supplémentaires).

Source d'infection : Les bactériémies à *Enterococcus* résistant à la vancomycine étaient majoritairement associées aux soins de santé, puisque 90,3 % ($n = 1\ 325/1\ 468$) des bactériémies à ERV déclarées entre 2020 et 2024 ont été acquises dans un établissement de soins de santé. Stratifiés par source d'infection, les taux des bactériémies à ERV nosocomiales ont beaucoup augmenté entre 2020 et 2024, passant de 0,28 à 0,39 infection pour 10 000 jours-patients ($p = 0,03$) (documents supplémentaires). Les taux des bactériémies à ERV associées à la communauté sont demeurés faibles et stables au fil du temps (fourchette : 0,02–0,04 infection pour 10 000 jours-patients).

Au niveau régional, les taux de bactériémies à ERV dans l'ouest et le centre du Canada ont beaucoup augmenté entre 2020 et 2024, passant respectivement de 0,39 à 0,54 infection pour 10 000 jours-patients ($p = 0,04$) et de 0,29 à 0,38 infection pour 10 000 jours-patients ($p = 0,04$). Aucune tendance significative à la hausse n'a été observée dans l'est du Canada (fourchette : 0,00–0,12 infection pour 10 000 jours-patients, $p = 0,11$) (documents supplémentaires).

Types d'hôpital : Stratifiés par type d'hôpital, les taux de bactériémies à ERV sont demeurés les plus élevés dans les hôpitaux pour adultes de 2020 à 2024 (fourchette : 0,43–0,57 infection pour 10 000 jours-patients). De 2020 à 2024, les taux de bactériémies à ERV dans les hôpitaux pédiatriques étaient faibles (fourchette : 0,00–0,11 infection pour 10 000 jours-patients) et il n'y a pas eu de bactériémies à ERV dans les hôpitaux pédiatriques-OB. En 2024, les taux

de bactériémies à ERV étaient les plus élevés dans les grands hôpitaux (500 lits ou plus) avec 0,56 infection pour 10 000 jours-patients, suivis par les hôpitaux de taille moyenne (201 à 499 lits) avec 0,31 infection pour 10 000 jours-patients et les petits hôpitaux (1 à 200 lits) avec 0,20 infection pour 10 000 jours-patients. Une tendance à la hausse significative des taux de bactériémies à ERV a été observée au fil du temps dans les grands hôpitaux (500 lits ou plus, $p = 0,01$), mais pas dans les hôpitaux de taille moyenne (201 à 499 lits, $p = 0,50$) ni dans les petits hôpitaux (1 à 200 lits, $p = 0,07$). Les taux d'incidence de bactériémies à ERV nosocomiale par région, par type d'hôpital et par taille d'hôpital sont présentés dans les documents supplémentaires.

Mortalité toutes causes confondues à 30 jours : La mortalité toutes causes confondues est demeurée élevée et stable au fil du temps entre 2020 et 2024 (fourchette : 33,5–38,5) ($p = 0,23$) (tableau 6).

Résistance aux antimicrobiens : La résistance aux antimicrobiens de dernier recours tels que la daptomycine et le linézolide est demeurée faible entre 2020 et 2024. Les taux de résistance à la daptomycine étaient relativement stables, passant de 4,5 % ($n = 6/134$) en 2020 à 4,0 % ($n = 13/328$) en 2024, tandis que les taux de résistance au linézolide étaient de 0,7 % ($n = 1/134$) en 2020 et de 1,2 % ($n = 4/328$) en 2024 (tableau 7).

Typage moléculaire : De 2020 à 2024, la plupart des isolats de bactériémies à ERV ont été identifiés comme provenant d'*E. faecium*. Cette bactérie a été détectée peu fréquemment, avec un isolat identifié en 2020 (0,7 %), 2021 (0,6 %) et 2022 (0,5 %); trois isolats en 2023 (1,3 %); et sept isolats en 2024 (2,1 %) (documents supplémentaires).

Bien que le gène VanA soit demeuré prédominant, une proportion croissante d'isolats d'*E. faecium* portait le gène VanB, passant de 3,0 % ($n = 4$) en 2020 à 6,7 % ($n = 22$) en 2024 ($p = 0,60$) (documents supplémentaires).

Tableau 6 : Données sur les bactériémies à *Enterococcus* résistant à la vancomycine, Canada, 2020–2024^a

Données sur les bactériémies à ERV	Année				
	2020	2021	2022	2023	2024
Nombre de bactériémies à ERV	224	251	305	318	370
Taux pour 1 000 admissions de patients	0,23	0,24	0,29	0,29	0,33
Taux pour 10 000 jours-patients	0,30	0,32	0,36	0,37	0,42
Nombre d'hôpitaux répondants	81	80	80	85	85
Taux de mortalité, toutes causes confondues^b					
Nombre de décès	82	84	117	118	142
Taux de mortalité, toutes causes confondues, pour 100 cas	36,6	33,5	38,5	37,1	38,4

Abréviation : ERV, *Enterococcus* résistant à la vancomycine

^a En raison du faible nombre de cas de bactériémies à ERV associés à la communauté déclarés chaque année, ce tableau présente les données pour tous les cas combinés (nosocomiales et associés à la communauté)

^b Basé sur le nombre de cas avec des données sur 30 jours correspondantes sur les résultats

Remarque : Les données globales de mortalité sont rapportées dans le texte en raison des fluctuations du petit nombre de décès par infection du sang à ERV rapportés chaque année

Tableau 7 : Résistance aux antimicrobiens des isolats d'*Enterococcus faecium*, Canada, 2020–2024^a

Antimicrobien	Année									
	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
Ampicilline	132	98,5	166	98,8	199	97,5	223	97,8	320	97,6
Chloramphénicol	28	20,9	51	30,4	34	16,7	38	16,7	59	18,0
Ciprofloxacine	132	98,5	166	98,8	203	99,5	226	99,1	322	98,2
Daptomycine	6	4,5	5	3,0	4	2,0	4	1,8	13	4,0
Érythromycine	128	95,5	159	94,6	199	97,5	221	96,9	304	92,7
Résistance de haut niveau à la gentamicine	36	26,9	34	20,2	39	19,1	42	18,4	85	25,9
Lévofloxacine	131	97,8	166	98,8	202	99,0	226	99,1	323	98,5
Linézolide	1	0,7	3	1,8	6	2,9	1	0,4	4	1,2
Nitrofurantoïne	56	41,8	131	78,0	143	70,1	141	61,8	187	57,0
Pénicilline	133	99,3	166	98,8	200	98,0	223	97,8	320	97,6
Quinupristine/dalfopristine	9	6,7	8	4,8	16	7,8	34	14,9	41	12,5
Rifampicine	115	85,8	155	92,3	188	92,2	211	92,5	311	94,8
Résistance de haut niveau à la streptomycine	29	21,6	48	28,6	51	25,0	63	27,6	106	32,3
Tétracycline	89	66,4	134	79,8	180	88,2	186	81,6	258	78,7
Tigécycline	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0,6
Vancomycine	130	97,0	163	97,0	203	99,5	228	100	322	98,2
Nombre total d'isolats ^b	134	-	168	-	204	-	228	-	328	-

^a En raison du faible nombre de cas de bactériémies à *Enterococcus* résistant à la vancomycine associées à la communauté déclarées chaque année, ce tableau présente les données pour tous les cas combinés (nosocomiales et associés à la communauté)

^b Le nombre total reflète le nombre d'isolats testés pour chacun des antibiotiques énumérés ci-dessus

Remarque : Les antimicrobiens présentés le sont à des fins de surveillance. Veuillez vous référer au *Clinical & Laboratory Standards Institute (CLSI)* pour le traitement approprié des bactériémies à *Enterococcus* (CLSI M100 ED34:2024)

Quatre types de séquence prédominants ont été identifiés parmi les isolats d'*E. faecium* de 2020 à 2024, avec un changement notable dans leur répartition observée au fil du temps (documents supplémentaires). Une diminution importante d'isolats de la séquence ST1478 a été observée, passant de 19,5 % (n = 26/133) en 2020 à 2,2 % (n = 7/320) en 2024 ($p < 0,01$). La proportion d'isolats de la séquence ST17 a également diminué, passant de 33,8 % (n = 45/133) en 2020 à 25,0 % (n = 80/320) en 2024 ($p = 0,16$). En revanche, les isolats de la séquence ST117 sont passés de 10,5 % (n = 14/133) en 2020 à 22,2 % (n = 71/320) en 2024 ($p = 0,02$), tandis que ceux de la séquence ST80 sont passés de 16,5 % (n = 22/133) à 30,6 % (n = 98/320) au cours de la même période ($p = 0,02$). Une tendance à la hausse statistiquement significative des isolats de la séquence ST80 a été observée entre 2020 et 2024, et en 2024, la séquence ST80 était devenue le type de séquence prédominant parmi tous les isolats testés ($p = 0,04$).

