



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.

est défini par la présence d'au moins 3 cas dans un service de soins dans un délai de 14 jours. L'objectif de l'étude est de définir le nombre de cas d'infection nosocomiale et de phénomène de cluster hospitalier aux décours de la 2ème et 3ème vague d'infection à SARS cov 2 dans un centre hospitalier Général.

Matériels et méthodes: Etude rétrospective des infections nosocomiales et des clusters intra hospitalier entre avril 2020 et avril 2021. L'infection nosocomiale est définie par la négativité d'une PCR d'entrée et la positivité d'une PCR à plus de 7 jours de l'entrée. Un cluster est défini par au moins trois cas d'infection nosocomiale dans une même unité de lieux et de temps (14 jours). La deuxième vague comprend les cas identifiés entre les mois d'octobre et décembre 2020 et janvier avril 2021 pour la troisième.

Résultats: Quatre mille deux cents cinq PCR positives ont été détectées entre avril 2020 et avril 2021. Le nombre covid nosocomiaux était de 123 des 1654 patients hospitalisés (7.4 %) et ayant un diagnostic virologique d'infection à SARS-cov2. Cent onze (79 %) des cas nosocomiaux étaient liés à des clusters. Durant la deuxième vague, 14 clusters ont été détectés dans 8 services différents (moyenne de 5 patients par épisodes avec au minimum 3 et au maximum 18 patients par cluster). Pendant la troisième vague, 4 clusters ont été identifiés dans 4 services. La durée moyenne de résolution des clusters a été de 14 jours. Les clusters ont été détectés pour 58 cas (47 %) en secteur médecine chirurgie obstétrique et pour 65 (53 %) cas en secteur soins de suite et rééducation.

La moyenne d'âge des cas nosocomiaux était de 83 ans, 85,37 % présentaient au moins une comorbidité et la mortalité a été de 22,76 % contre 19 % pour les cas communautaire ($\chi^2 = 1.03$ NS).

Conclusion: L'acquisition nosocomiale du virus SARS cov 2 a été est un phénomène bien réel entraînant une surmortalité en milieu hospitalier. Ces données patients permettent de justifier les mesures spécifiques comme la vaccination précoce et obligatoire des personnels soignants et des patients à risque, un renforcement des mesures d'hygiène et un contrôle des visites.

Aucun lien d'intérêt

<https://doi.org/10.1016/j.mmifmc.2022.03.114>

COVID-16

Évaluation des performances diagnostiques d'infection à SARS-CoV-2 d'un algorithme utilisant l'analyse de signaux physiologiques à partir d'une montre connectée

A. Bleibtreu¹, A. Laoui², N. Um Din³, K. Hamidouche², V. Klop³, N. Jha², S. Hassantabar², V. Ghanakota², G. Nicola², J. Belmin¹

¹ CHU, Paris, France

² University, Princeton, USA

³ CHU, Ivry, France

Introduction: Le diagnostic de l'infection SARS-CoV-2 est basé sur la détection du virus par rt-PCR. Une application à été élaborée qui permet d'aider au diagnostic de la COVID-19 sans prélèvement biologique en utilisant des signaux physiologiques recueillis par une montre connectée et un bref questionnaire sur smartphone. L'intelligence artificielle par deep learning/réseaux de neurones a été utilisée pour produire un algorithme de classification diagnostique de COVID-19. Cette étude a pour but d'évaluer les performances diagnostiques de l'application dans des conditions du diagnostic clinique chez des malades et des soignants français.

Matériels et méthodes: Etude observationnelle multicentrique portant sur des patients hospitalisés et des soignants chez lesquels un test PCR à la recherche de SARS-CoV-2 doit être réalisé (cas suspect ou contact). L'enregistrement se faisait via une montre jumelée à un smartphone dans un délai de 3 jours du test PCR. Recueil d'information clinique et enregistrement par montre connectée de la

fréquence cardiaque, de l'intervalle RR, la conductance galvanique de la peau. Les flux de données étaient synchronisés et fenêtrés. L'analyse des résultats porte sur les sensibilité, spécificité, taux de faux positifs et de faux négatifs de l'application par rapport à la PCR. Un questionnaire téléphonique à 7 et 15 jours a été réalisé pour connaître l'évolution clinique et les résultats d'éventuelles PCR de contrôle.

