



Since January 2020 Elsevier has created a COVID-19 resource centre with free information in English and Mandarin on the novel coronavirus COVID-19. The COVID-19 resource centre is hosted on Elsevier Connect, the company's public news and information website.

Elsevier hereby grants permission to make all its COVID-19-related research that is available on the COVID-19 resource centre - including this research content - immediately available in PubMed Central and other publicly funded repositories, such as the WHO COVID database with rights for unrestricted research re-use and analyses in any form or by any means with acknowledgement of the original source. These permissions are granted for free by Elsevier for as long as the COVID-19 resource centre remains active.

p=0,017), les troubles du sommeil (OR : 2,805 [1,25-7,989], p=0,0018), l'anxiété (OR : 1,9 [1,039-3,47], p=0,037) et la dépression (OR : 1,9 [1,03-3,86], p=0,001).

*Discussion/Conclusion* : La connaissance de ces déterminants aidera à adapter l'état de santé et les conditions de travail du personnel soignant.

*Déclaration de liens d'intérêts* : Les auteurs déclarent ne pas avoir de liens d'intérêts.

<https://doi.org/10.1016/j.respe.2022.06.040>

### 330

#### Un cadre conceptuel pour étudier la relation de causalité entre des variants du SARS-CoV-2 et la sévérité de la COVID-19 chez les patients hospitalisés

N. Van Goethem<sup>1,\*</sup>, B. Serrien<sup>1</sup>, M. Vandromme<sup>1</sup>, C. Wyndham-Thomas<sup>1</sup>, L. Catteau<sup>1</sup>, R. Brondeel<sup>1</sup>, S. Klamer<sup>1</sup>, M. Meurisse<sup>1</sup>, L. Cuyppers<sup>2</sup>, E. André<sup>3</sup>, K. Blot<sup>1</sup>, H. Van Oyen<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Sciensano, Belgique

<sup>2</sup> UZ Leuven, Belgique

<sup>3</sup> KU Leuven, Belgique

\*Auteur correspondant

E-mail address: [nina.vangoethem@sciensano.be](mailto:nina.vangoethem@sciensano.be)

*Contexte* : Les souches de SARS-CoV-2 évoluent continuellement en accumulant des mutations dans leur génome au cours de la pandémie. Nous présentons ici un cadre conceptuel général qui permet d'étudier l'effet des variants du SARS-CoV-2 sur la sévérité de la maladie COVID-19.

*Méthodes* : Nous utilisons un graphe acyclique orienté (« Directed Acyclic Graph » ou DAG) pour énoncer explicitement les hypothèses sous-jacentes qui sont faites pour estimer l'effet causal de l'infection par un variant du SARS-CoV-2 sur la sévérité de la maladie COVID-19 chez des patients hospitalisés. Les DAGs sont aussi utilisés pour explorer les différents designs d'étude avec leur risque de biais de sélection. Ensuite, l'infrastructure de données spécifiques à la surveillance du COVID-19 en Belgique est décrite, avec ses forces et ses faiblesses pour étudier l'impact clinique des variants.

*Résultats* : Un modèle causal est défini et visualisé à l'aide d'un DAG, sur lequel figurent les variables aléatoires mesurées et d'autres non mesurées. Différentes méthodes, dont un design de cohortes appariées, sont proposées pour fixer les associations non causales. Les biais de sélection potentiels, notamment dans la sélection des patients pour un séquençage du génome complet (WGS) en se basant sur la charge virale ou la sévérité de l'infection, sont mis en évidence. Les limites de l'infrastructure de données actuelle, y compris l'enregistrement non exhaustif des patients hospitalisés pour COVID-19, sont décrites.

*Discussion/Conclusion* : Un cadre bien établi qui fournit une vue complète de la sévérité de la maladie COVID-19 en combinant des informations provenant de différentes sources, permettra d'évaluer l'impact clinique des variants émergents. Le cadre montre la complexité liée à la recherche causale, les données nécessaires correspondantes et il souligne des limitations importantes comme des facteurs de confusion non mesurés ou un biais de sélection, inhérentes à la réorientation des registres de données COVID-19 de routine existants.