Entérobactéries et *Acinetobacter baumannii* productrices de carbapénémase

De 2020 à 2024, les taux d'infections aux EPC sont demeurés faibles par rapport aux autres IN au Canada, bien qu'il y ait eu une augmentation significative des taux au cours de cette période (0,05 à 0,20 infection pour 10 000 jours-patients, $p = 0,03$) (tableau 8). Le nombre d'infections aux APC était

très faible, avec huit cas ou moins par année entre 2020 et 2024 (total n = 22). L'âge médian des infections aux EPC était de 65 ans et 42,6 % des personnes atteintes étaient des femmes (documents supplémentaires).

Tableau 8 : Données sur les entérobactéries productrices de carbapénémase, Canada, 2020–2024

Données sur l'EPC	Année				
	2020	2021	2022	2023	2024
Nombre d'infections aux EPC	39	67	101	169	218
Taux d'infection pour 1 000 admissions de patients	0,04	0,07	0,09	0,13	0,16
Taux d'infection pour 10 000 jours-patients	0,05	0,09	0,12	0,17	0,20
Nombre d'hôpitaux répondeurs	81	81	85	102	105
Taux de mortalité, toutes causes confondues					
Nombre de morts causées par des infections aux EPC	7	13	17	25	33
Taux de mortalité, toutes causes confondues, pour 100 cas	18	19,4	16,8	14,8	15,1

Abréviation : EPC, entérobactéries productrices de carbapénémase

Remarque : La mortalité toutes causes confondues n'inclut que les infections aux EPC pour lesquelles un résultat à 30 jours est disponible



De 2020 à 2024, la majorité (51,7 %; n = 307/594) des infections aux EPC ont été identifiées dans l'ouest du Canada, suivies par 44,3 % (n = 263/594) dans le centre du Canada et 4,0 % (n = 307/594) dans l'est du Canada (documents supplémentaires). Entre 2020 et 2024, les grands hôpitaux (500 lits ou plus) ont généralement signalé les taux les plus élevés d'infections aux EPC (0,06–0,28 infection pour 10 000 jours-patients) par rapport aux petits hôpitaux (moins de 200 lits) (0,03–0,09 infection pour 10 000 jours-patients). Pendant cette période, 26,7 % (n = 119/445) des patients infectés par des EPC ont déclaré avoir voyagé à l'étranger et parmi eux, 79,1 % (n = 83/105) ont reçu des soins médicaux à l'étranger. La majorité des infections aux EPC ont été contractées dans le pays, 86,8 % (n = 446/514) des infections aux EPC ayant été contractées au Canada et 80 % (n = 357/446) dans un hôpital canadien de soins de courte durée entre 2020 et 2024. Le nombre d'infections aux EPC contractées dans la communauté a également augmenté, passant de 12,9 % (n = 4/31) en 2020 à 20,6 % (n = 37/180) en 2024.

Organismes : Sur l'ensemble des isolats envoyés (infections et colonisations), les quatre principaux organismes producteurs de carbapénémase en 2024 étaient *Escherichia coli* (42,1 %), *Klebsiella pneumoniae* (16,3 %), *Enterobacter cloacae* (15,8 %) et *Citrobacter freundii* (14,6 %). De 2020 à 2024, il y a eu une augmentation de la proportion d'*E. coli* produisant des carbapénémases (39,3 % à 42,1 %) et une diminution de la proportion de *K. pneumoniae* (19,9 % à 16,34 %) et d'*E. cloacae* (18,1 % à 15,8 %) produisant des carbapénémases (documents supplémentaires). Les carbapénémases prédominantes identifiées au Canada n'ont

pas changé au cours de la période d'étude et étaient la *K. pneumoniae* productrice de carbapénémase (KPC), la New Delhi métallo-bêta-lactamase (NDM) et l'oxacillinase-48 (OXA-48), représentant plus de 90 % des carbapénémases identifiées de 2020 à 2024 (tableau 9). Historiquement, la KPC a été la carbapénémase la plus fréquemment identifiée au Canada; cependant, la proportion de la KPC et celle de la NDM n'ont cessé de se rapprocher et étaient presque égales en 2024. Au fil du temps, une diminution importante de la KPC et une augmentation de la NDM, de l'OXA-48 et de la NDM+OXA-48 ont été observées ($p \leq 0,002$).

Mortalité toutes causes confondues à 30 jours : La mortalité toutes causes confondues pour les infections aux EPC a fluctué entre 2020 et 2024, avec une moyenne de 16,8 % (tableau 8).

Résistance aux antibiotiques : Toutes années confondues, les isolats producteurs de NDM étaient majoritairement ultrarésistants (fourchette : 83,8–91,8 %). Inversement, en 2020, 37,5 % des producteurs de type OXA-48 étaient ultrarésistants, contre 16,7 % en 2024, ce qui montre une tendance générale à la baisse de la résistance. La *K. pneumoniae* productrice de carbapénémase a été plus également répartie au cours de la période de 2020 à 2024, tant ultrarésistante (fourchette : 40,8–56,3) que multirésistante (fourchette : 31,1–52,2). En examinant la résistance parmi les trois principales carbapénémases, nous avons remarqué une augmentation de la résistance à tous les aminoglycosides entre 2021 et 2024 chez les producteurs de KPC (documents supplémentaires). Les producteurs de New Delhi métallo-bêta-lactamase ont montré des tendances à la hausse dans la tobramycine. En revanche, parmi les producteurs

Tableau 9 : Carbapénémases identifiées dans les isolats d'entérobactéries productrices de carbapénémases, Canada, 2020–2024

Carbapénémases identifiées ^a	Année									
	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
KPC	98	40	178	50,1	214	45,3	397	38,4	525	38,4
NDM	80	32,7	85	23,9	131	27,8	350	33,8	458	33,5
OXA-48	48	19,6	57	16,1	94	19,9	194	18,7	277	20,3
ESM ^b	2	0,8	1	0,3	0	0	2	0,2	3	0,2
NDM/OXA-48	9	3,7	12	3,4	14	3	57	5,5	69	5,0
GES	0	0	1	0,3	0	0	0	0	0	0
IMP	1	0,4	2	0,6	2	0,4	1	0,1	7	0,5
IMI/NMC	7	2,9	15	4,2	3	0,6	13	1,3	7	0,5
VIM	0	0	1	0,3	6	1,3	4	0,4	3	0,2
Autre	0	0	3	0,8	8	1,7	17	1,6	18	1,3
Nombre total d'isolats testés ^c	245	s.o.	355	s.o.	427	s.o.	1 035	s.o.	1 367	s.o.

Abréviations : EPC, entérobactéries productrices de carbapénémases; ESM, enzymes *Serratia marcescens*; GES, bêta-lactamase à spectre étendu de Guyane; IMI, bêta-lactamase hydrolyseuse d'imipénémase; IMP, imipénémase; KPC, *Klebsiella pneumoniae* productrice de carbapénémase; NDM, New Delhi métallo-bêta-lactamase; NMC, carbapénémase non métallo-enzyme; OXA-48, carbapénémase de type oxacillinase 48; s.o., sans objet; VIM, métallo-bêta-lactamase codée par l'intégrine de Véron

^a Comprend des données pour tous les isolats d'EPC envoyés (infections et colonisations)

^b Présentes uniquement dans *Serratia marcescens*

^c Certains isolats contiennent plusieurs carbapénémases; par conséquent, le nombre total d'isolats testés et le nombre de carbapénémases indiqué peuvent ne pas correspondre. *Acinetobacter baumannii* n'ont pas été inclus dans ce tableau



de type OXA-48, on a observé une diminution de la résistance à l'aztréonam, à la doxycycline, à la minocycline, au triméthoprime/sulfaméthoxazole, aux carbapénèmes, à la tobramycine et à la gentamicine, ce qui correspond aux observations selon lesquelles moins de producteurs de type OXA-48 étaient ultrarésistants ou multirésistants au fil du temps. Entre 2020 et 2024, la résistance globale des producteurs de KPC, de NDM et de type OXA-48 à l'ertapénème était respectivement de 75,1 %, 97,8 % et 63,3 %, et celle du méropénème de 54,5 %, 92,1 % et 14,5 %. La résistance aux nouvelles associations de médicaments, telles que le méropénème/vaborbactam, l'imipénem/relebactam et la ceftazidime/avibactam, était faible parmi les producteurs de KPC (0,5 %, 1,4 % et 1,3 %) et les producteurs de type OXA-48 (10,2 %, 11,5 % et 0,3 %). La résistance au méropénem/vaborbactam et à l'imipénem/relebactam chez les producteurs de NDM était d'entre 61,3 % et 69,5 % et d'entre 86,3 % et 93,0 %, respectivement, sur une période de cinq ans.

***Candidozyma auris* (*Candida auris*)**

Quatre-vingt-seize pour cent (n=105/109) des hôpitaux du PCSIN participent à la surveillance de *C. auris*. Entre la surveillance du PCSIN et celle du Laboratoire national de microbiologie, un total de 43 isolats (colonisations et infections) a été signalé entre 2020 et 2024 : 19 (44 %) des hôpitaux du PCSIN et 24 (56 %) des autres laboratoires d'hôpital. Le nombre de cas de *C. auris* détectés par an était de quatre en 2020, trois en 2021, 12 en 2022, 10 en 2023 et 14 en 2024. Douze (27,9 %) des cas totaux provenaient de l'ouest du Canada, 29 (67,4 %) du centre du pays et deux (4,7 %) dans l'est. Sur les 43 isolats de *C. auris*, 19,5 % résistaient à l'amphotéricine B et 90,2 % au fluconazole (tableau 10). La première identification du *C. auris* résistant aux échinocandines au Canada a eu lieu en 2024; cet isolat résistait au fluconazole et à la micafungine. Entre 2020 et 2024, 22 % des isolats étaient multirésistants (résistants à deux classes d'antifongiques). Sur la base des informations disponibles sur les voyages (n = 24), 33,3 % des patients n'ont déclaré aucun voyage, tandis que 66,7 % ont reçu des soins de santé ou ont

Tableau 10 : Résistance antifongique des isolats de *Candidozyma auris*, Canada, 2020–2024

Caractéristiques des isolats ou des patients ^a	Nombre de cas	
	n	%
Résistance antifongique des isolats de <i>Candidozyma auris</i> (n = 41)		
Fluconazole	37	90,2
Amphotéricine B	8	19,5
Multirésistant	9	22,0
Micafungine	1	2,4
Antécédents de voyage (n = 24)		
Soins de santé reçus à l'étranger	15	62,5
Voyage à l'étranger (soins de santé inconnus)	1	4,2
Aucun voyage déclaré	8	33,3

^a Deux isolats sur 43 ne présentaient pas de résultats de sensibilité aux antifongiques et dans 19 cas sur 43, les antécédents de voyage étaient inconnus

voyagé à l'étranger (tableau 8). Sur les quinze patients atteints de *C. auris* ayant reçu des soins à l'étranger, dix (66,7 %) avaient un statut connu d'organisme producteur de carbapénémase et quatre (40 %) étaient positifs pour les OPC.

Discussion

Entre 2020 et 2024, les données de surveillance du PCSIN indiquent que les taux d'IASS au Canada sont demeurés relativement stables pour les ICD (variation de -3,5 %) et les bactériémies à SARM (pas de changement); cependant, les taux ont augmenté pour les bactériémies à ERV et les infections aux EPC (40 % et 300 %, respectivement). Au total, 43 isolats de *C. auris* ont été identifiés entre 2020 et 2024, le nombre de cas augmentant chaque année.

Les infections à *C. difficile* entre 2020 et 2024 et les taux globaux d'ICD dans le réseau du PCSIN étaient stables, avec des taux d'ICD nosocomiales allant de 3,60 à 3,89 pour 10 000 jours-patients et des taux d'ICD AC allant de 1,40 à 1,51 pour 1 000 admissions de patients. Comparés aux taux régionaux regroupés de l'OMS de 2016 à 2024, les taux globaux d'ICD du PCSIN étaient inférieurs au taux regroupé de l'Amérique du Nord (6,23 pour 10 000 jours-patients), supérieurs au taux de l'Amérique latine (3,09 pour 10 000 jours-patients) et similaires aux taux du Pacifique occidental (3,90 pour 10 000 jours-patients) et de l'Europe (3,57 pour 10 000 jours-patients) (21). Au niveau national, contrairement aux taux stables d'ICD observés dans le réseau du PCSIN, le Royaume-Uni a récemment signalé une augmentation d'environ 33 % du taux en 2023–2024 par rapport à 2020–2021, suivant une tendance précédemment stable (22).

Alors que les résultats des ICD sont demeurés stables, les taux de mortalité à 30 jours, toutes causes confondues, ont diminué chez les patients atteints d'ICD au cours de la période de déclaration. Ces taux de mortalité en baisse ont été observés à la fois dans les ICD AC et les ICD nosocomiales et sont probablement associés, en partie, à la diminution de la prévalence de la souche NAP1 hypervirulente (23). L'amélioration du diagnostic et de la gestion peut également avoir réduit les taux de létalité.

La RAM des infections à *C. difficile* est moins fréquente au Canada qu'aux États-Unis ou dans le monde (24). Dans un échantillon représentatif d'hôpitaux canadiens de soins de courte durée, de 2020 à 2024, nous avons constaté une stabilisation de la résistance à la moxifloxacine dans les populations d'ICD nosocomiales et d'ICD AC avec une résistance moyenne de 7,0 %. La diminution de la résistance à la moxifloxacine, qui était de 24,8 % en 2015, concorde avec une diminution globale de la prévalence du RT027 (NAP1). En outre, la résistance à la moxifloxacine est restée plus faible (6,5 % en 2024) que les données de résistance pondérées et regroupées



précédemment publiées pour l'Amérique du Nord (44,0 %) et l'Asie (33,0 %) (25,26). La baisse de la prévalence du RT027 a été remplacée par une augmentation concomitante de la prévalence du RT106, du RT014 et du RT020, conformément aux tendances observées aux États-Unis (23,27). En outre, l'émergence du RT106, que l'on trouve désormais dans le monde entier, pose des problèmes supplémentaires, car il a été démontré que cette souche produit davantage de spores, présente des taux de récurrence plus élevés et est hautement résistante à l'érythromycine, à la clindamycine, aux fluoroquinolones et aux céphalosporines de troisième génération. L'émergence potentielle de ribotypes résistants justifie une surveillance, un suivi et un examen plus poussés (27,28).

La bactérie *S. aureus* résistant à la méthicilline demeure un agent pathogène hautement prioritaire en raison de son fardeau de maladie et de son taux de mortalité estimés (29,30). Entre 2020 et 2024, les taux de bactériémies à SARM dans le réseau du PCSIN sont demeurés stables (0,99–1,16 infection pour 10 000 jours-patients). De même, les données de surveillance mesurant l'incidence estimée sur la base de la population de l'Union européenne et de l'Espace économique européen n'ont pas montré de tendances significatives parmi les bactériémies à SARM au cours de cette période (31).

De 2020 à 2024, les taux de bactériémies à SARM nosocomiales dans le PCSIN (0,41–0,49 infection pour 10 000 jours-patients) étaient considérablement plus élevés que les taux rapportés dans les hôpitaux publics australiens entre 2020 et 2024 (0,09 à 0,13 infection pour 10 000 jours-patients); cependant, les définitions de cas plus larges du PCSIN tiennent probablement compte de plus de cas avec des expositions indirectes au cours de soins de santé non incluses dans la définition de cas australienne (32,33).

Au cours de la période de déclaration, les taux de bactériémies à SARM AC ont légèrement augmenté, mais cette tendance n'est pas significative. Des augmentations de bactériémies à SARM AC ont été déclarées dans d'autres administrations, ce qui suggère un élargissement du réservoir communautaire du SARM au Canada et dans le monde (34).

Les taux de mortalité à 30 jours toutes causes confondues du PCSIN pour les bactériémies à SARM (nosocomiale : 19,2–24,90 %; AC : 15,0–17,8 %) étaient inférieurs à ceux précédemment déclarés aux États-Unis (nosocomiale : 29 %; AC : 18 %) (35). Les différences peuvent provenir de la limite stricte de mortalité à 30 jours du PCSIN par rapport aux délais non définis des États-Unis ou des variations dans les systèmes de soins de santé, des stratégies de prévention des infections et des caractéristiques démographiques (35,36).

Une diminution importante de la résistance à la clindamycine parmi les isolats de bactériémies à SARM entre 2020 et 2024 a coïncidé avec des changements dans

les types de spas du SARM. La proportion du type de spa t002 (communément SARM nosocomiale) a diminué, tandis que le type de spa t008 (traditionnellement le SARM AC) a augmenté. Notamment, le type t008 a augmenté parmi les isolats de SARM AC (45,4 % à 47,2 %) et les isolats de SARM nosocomiales (28 % à 35,4 %). La prévalence croissante des clones traditionnellement associés à la communauté dans les hôpitaux souligne la nécessité d'une surveillance permanente et de stratégies de prévention des infections adaptées, ainsi que d'un suivi continu de la résistance aux antimicrobiens afin d'orienter le traitement et d'atténuer le fardeau du SARM dans les établissements de soins de santé et dans la communauté. Les populations présentant un risque accru d'infection par le SARM AC sont les enfants, les athlètes, les personnes incarcérées, les personnes âgées présentant des comorbidités, les personnes qui s'injectent des drogues et les personnes en situation d'itinérance qui utilisent des installations publiques, y compris des refuges (37–40). L'utilisation de drogues injectables peut représenter un nouveau facteur de risque pour le SARM AC (38–40). Des stratégies ciblées telles que le dépistage du SARM et la décolonisation dans les populations à haut risque peuvent contribuer à réduire le fardeau des bactériémies à SARM (37–40).