*Déclaration de liens d'intérêts* : Les auteurs déclarent ne pas avoir de liens d'intérêts.

<https://doi.org/10.1016/j.respe.2022.06.041>

### 331

#### Revue systématique et méta-analyse des facteurs génétiques de l'hôte associés à la sévérité de la grippe

N. Van Goethem<sup>1,2,\*</sup>, C. Danwang<sup>1</sup>, N. Bossuyt<sup>2</sup>, H. Van Oyen<sup>2</sup>, N. Roosens<sup>2</sup>, A. Robert<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Université catholique de Louvain, Belgique

<sup>2</sup> Sciensano, Belgique

\*Auteur correspondant

E-mail address: [nina.vangoethem@sciensano.be](mailto:nina.vangoethem@sciensano.be)

*Contexte* : La sévérité de l'infection grippale observée entre les patients, qui peut aller de symptômes légers à une insuffisance respiratoire grave, est partiellement déterminée, par des gènes spécifiques du patient, le prédisposant à une grippe sévère. Nous avons voulu résumer l'état actuel des preuves concernant les variants génétiques de l'hôte qui sont susceptibles de jouer un rôle dans la sévérité de la grippe.

*Méthodes* : Les études pertinentes publiées avant le 5 juillet 2021 ont été extraites des bases de données MEDLINE et EMBASE. Seules les études humaines recrutant des personnes présentant une infection grippale confirmée en laboratoire et permettant de comparer des cas sévères à des témoins non sévères ont été prises en compte. Une série de méta-analyses utilisant quatre modèles génétiques différents pour obtenir un odds ratio (OR) commun a été réalisée pour tous les polymorphismes ayant été analysés au moins trois fois. Des analyses stratifiées ont été réalisées, en fonction de l'ethnie et de la classification basée sur la définition de la sévérité.

*Résultats* : La revue systématique de la littérature a identifié 34 études originales d'association génétique humaine qui rapportaient des associations entre différents gènes de l'hôte (n=20) et la sévérité de la grippe, avec différents niveaux de preuve. Un seul OR commun était significatif et concernait le polymorphisme rs12252 : un OR global de 1,52 (IC à 95 % [1,06-2,17]) pour l'allèle rs12252-C par rapport à l'allèle rs12252-T.

*Discussion/Conclusion* : À l'exception du polymorphisme IFITM3 rs12252, aucun autre polymorphisme génétique spécifique n'a pu être identifié comme étant significativement associé à la sévérité de la grippe dans la méta-analyse. Cela plaide en faveur de l'utilisation d'études d'association à l'échelle du génome de grande taille pour intégrer le caractère polygénique et ses interactions avec d'autres facteurs liés à l'hôte, aux agents pathogènes et à l'environnement.

*Déclaration de liens d'intérêts* : Les auteurs déclarent ne pas avoir de liens d'intérêts.

<https://doi.org/10.1016/j.respe.2022.06.042>

### 420

#### Au-delà de la pandémie COVID-19 - Qu'en est-il des services visant l'affection post-COVID ?

R. Zewail<sup>1,2,\*</sup>, C. Gariépy<sup>1,2</sup>, F. Milord<sup>1,2</sup>, Z. Zhang<sup>2</sup>, A. Tiphane<sup>2</sup>, A. Poliquin<sup>2</sup>, D. Diallo<sup>2</sup>, É. Barrette<sup>2</sup>, L. Désormiers<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Direction de santé publique, Centre intégré de santé et de services sociaux de la Montérégie-Centre, Longueuil, Canada

<sup>2</sup> Faculté de médecine et des sciences de la santé, Université de Sherbrooke, Sherbrooke, Canada

\*Auteur correspondant

E-mail address: [reem.zewail.med@ssss.gouv.qc.ca](mailto:reem.zewail.med@ssss.gouv.qc.ca)

*Contexte* : L'affection post-COVID est une entité nouvelle et méconnue. Selon l'Organisation mondiale de la Santé, elle se définit par l'apparition ou la persistance de symptômes s'apparentant à la