Il a été démontré que la résistance à la vancomycine liée aux bactériémies à ERV est associée à des taux de mortalité plus élevés et à des séjours hospitaliers plus longs, ce qui en fait un problème de santé publique important (41–43). Le taux de bactériémies à ERV a augmenté d'une année à l'autre dans les hôpitaux participant au PCSIN et a atteint un niveau record en 2024 (0,42 infection pour 10 000 jours-patients). Les taux les plus élevés de bactériémies à ERV ont été observés dans les hôpitaux pour adultes de l'ouest et du centre du Canada comptant 500 lits ou plus. Le succès de certains types de séquences a probablement contribué à l'augmentation du nombre de bactériémies à ERV dans les hôpitaux participant au PCSIN. En 2024, la prévalence du clone ST17, auparavant dominant, est tombée à 25,0 %, tandis que le clone ST80 est devenu prédominant, représentant 30,6 % des isolats. Par rapport à d'autres types de séquences, une association distincte a été identifiée entre le ST80 et le gène VanB. Cette association de gènes VanB hébergés principalement parmi les isolats ST80 a également été documentée dans des études récentes liées à des épidémies de VanB en Suède et au Danemark (44,45). Des tendances à la hausse ont été observées dans d'autres pays, tels que l'Allemagne et l'Inde, qui peuvent être associées, en partie, à l'introduction et à la propagation de nouveaux clones, à des différences dans les pratiques de prescription d'antibiotiques et à des lacunes dans les pratiques de prévention des infections (46–50). Étant donné que le taux de mortalité à 30 jours, toutes causes confondues, demeure élevé et que la plupart de cas des bactériémies à ERV signalés par les hôpitaux participant au PCSIN étaient des IASS, une surveillance continue et des mesures ciblées de prévention des infections dans les hôpitaux sont de la plus haute importance. En outre, les options



de traitement pour les bactériémies à ERV sont limitées et nécessitent l'utilisation de la daptomycine et du linézolide, qui sont classés comme antibiotiques de réserve de dernier recours dans la classification AWaRe de l'OMS (51). Les données sur la sensibilité aux antibiotiques jusqu'en 2024 montrent que la grande majorité des isolats de bactériémies à ERV demeurent sensibles à la daptomycine et au linézolide (plus de 95 %); cependant, une surveillance continue est nécessaire pour saisir tout changement dans les tendances de la RAM au fil du temps.

Les infections à entérobactéries productrices de carbapénémases constituent une menace importante pour la santé publique, car elles sont de plus en plus fréquentes dans les environnements de soins de santé du monde entier et sont associées à une mortalité élevée et à des options de traitement limitées (52–55). Les Centres de contrôle et de prévention des maladies et l'OMS ont classé les EPC parmi les menaces les plus urgentes en matière de RAM (56,57). Parmi les hôpitaux participant au PCSIN, le nombre d'infections aux EPC a plus que quintuplé entre 2020 et 2024 et l'augmentation du taux d'infection était significative ($p = 0,03$). Les données sur l'incidence des infections aux EPC dans d'autres pays, comme le Danemark, l'Italie, la Suisse et le Royaume-Uni, ont également montré une augmentation de l'incidence des infections aux EPC (30,58–61). De 2020 à 2024, 86,8 % des infections aux EPC ont été contractées au Canada et 80 % dans un hôpital canadien de soins de courte durée, ce qui souligne l'importance d'une surveillance continue et de stratégies rigoureuses et à niveaux multiples de lutte contre les infections, y compris le dépistage des patients ayant déjà été hospitalisés (au Canada ou à l'étranger). Les données relatives aux nouveaux médicaments antimicrobiens tels que la ceftazidime et l'avibactam montrent une faible résistance aux carbapénémases telles que la KPC et l'OXA-48. En accord avec plusieurs autres études, des médicaments tels que l'imipénem/relebactam, le méropénem/vaborbactam et la ceftazidime/avibactam ne sont pas efficaces sur les producteurs de NDM où une résistance élevée est souvent observée. Comme on observe une tendance à l'augmentation de la prévalence du NDM, il est nécessaire de tester de nouveaux agents efficaces contre cette carbapénémase.

Candidozyma auris

Candidozyma auris est une levure multirésistante émergente qui peut provoquer des infections invasives et des épidémies, dans lesquelles les infections invasives ont un taux de mortalité très élevé (15 % à 60 %) (62–64). *Candidozyma auris* a également été détecté dans des dizaines de pays (62–68). Bien qu'encore relativement rare au Canada, le nombre de cas a augmenté, passant de quatre cas en 2020 à 14 cas en 2024. Les États-Unis ont signalé plus de 7 000 cas cliniques en 2025 (69). L'identification de *C. auris* dans les laboratoires de microbiologie nécessite l'identification de *Candida* au niveau de l'espèce, ce qui a été réalisé pour tous les isolats de *Candida* dans 45 % des laboratoires en 2018 et 81 % en 2024, même dans les hôpitaux du PCSIN (70). Les options thérapeutiques sont limitées,

car plus de 20 % des isolats de *C. auris* identifiés au Canada étaient multirésistants et une résistance supplémentaire peut se développer au cours du traitement antifongique (71,72). L'identification rapide, le dépistage de la colonisation chez les patients à risque, le respect de pratiques de base et de précautions additionnelles et l'analyse de transmissions potentielles sont tous nécessaires pour réduire la transmission de *C. auris* dans les établissements de santé canadiens. Avec la détection croissante de *C. auris* au Canada, il est essentiel de continuer la déclaration pour surveiller le risque et identifier les tendances épidémiologiques et microbiologiques.

Points forts et limites

Les points forts du PCSIN résident dans la taille de son réseau, sa nature collaborative, sa collecte de données détaillées (épidémiologiques et de laboratoire), ses procédures normalisées et son évaluation fréquente et systématique de la qualité des données. Les données épidémiologiques recueillies par le PCSIN comprennent les renseignements disponibles dans les dossiers médicaux des patients liés aux soins cliniques ainsi que les données recueillies par les programmes de prévention et de contrôle des infections. Bien que le roulement du personnel dans les hôpitaux ait pu influencer l'application cohérente des définitions de cas du PCSIN lors de l'examen des dossiers, la collecte des données a été effectuée par des professionnels formés et expérimentés en matière de prévention et de contrôle des infections, qui reçoivent régulièrement des formations de mise à jour sur la méthodologie et les définitions du PCSIN. En outre, des évaluations régulières de la qualité des données ont été effectuées afin de garantir leur exactitude et leur cohérence. Ces données peuvent également être influencées par un biais de sélection en raison de l'exclusion des sites dont les informations sont manquantes ou incomplètes au cours de la période d'étude. Une autre limite de la surveillance de *C. auris* est que des renseignements épidémiologiques détaillés ne sont disponibles que pour les patients identifiés dans les hôpitaux participant au PCSIN.

Des efforts sont actuellement déployés pour améliorer la qualité et la représentativité des données de surveillance des IASS au Canada. En outre, l'enquête améliorée sur les pratiques de dépistage des hôpitaux est menée chaque année pour contextualiser l'évolution des taux d'IASS dans le réseau du PCSIN. Le PCSIN mène également des enquêtes de prévalence ponctuelle pour évaluer le fardeau et l'incidence des IASS et l'utilisation d'antimicrobiens; la quatrième enquête de prévalence ponctuelle a été menée en février et mars 2024 (2). Afin d'améliorer la représentativité et la généralisation des taux de référence nationaux des IASS, le PCSIN a lancé un ensemble de données simplifié accessible par tous les hôpitaux de soins de courte durée du Canada pour collecter et visualiser les données annuelles sur les taux d'IASS; 109 hôpitaux ont participé au projet. Avec le lancement de l'ensemble de données simplifié, la couverture par le PCSIN des lits de soins de courte durée au Canada est passée de 35 % en 2020 à 49 % en 2024,



améliorant ainsi la représentativité des populations nordiques, communautaires, rurales et autochtones (73). Ces données et d'autres données détaillées du PCSIN, des outils d'exploration des données et des analyses sont disponibles sur le site Web de l'Infobase santé du PCSIN (73).

Conclusion

Les résultats de la surveillance d'un réseau sentinelle national d'hôpitaux canadiens de soins de courte durée indiquent que les taux de bactériémies à SARM et d'ICD sont demeurés stables entre 2020 et 2024, tandis que les taux de bactériémies à ERV et d'infections à EPC ont augmenté. Peu de cas de *C. auris* ont été détectés au Canada, mais les chiffres ont augmenté. La surveillance continue des IASS au Canada est essentielle pour comprendre les tendances des données, pour fournir des taux de référence pour les comparaisons nationales et internationales et pour évaluer et créer des interventions et des politiques visant à améliorer la qualité des soins de santé au Canada. Ces données continuent également de constituer l'une des principales bases de données probantes pour le suivi des taux de RAM au Canada, alors que nous nous efforçons de respecter les engagements énoncés dans le *Plan d'action pancanadien sur la résistance aux antimicrobiens* (16).

Déclaration des auteurs

Les hôpitaux du Programme canadien de surveillance des infections nosocomiales ont apporté leur expertise dans l'élaboration de protocoles ainsi que dans la collecte et la soumission de données épidémiologiques et d'isolats de laboratoire. Le Laboratoire national de microbiologie a effectué les analyses de laboratoire et a contribué à l'interprétation et à la révision de l'article. Des épidémiologistes de l'ASPC ont été chargés de la conception, de l'analyse, de l'interprétation, de la rédaction et de la révision de l'article.

Intérêts concurrents

Aucun.

Remerciements

Nous remercions les médecins, les épidémiologistes, les spécialistes de la lutte contre les infections et le personnel de laboratoire de chaque hôpital participant pour leur contribution : Vancouver General Hospital (VGH), Vancouver, Colombie-Britannique (C.-B.); Richmond General Hospital, Richmond, C.-B.; U.C.-B. Hospital, Vancouver, C.-B.; Lion's Gate, North Vancouver, C.-B.; Powell River General Hospital, Powell River, C.-B.; Sechelt Hospital (anciennement St. Mary's), Sechelt, C.-B.; Squamish General Hospital, Squamish, C.-B.; Victoria General Hospital, Victoria, C.-B.; Royal Jubilee Hospital, Victoria, C.-B.; Nanaimo Regional General Hospital, Nanaimo, C.-B.; C.-B. Women's Hospital, Vancouver, C.-B.; C.-B. Children's Hospital, Vancouver, C.-B.; Kelowna General Hospital, Kelowna, C.-B.;

Penticton Regional Hospital, Penticton, C.-B.; University Hospital of Northern C.-B., Prince George, C.-B.; Abbotsford Regional Hospital, Abbotsford, C.-B.; Burnaby Hospital, Burnaby, C.-B.; Chilliwack General Hospital, Chilliwack, C.-B.; Delta Hospital, Delta, C.-B.; Eagle Ridge Hospital, Port Moody, C.-B.; Fraser Canyon Hospital, Hope, C.-B.; Langley Memorial Hospital, Langley, C.-B.; Mission Memorial Hospital, Mission, C.-B.; Peace Arch Hospital, White Rock, C.-B.; Royal Columbian Hospital, New Westminster, C.-B.; Ridge Meadows Hospital, Maple Ridge, C.-B.; Surrey Memorial Hospital, Surrey, C.-B.; Queen's Park Centre, New Westminster, C.-B.; Fellburn Care Centre, Burnaby, C.-B.; Fleetwood Place, Surrey, C.-B.; Peter Lougheed Centre, Calgary, Alberta (AB); Rockyview General Hospital, Calgary, AB; South Health Campus, Calgary, AB; Foothills Medical Centre, Calgary, AB; Alberta Children's Hospital, Calgary, AB; University of Alberta Hospital, Edmonton, AB; Stollery Children's Hospital, Edmonton, AB; Royal University Hospital, Saskatoon, Saskatchewan (SK); Regina General Hospital, Regina, SK; Pasqua Hospital, Regina, SK; Moose Jaw Hospital, SK; St. Paul's Hospital, Saskatoon, SK; Health Sciences Centre-Winnipeg, Winnipeg, Manitoba (MB); University of Manitoba Children's Hospital, Winnipeg, MB; Children's Hospital of Western Ontario, London, Ontario (ON); St. Michael's Hospital, Toronto, ON; Victoria Hospital, London, ON; University Hospital, London, ON; Toronto General Hospital, Toronto, ON; Toronto Western Hospital, Toronto, ON; Princess Margaret, Toronto, ON; Mount Sinai Hospital, Toronto, ON; Bridgepoint Active Healthcare, Toronto, ON; Sunnybrook Hospital, Toronto, ON; Kingston General Hospital, Kingston, ON; The Hospital for Sick Children, Toronto, ON; McMaster Children's Hospital, Hamilton, ON; St. Joseph's Healthcare, Hamilton, ON; Joseph's Healthcare, Hamilton, ON; Jurvinski Hospital and Cancer Center, Hamilton, ON; Hamilton Health Sciences General Site, Hamilton, ON; The Ottawa Hospital Civic Campus, Ottawa, ON; The Ottawa Hospital General Campus, Ottawa, ON; Institut de cardiologie de l'Université d'Ottawa, Ottawa, ON; Hôpital pour enfants de l'est de l'Ontario (CHEO), Ottawa, ON; Hôpital général de North York, Toronto, ON; Hôpital régional de Sudbury, Sudbury, ON; Hôpital Temiskaming, Temiskaming Shores, ON; SMBD-Hôpital général juif, Montréal, Québec (QC); Hôpital général de Lachine, Lachine, QC; Hôpital de Montréal pour enfants, Montréal, QC; Hôpital Maisonneuve-Rosemont, Montréal, QC; Hôtel-Dieu de Québec, QC; Centre hospitalier de l'Université de Montréal, Montréal, QC; Hôpital général de Montréal, Montréal, QC; Centre hospitalier universitaire Sainte-Justine, Montréal, QC; Hôpital Royal Victoria, Montréal, QC; Institut neurologique de Montréal, Montréal, QC; Hôpital régional de Rimouski, Rimouski, QC; Hôpital de Notre-Dame-du-lac, Témiscouata-sur-le-lac, QC; Centre hospitalier régional du Grand-Portage, Rivière-du-loup, QC; Hôpital Notre-Dame-de-Fatima, La Pocatière, QC; Hôpital d'Amqui, Amqui, QC; Hôpital de Matane, Matane, QC; Hôpital de Moncton, Moncton, Nouveau-Brunswick (N.-B.); Halifax Infirmary, Halifax, Nouvelle-Écosse (N.-É.); Victoria General, Halifax, N.-É.; Rehabilitation Centre, Halifax, N.-É.; Veterans Memorial Building, Halifax, N.-É.; Dartmouth General Hospital, Halifax, N.-É.; IWK Health Centre, Halifax, N.-É.; General Hospital & Miller Centre, St. John's, Terre-Neuve et Labrador (T.-N.-L.); Burin Peninsula Health Care Centre, Burin, T.-N.-L.; Carbonear General Hospital, Carbonear, T.-N.-L.; Dr. G.B. Cross Memorial Hospital, Clarendville, T.-N.-L.; Janeway Children's Hospital and Rehabilitation Centre, St. John's, T.-N.-L.; St. Clare's Mercy Hospital, St. John's, T.-N.-L.; Sir Thomas Roddick Hospital,



Stephenville, T.-N.-L.; Western Memorial Regional Hospital, Corner Brook, T.-N.-L.; Central Newfoundland Regional Health Centre, Grand Falls-Windsor, T.-N.-L.; James Paton Memorial Hospital, Gander, T.-N.-L.; Dr. Y.K. Jeon Kittiwake Health Centre, New-Wes-Valley, T.-N.-L.; Fogo Island Health Centre, Fogo, T.-N.-L.; Notre Dame Bay Memorial Health Centre, Twillingate, T.-N.-L.; Connaigre Peninsula Health Centre, Harbour Breton, T.-N.-L.; A.M. Guy Health Centre, Buchans, T.-N.-L.; Green Bay Health Centre, Springdale, T.-N.-L.; Baie Verte Peninsula Health Centre, Baie Verte, T.-N.-L.; Queen Elizabeth Hospital, Charlottetown, Île-du-Prince-Édouard (Î.-P.-É.); Prince County Hospital, Summerside, Î.-P.-É.; Qikiqtani General Hospital, Nunavut.

Nous remercions le personnel de l'Agence de la santé publique du Canada au Centre de la lutte contre les maladies transmissibles et les infections, Ottawa (Ontario) (J. Bartoszko, J. Cayen, K. Choi, N. Jeyakumar, D. Lee, M. LaFreniere, C. Lybeck, C. McClellan, E. McGill, A. Neitzel, N. Papayiannakis, S. Rudat, A. Silva, Z. Suleman, O. Varsaneux) et le Laboratoire national de microbiologie, Winnipeg (Manitoba) (S. Ahmed, A. Bangit, A. Bharat, T. Du, R. Edirmanasinghe, K. Fakharuddin, G. Golding, G. Grewal, R. Hizon, X. Li, L. Mataseje, M. McCracken, M. Reimer, N. Lermينياux, J. Tinsley).

Financement

Ce travail a été soutenu par l'Agence de la santé publique du Canada.

Références

1. Organisation for Economic Co-operation Development and World Health Organization. OECD-WHO Briefing Paper on Infection Prevention and Control. Addressing the Burden of Infections and Antimicrobial Resistance Associated with Health Care. Focus on G7 countries. Paris, FR/Geneva, CH: OECD/WHO; 2022. <https://www.oecd.org/health/Addressing-burden-of-infections-and-AMR-associated-with-health-care.pdf>
2. Mitchell R, Lee D, Bartoszko J, Lybeck C, Benoit MÈ, Comeau J, Ellison J, Frenette C, Happe J, Haslam N, Lee B, Mertz D, Smith SW, Thirion D, Wong A, Science M, Hota S. Trends in healthcare-associated infections and antimicrobial-resistant organisms among adults in Canadian acute care hospitals: findings from four point prevalence surveys, 2002 to 2024. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2025;46(10):1–8. [DOI PubMed](#)
3. UK Health Security Agency. Point prevalence survey on healthcare-associated infections, antimicrobial use and antimicrobial stewardship in England, 2023. London, UK: UKHAS; 2025. <https://assets.publishing.service.gov.uk/media/6827325d010c5c28d1c7e728/HCAI-AMU-PPS-2023-report.pdf>
4. European Centre for Disease Prevention and Control. Surveillance report. Point prevalence survey of healthcare-associated infections and antimicrobial use in European acute care hospitals. Stockholm, SE: ECDC; 2024. <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/healthcare-associated-point-prevalence-survey-acute-care-hospitals-2022-2023.pdf>
5. Russo PL, Stewardson AJ, Cheng AC, Bucknall T, Mitchell BG. The prevalence of healthcare associated infections among adult inpatients at nineteen large Australian acute-care public hospitals: a point prevalence survey. *Antimicrob Resist Infect Control* 2019;8:114. [DOI PubMed](#)
6. Cassini A, Högberg LD, Plachouras D, Quattrocchi A, Hoxha A, Simonsen GS, Colomb-Cotinat M, Kretzschmar ME, Devleeschauwer B, Cecchini M, Ouakrim DA, Oliveira TC, Struelens MJ, Suetens C, Monnet DL; Burden of AMR Collaborative Group. Attributable deaths and disability-adjusted life-years caused by infections with antibiotic-resistant bacteria in the EU and the European Economic Area in 2015: a population-level modelling analysis. *Lancet Infect Dis* 2019;19(1):56–66. [DOI PubMed](#)
7. Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. *Lancet* 2022;399(10325):629–55. [DOI PubMed](#)
8. Poudel AN, Zhu S, Cooper N, Little P, Tarrant C, Hickman M, Yao G. The economic burden of antibiotic resistance: A systematic review and meta-analysis. *PLoS One* 2023;18(5):e0285170. [DOI PubMed](#)
9. UK Health Security Agency. Thirty-day all-cause mortality following MRSA, MSSA and Gram-negative bacteraemia and *C. difficile* infections 2020 to 2021. London, UK: UKHAS; 2021. <https://assets.publishing.service.gov.uk/media/61b0aa9cd3bf7f055d72d758/hcai-all-cause-fatality-report-2021.pdf>
10. Lakhundi S, Zhang K. Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*: Molecular Characterization, Evolution, and Epidemiology. *Clin Microbiol Rev* 2018;31(4):e00020–18. [DOI PubMed](#)
11. Pelude L, Campbell J, Bakai-Anderson S, Bedard P, Comeau JL, Durand J, Embil JM, Embree JE, Evans GA, Frenette C, Ivany A, Katz K, Kibsey PC, Langley JM, Lee BP, Leis JA, McGeer AJ, Parsonage JP, Penney D, Silva A, Srigley JA, Stagg P, Tomlinson J, Vayalunkal JV, Gittens-Webber CG, Smith S. National Surveillance of Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* Bloodstream Infections in Canadian Acute-Care Hospitals. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2020;41 S1:s72–3. [DOI](#)



12. Thampi N, Showler A, Burry L, Bai AD, Steinberg M, Ricciuto DR, Bell CM, Morris AM. Multicenter study of health care cost of patients admitted to hospital with *Staphylococcus aureus* bacteremia: impact of length of stay and intensity of care. *Am J Infect Control* 2015;43(7):739–44. [DOI PubMed](#)
13. Council of Canadian Academies. When Antibiotics Fail. The Expert Panel on the Potential Socio-Economic Impacts of Antimicrobial Resistance in Canada. Ottawa, ON: CCA; 2019. <https://cca-reports.ca/reports/the-potential-socio-economic-impacts-of-antimicrobial-resistance-in-canada/>
14. Kohlenberg A, Monnet DL, Plachouras D; Candida auris survey collaborative group; Candida auris survey collaborative group includes the following national experts. Increasing number of cases and outbreaks caused by *Candida auris* in the EU/EEA, 2020 to 2021. *Euro Surveill* 2022;27(46):2200846. [DOI PubMed](#)
15. World Health Organization. Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS) Report. Geneva, CH: WHO; 2020. <https://www.who.int/initiatives/glass>
16. Agence de la santé publique du Canada. Plan d'action pancanadien sur la résistance aux antimicrobiens. Ottawa, ON : ASPC; 2023. <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/publications/medicaments-et-produits-sante/plan-action-pancanadien-resistance-antimicrobiens.html>
17. Abdesselam K, Ngendabanka RJ, Muchaal PK, Amaratunga K, Mishra A, Narkar R, Crago AL, Lary T. Canada's 2025 AMR priority pathogens: evidence-based ranking and public health implications. *PLoS One* 2025;20(9):e0330128. [DOI PubMed](#)
18. Infection Prevention and Control Canada. CNISP Protocols & Publications. Winnipeg, MB: IPAC. <https://ipac-canada.org/resource-centre/infection-control-resources/cnisp-protocols-publications/>
19. Forrester L, Collet JC, Mitchell R, Pelude L, Henderson E, Vayalunkal J, Leduc S, Ghahreman S, Weir C, Gravel D; CNISP Data Quality Working Group, and CNISP participating sites. How reliable are national surveillance data? Findings from an audit of Canadian methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* surveillance data. *Am J Infect Control* 2012;40(2):102–7. [DOI PubMed](#)
20. Leduc S, Bush K, Campbell J, Cassidy K, Collet JC, Forrester L, Henderson E, Leal J, Leamon A, Pelude L, Mitchell R, Mukhi SN, Quach-Thanh C, Shurgold JH, Simmonds K; Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program. What can an audit of national surveillance data tell us? Findings from an audit of Canadian vancomycin-resistant enterococci surveillance data. *Can J Infect Control* 2015;30(2):75–81.
21. Akorful RA, Odoom A, Awere-Duodu A, Donkor ES. The Global Burden of *Clostridioides difficile* Infections, 2016–2024: A Systematic Review and Meta-Analysis. *Infect Dis Rep* 2025;17(2):31. [DOI PubMed](#)
22. UK Health Security Agency. Increase in *Clostridioides difficile* infections (CDI): current epidemiology data and investigations – Technical report. London, UK: UKHSA; 2025. <https://www.gov.uk/government/publications/increase-in-clostridioides-difficile-infections-technical-report/increase-in-clostridioides-difficile-infections-cdi-current-epidemiology-data-and-investigations-technical-report>
23. Du T, Baekyung Choi K, Silva A, Lybeck C, Golding G, Hizon R, Ahmed S, Chow B, Davis I, Engbretson M, Evans G, Frenette C, Johnstone J, Kibsey P, Katz K, Langley J, Leal J, Lee B, Longtin Y, Mertz D, Minion J, Science M, Srigley J, Suh K, Titoria R, Thampi N, Wong A, Comeau J, Hota S. Molecular and Epidemiological Characterization of Pediatric and Adult *C. difficile* Infection in Canadian Hospitals, 2015–2022. *Antimicrob Steward Healthc Epidemiol* 2024;4(51):s10–1. [DOI](#)
24. Peng Z, Jin D, Kim HB, Stratton CW, Wu B, Tang YW, Sun X. Update on Antimicrobial Resistance in *Clostridium difficile*: Resistance Mechanisms and Antimicrobial Susceptibility Testing. *J Clin Microbiol* 2017;55(7):1998–2008. [DOI PubMed](#)
25. Freeman J, Vernon J, Pilling S, Morris K, Nicolson S, Shearman S, Clark E, Palacios-Fabrega JA, Wilcox M; Pan-European Longitudinal Surveillance of Antibiotic Resistance among Prevalent *Clostridium difficile* Ribotypes' Study Group. Five-year Pan-European, longitudinal surveillance of *Clostridium difficile* ribotype prevalence and antimicrobial resistance: the extended ClosER study. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis* 2020;39(1):169–77. [DOI PubMed](#)
26. Sholeh M, Krutova M, Forouzesh M, Mironov S, Sadeghifard N, Molaeipour L, Maleki A, Kouhsari E. Antimicrobial resistance in *Clostridioides (Clostridium) difficile* derived from humans: a systematic review and meta-analysis. *Antimicrob Resist Infect Control* 2020;9(1):158. [DOI PubMed](#)



27. Carlson TJ, Blasingame D, Gonzales-Luna AJ, Alnezary F, Garey KW. Clostridioides difficile ribotype 106: A systematic review of the antimicrobial susceptibility, genetics, and clinical outcomes of this common worldwide strain. *Anaerobe* 2020;62:102142. DOI PubMed
28. Suárez-Bode L, Barrón R, Pérez JL, Mena A. Increasing prevalence of the epidemic ribotype 106 in healthcare facility-associated and community-associated Clostridioides difficile infection. *Anaerobe* 2019;55:124–9. DOI PubMed
29. World Health Organization. Bloodstream infection due to methicillin-resistant Staphylococcus aureus (MRSA), proportion (%). Geneva, CH: WHO; 2025. <https://www.who.int/data/gho/data/indicators/indicator-details/GHO/sdg-3.d.2-amr-infect-mrsa>
30. World Health Organization. WHO Bacterial Priority Pathogens List, 2024: bacterial pathogens of public health importance to guide research, development and strategies to prevent and control antimicrobial resistance. Geneva, CH: WHO; 2024. <https://www.who.int/publications/b/64088>
31. European Centre for Disease Prevention and Control. Antimicrobial resistance in the EU/EEA (EARS-Net) - Annual Epidemiological Report for 2024. Stockholm, SE: ECDC; 2025. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/antimicrobial-resistance-eueea-ears-net-annual-epidemiological-report-2024>
32. Australian Government. Australian Institute of Health and Welfare. Healthcare-associated Staphylococcus aureus bloodstream infections, 2024-25. Canberra, AU; AIHW; 2026. <https://www.aihw.gov.au/getmedia/3e1969fb-75f0-46b4-b549-71ab2d03f509/MyHospitals-SABS-summary-tables-2024-25.xlsx>
33. Australian Government. Australian Institute of Health and Welfare. Surveillance of healthcare associated infection: Staphylococcus aureus bacteraemia NBPDS. Canberra, AU: AIHW; 2022. <https://meteor.aihw.gov.au/content/391133>
34. Bellis KL, Dissanayake OM, Harrison EM, Aggarwal D. Community methicillin-resistant Staphylococcus aureus outbreaks in areas of low prevalence. *Clin Microbiol Infect* 2025;31(2):182–9. DOI PubMed
35. Kobayashi T, Ai C, Jung M, Salinas JL, Yu KC. Trends and outcomes in community-onset and hospital-onset Staphylococcus bacteremia among hospitals in the United States from 2015 to 2020. *Antimicrob Steward Healthc Epidemiol* 2024;4(1):e136. DOI PubMed
36. Kourtis AP, Hatfield K, Baggs J, Mu Y, See I, Epton E, Nadle J, Kainer MA, Dumyati G, Petit S, Ray SM, Ham D, Capers C, Ewing H, Coffin N, McDonald LC, Jernigan J, Cardo D; Emerging Infections Program MRSA author group. Vital Signs: Epidemiology and Recent Trends in Methicillin-Resistant and in Methicillin-Susceptible Staphylococcus aureus Bloodstream Infections - United States. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* 2019;68(9):214–9. DOI PubMed
37. Centers for Disease Control and Prevention. Healthcare-Associated Infections (HAIs). Antibiotic Resistance & Patient Safety Portal (AR & PSP). Atlanta, GA: CDC; 2026. https://www.cdc.gov/healthcare-associated-infections/php/data/ar-patient-safety-portal.html?CDC_AAref_Val=
38. Henderson A, Nimmo GR. Control of healthcare- and community-associated MRSA: recent progress and persisting challenges. *Br Med Bull* 2018;125(1):25–41. DOI PubMed
39. Leibler JH, Liebschutz JM, Keosaian J, Stewart C, Monteiro J, Woodruff A, Stein MD. Homelessness, Personal Hygiene, and MRSA Nasal Colonization among Persons Who Inject Drugs. *J Urban Health* 2019;96(5):734–40. DOI PubMed
40. Parikh MP, Octaria R, Kainer MA. Methicillin-resistant Staphylococcus aureus bloodstream infections and injection drug use, Tennessee, USA, 2015–2017. *Emerg Infect Dis* 2020;26(3):446–53. DOI PubMed
41. Lybeck C, Cayen J, Golding G, Edirmanasinghe R, Admed S, Pelude L, Rudnick W, Comeau JL, Durand J, Ellison J, Embil JM, Evans GA, Frenette C, Gittens-Webber C, Katz K, Khalil N, Kibsey P, Langley JM, Lee BE, Lee S, Leis JA, McGeer A, Parsonage J, Paramalingam S, Penney D, Srigley JA, Tomlinson J, Vayalumkal JV, Embretson M, Sherren C, Lefebvre MA, Smith SW. Community-associated Methicillin-resistant Staphylococcus aureus bloodstream infections among people who inject drugs admitted to hospitals in Canada (2010–2023): Data from the Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program. *J Assoc Med Microbiol Infect Dis Canada*. 2025;10 Supplement. AMMI Canada Conference 2025. DOI
42. Eichel VM, Last K, Brühwasser C, von Baum H, Dettenkofer M, Götting T, Grundmann H, Güldenhöven H, Liese J, Martin M, Papan C, Sadaghiani C, Wendt C, Werner G, Mutters NT. Epidemiology and outcomes of vancomycin-resistant enterococcus infections: a systematic review and meta-analysis. *J Hosp Infect* 2023;141:119–28. DOI PubMed



43. Hemapanpaioa J, Changpradub D, Thunyaharn S, Santimaleeworagun W. Does vancomycin resistance increase mortality? Clinical outcomes and predictive factors for mortality in patients with *Enterococcus faecium* infections. *Antibiotics (Basel)* 2021;10(2):105. DOI PubMed
44. Prematunge C, MacDougall C, Johnstone J, Adomako K, Lam F, Robertson J, Garber G. VRE and VSE bacteremia outcomes in the era of effective VRE therapy: A systematic review and meta-analysis. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2016;37(1):26–35. DOI PubMed
45. Fang H, Fröding I, Ullberg M, Giske CG. Genomic analysis revealed distinct transmission clusters of vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* ST80 in Stockholm, Sweden. *J Hosp Infect* 2021;107:12–5. DOI PubMed
46. Hammerum AM, Karstensen KT, Roer L, Kaya H, Lindegaard M, Porsbo LJ, Kjerulf A, Pinholt M, Holzkecht BJ, Worning P, Nielsen KL, Hansen SG, Clausen M, Søndergaard TS, Dzajic E, Østergaard C, Wang M, Koch K, Hasman H. Surveillance of vancomycin-resistant enterococci reveals shift in dominating clusters from vanA to vanB *Enterococcus faecium* clusters, Denmark, 2015 to 2022. *Euro Surveill* 2024;29(23):2300633. DOI PubMed
47. Ayobami O, Willrich N, Reuss A, Eckmanns T, Markwart R. The ongoing challenge of vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* and *Enterococcus faecalis* in Europe: an epidemiological analysis of bloodstream infections. *Emerg Microbes Infect* 2020;9(1):1180–93. DOI PubMed
48. Buetti N, Wassilew N, Rion V, Senn L, Gardiol C, Widmer A, Marschall J; for Swissnoso. Emergence of vancomycin-resistant enterococci in Switzerland: a nation-wide survey. *Antimicrob Resist Infect Control* 2019;8:16. DOI PubMed
49. European Centre for Disease Prevention and Control. Point prevalence survey of healthcare-associated infections and antimicrobial use in European acute care hospitals – 2022-2023. Stockholm, SE: ECDC; 2024. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/PPS-HAI-AMR-acute-care-europe-2022-2023>
50. Iqbal F, Alocious A, Joy SC, Stanly EA, Rajesh V, Unnikrishnan MK, Steinke D, Chandra P. Vancomycin-resistant enterococci: A rising challenge to global health. *Clin Epidemiol Glob Health* 2024;28:101663. DOI
51. Cimen C, Berends MS, Bathoorn E, Lokate M, Voss A, Friedrich AW, Glasner C, Hamprecht A. Vancomycin-resistant enterococci (VRE) in hospital settings across European borders: a scoping review comparing the epidemiology in the Netherlands and Germany. *Antimicrob Resist Infect Control* 2023;12(1):78. DOI PubMed
52. Organisation mondiale de la Santé. Liste modèle des médicaments essentiels (eEML). Genève, CH : OMS; 2020. <https://list.essentialmeds.org/?ln=FR>
53. van Duin D, Doi Y. The global epidemiology of carbapenemase-producing Enterobacteriaceae. *Virulence* 2017;8(4):460–9. DOI PubMed
54. Logan LK, Weinstein RA. The Epidemiology of Carbapenem-Resistant Enterobacteriaceae: The Impact and Evolution of a Global Menace. *J Infect Dis* 2017;215 suppl_1:S28–36. DOI PubMed
55. Cantón R, Akóva M, Carmeli Y, Giske CG, Glupczynski Y, Gniadkowski M, Livermore DM, Miriagou V, Naas T, Rossolini GM, Samuelsen Ø, Seifert H, Woodford N, Nordmann P; European Network on Carbapenemases. Rapid evolution and spread of carbapenemases among Enterobacteriaceae in Europe. *Clin Microbiol Infect* 2012;18(5):413–31. DOI PubMed
56. Bonomo RA, Burd EM, Conly J, Limbago BM, Poirel L, Segre JA, Westblade LF. Carbapenemase-Producing Organisms: A Global Scourge. *Clin Infect Dis* 2018;66(8):1290–7. DOI PubMed
57. Centers for Disease Control and Prevention. Antibiotic resistance threats in the United States, 2019. Atlanta, GA: CDC; 2019. <https://stacks.cdc.gov/view/cdc/82532>
58. Iacchini S, Sabbatucci M, Gagliotti C, Rossolini GM, Moro ML, Iannazzo S, D’Ancona F, Pezzotti P, Pantosti A. Bloodstream infections due to carbapenemase-producing Enterobacteriaceae in Italy: results from nationwide surveillance, 2014 to 2017. *Euro Surveill* 2019;24(5):1800159. DOI PubMed
59. The Danish Integrated Antimicrobial Resistance Monitoring and Research Programme. Report – 2023. Copenhagen, DK: DANMAP; 2024. <https://www.danmap.org/reports/2023>
60. Ramette A, Gasser M, Nordmann P, Zbinden R, Schrenzel J, Perisa D, Kronenberg A. Temporal and regional incidence of carbapenemase-producing Enterobacteriales, Switzerland, 2013 to 2018. *Euro Surveill* 2021;26(15):1900760. DOI PubMed



61. Trepanier P, Mallard K, Meunier D, Pike R, Brown D, Ashby JP, Donaldson H, Awad-El-Kariem FM, Balakrishnan I, Cubbon M, Chadwick PR, Doughton M, Doughton R, Hardiman F, Harvey G, Horner C, Lee J, Lewis J, Loughrey A, Manuel R, Parsons H, Perry JD, Vanstone G, White G, Shetty N, Coia J, Wiuff C, Hopkins KL, Woodford N. Carbapenemase-producing Enterobacteriaceae in the UK: a national study (EuSCAPE-UK) on prevalence, incidence, laboratory detection methods and infection control measures. *J Antimicrob Chemother* 2017;72(2):596–603. DOI PubMed
62. Agence de la santé publique du Canada. Candida auris Prévention et contrôle des infections dans les établissements de soins de santé canadiens. Ottawa, ON : ASPC; 2025. <https://www.canada.ca/fr/services/sante/publications/maladies-et-affections/candida-auris-prevention-contrôle-infections-etablissements-soins-sante-canadiens.html>
63. Eckbo EJ, Wong T, Bharat A, Cameron-Lane M, Hoang L, Dawar M, Charles M. First reported outbreak of the emerging pathogen *Candida auris* in Canada. *Am J Infect Control* 2021;49(6):804–7. DOI PubMed
64. Ruiz-Gaitán A, Moret AM, Tasiás-Pitarch M, Alexandre-López AI, Martínez-Morel H, Calabuig E, Salavert-Lletí M, Ramírez P, López-Hontangas JL, Hagen F, Meis JF, Mollar-Maseres J, Pemán J. An outbreak due to *Candida auris* with prolonged colonisation and candidaemia in a tertiary care European hospital. *Mycoses* 2018;61(7):498–505. DOI PubMed
65. Schelenz S, Hagen F, Rhodes JL, Abdolrasouli A, Chowdhary A, Hall A, Ryan L, Shackleton J, Trimlett R, Meis JF, Armstrong-James D, Fisher MC. First hospital outbreak of the globally emerging *Candida auris* in a European hospital. *Antimicrob Resist Infect Control* 2016;5:35. DOI PubMed
66. Zhu Y, O'Brien B, Leach L, Clarke A, Bates M, Adams E, Ostrowsky B, Quinn M, Dufort E, Southwick K, Erazo R, Haley VB, Bucher C, Chaturvedi V, Limberger RJ, Blog D, Lutterloh E, Chaturvedi S. Laboratory Analysis of an Outbreak of *Candida auris* in New York from 2016 to 2018: impact and lessons learned. *J Clin Microbiol* 2020;58(4):e01503–19. DOI PubMed
67. Ahmad S, Alfouzan W. *Candida auris*: Epidemiology, Diagnosis, Pathogenesis, Antifungal Susceptibility, and Infection Control Measures to Combat the Spread of Infections in Healthcare Facilities. *Microorganisms* 2021;9(4):807. DOI PubMed
68. Lockhart SR, Etienne KA, Vallabhaneni S, Farooqi J, Chowdhary A, Govender NP, Colombo AL, Calvo B, Cuomo CA, Desjardins CA, Berkow EL, Castanheira M, Magobo RE, Jabeen K, Asghar RJ, Meis JF, Jackson B, Chiller T, Litvintseva AP. Simultaneous Emergence of Multidrug-Resistant *Candida auris* on 3 Continents Confirmed by Whole-Genome Sequencing and Epidemiological Analyses. *Clin Infect Dis* 2017;64(2):134–40. DOI PubMed
69. Centers for Disease Control and Prevention. *Candida auris*, clinical: (Week 52) Weekly cases of notifiable diseases, United States, U.S. Territories, and Non-U.S. Residents week ending December 27, 2025. Atlanta, GA: CDC; 2025. <https://stacks.cdc.gov/view/cdc/251370>
70. Tan C, Bharat A, McGill E, Mitchell R, Varsaneux O, Cannon K, Charles MK, Comeau JL, Davis I, Delpont J, Dingle TC, Dufresne PJ, Ellis C, Ellison J, Faheem A, Frenette C, Hoang L, Hota S, Katz K, Kibsey P, Kus J, Lee B, Li X, Longtin Y, Malejczyk K, Masud S, Mertz D, Musto S, Naik K, Paramalingam S, Poutanen SM, Purych D, Smith SW, Srigley JA, Titoria R, Tomlinson J, Wang X, Wong T, Yamamura D, McGeer A. Preparedness for *Candida auris* in Canadian Nosocomial Infection Surveillance Program (CNISP) hospitals, 2024. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2026;47(1):39-45. DOI PubMed
71. Agence de la santé publique du Canada. Organismes résistants aux antimicrobiens et infections associées aux soins de santé. Ottawa, ON : ASPC; 2025. <https://sante-infobase.canada.ca/pcsins/taux-ilss-ram.html>
72. Chowdhary A, Sharma C, Meis JF. *Candida auris*: A rapidly emerging cause of hospital-acquired multidrug-resistant fungal infections globally. *PLoS Pathog* 2017;13(5):e1006290. DOI PubMed
73. Agence de la santé publique du Canada. Organismes résistants aux antimicrobiens et infections associées aux soins de santé (PCSIN). Ottawa, ON : ASPC; 2026. <https://health-infobase.canada.ca/cnisp/index.html>



Appendice

Des documents et des tableaux supplémentaires sont disponibles sur demande auprès de l'auteur : cnisp-pcsin@phac-aspc.gc.ca

Définitions de cas de surveillance et critères d'admissibilité, 2024

Tableau S1.0 : Résumé des caractéristiques des patients pour les infections à *Clostridioides difficile* (ICD), les infections à entérobactéries productrices de carbapénémase (EPC), les bactériémies à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SARM) et les bactériémies à *Enterococcus* résistant à la vancomycine (ERV), 2020–2024

Tableau S1.1 : Cas et taux d'incidence des infections à *Clostridioides difficile* associées aux soins de santé et à la communauté selon la région, le type d'hôpital et la taille de l'hôpital, Canada, 2020–2024

Tableau S1.2 : Résistance aux antimicrobiens des isolats d'infections à *Clostridioides difficile* associées aux soins de santé et à la communauté, Canada, 2020–2024

Tableau S1.3 : Nombre et proportion des ribotypes communs des cas d'infection à *Clostridioides difficile* associée aux soins de santé et à la communauté, Canada, 2020–2024

Tableau S2.1 : Cas et taux d'incidence de bactériémies à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline associées aux soins de santé et à la communauté par région, type d'hôpital et taille de l'hôpital, 2020–2024

Tableau S2.2 : Résistance aux antimicrobiens des isolats de bactériémies à *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline associées aux soins de santé et à la communauté, Canada, 2020–2024

Tableau S2.3 : Nombre et proportion de certains types de spa identifiés de *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (avec les types d'épidémies correspondants)

Tableau S3.1 : Taux d'incidence du nombre de bactériémies à *Enterococcus* résistant à la vancomycine par région, type d'hôpital et taille de l'hôpital, 2020–2024

Tableau S3.2 : Nombre de bactériémies à *Enterococcus* résistant à la vancomycine associées aux soins de santé et taux d'incidence par région, type d'hôpital et taille de l'hôpital, 2020–2024

Tableau S3.3 : Nombre et proportion de types d'isolats identifiés de bactériémies à *Enterococcus* résistant à la vancomycine, 2020–2024

Tableau S3.4 : Répartition des types de séquences de bactériémies d'*Enterococcus faecium* résistant à la vancomycine, 2020–2024

Tableau S4.1 : Nombre d'infections à entérobactéries productrices de carbapénémase et taux d'incidence par région, type d'hôpital et taille de l'hôpital, 2020–2024

Tableau S.4.2 : Nombre et proportion des principaux pathogènes identifiés producteurs de carbapénémases

Tableau S4.3 : Analyses de sensibilité aux antimicrobiens pour la carbapénémase de *Klebsiella pneumoniae*, 2020–2024

Tableau S4.4 Analyse de sensibilité aux antimicrobiens pour la New Delhi métallo-bêta-lactamase, 2020–2024

Tableau S4.5 : Analyses de sensibilité aux antimicrobiens pour OXA-48, Oxacillinase-48, 2020–2024

RMTC

RELEVÉ DES MALADIES TRANSMISSIBLES AU CANADA

Agence de la santé publique du Canada
130, chemin Colonnade
Indice de l'adresse 6503A
Ottawa (Ontario) K1A 0K9
ccdr-rmtc@phac-aspc.gc.ca

Promouvoir et protéger la santé des Canadiens au moyen du leadership, de partenariats, de l'innovation et de la prise de mesures dans le domaine de la santé publique.

Agence de la santé publique du Canada
Publication autorisée par la ministre de la Santé.

© Cette œuvre est mise à la disposition selon les termes de la licence internationale [Creative Commons Attribution 4.0](#)

On peut aussi consulter cette publication en ligne :
<https://www.canada.ca/rmtc>

Also available in English under the title:
Canada Communicable Disease Report