Résultats: D'août 2020 à Mars 2021, 363 participants (239 patients et 94 soignants) ont été inclus et 305 enregistrements étaient analysables. Le jour de l'enregistrement 167 participants étaient asymptomatiques (46 %). Le suivi complet des participants à J7 et J14 a été réalisé pour 248 participants, 162 (65.3 %) avait une PCR- et absence de symptôme (P-S-), neuf (3.6 %) des symptômes et PCR neg (P-S+), 62 (25,4 %) un COVID symptomatique PCR+ (P+S+), et 14 (5.6 %) une PCR+ asymptomatique (P+S-). Les données acquises ont été répartie dans différents set d'analyse. Un Training set (52), un Validation set (17) et un Test set (18). Trois modèles de réseaux de neurones ont été entraîné sur les données acquises. Les capacités diagnostiques de l'application ont été évaluées à partir de deux combinaisons de paramètres acquis par la montre. La classification était correcte avec une efficacité (eff) de 99.1 %, un taux de faux positif (FP) de 3 % et pas de faux négatif (FN) pour la première combinaison et eff=97 %, .FP=0, FN=5 % pour la deuxième.

Conclusion: Les performances diagnostiques de l'application s'appuyant sur des réseaux de neurones entraînés en condition diagnostique chez des malades et des soignants français imitent très bien les performances des tests PCR. L'utilisation d'outils connectés capturant des signaux physiologiques associés à des analyse d'intelligence artificielle et de réseaux de neurones pourrait permettre de réduire le recours aux tests biologiques en ciblant les patients les plus suspects d'infection virale active.

Liens d'intérêts déclarés: Neu Tiger en tant qu'investigateur

<https://doi.org/10.1016/j.mmifmc.2022.03.115>

COVID-17

Diagnostic couplé des virus grippaux et du SARS-CoV-2 : évaluation de 2 tests moléculaires

A. Schnuriger¹, M. Perrier², K. Saloum², Y. Michel², K. Traore², T. Vladusic², L. Morand-Joubert¹

¹ Sorbonne Université - APHP Hôpital Trousseau, Paris, France

² APHP Hôpital Trousseau, Paris, France

Introduction: Les tableaux cliniques parfois indiscernables entre infections Covid-19 et grippe, et la réapparition d'une épidémie modérée de grippe en France durant l'hiver 2021-2022, ont confirmé l'intérêt d'une détection couplée. Le laboratoire de virologie de notre CHU assure le diagnostic moléculaire du SARS-CoV-2 et des autres virus respiratoires par différentes techniques, pour analyser un grand nombre de prélèvements sur automate de grande capacité et répondre en parallèle à l'urgence à l'aide de tests unitaires. Nous avons évalué les performances par rapport aux techniques de routine, d'une trousse combinée sur un automate de grande capacité, et une PCR rapide grippe-Covid.

Matériels et méthodes: Des prélèvements initialement trouvés négatifs ou positifs en SARS-CoV-2 ou grippe A ou grippe B par technique Simplexa™ COVID-19 Direct et Simplexa™ Flu A/B & RSV Direct ont été testés selon les recommandations des fabricants avec les trouses Aptima™ SARS-CoV-2/Flu Assay (Panther System, Hologic), et Simplexa™ COVID-19 & FLU A/B Direct (Liaison MDX, Diasorin).

Résultats: Les échantillons négatifs (n=12) ont été retrouvés négatifs par les 2 techniques. Concernant les virus grippaux, les positifs, sélectionnés sur une large gamme de Ct de la PCR initiale (réalisée en 2019 et début 2020), ont tous été retrouvés positifs par

les 2 techniques évaluées (n=12 gripes A et 12 gripes B). Avec le test Aptima, une bonne corrélation a été observée entre le Ct de la PCR initiale et le T time de la détection en TMA. En PCR combo Simplexa, les Ct se sont révélés plus précoces que ceux de la PCR initiale, avec une différence moyenne de -6,63 (min -7,6 ; max -5,2) pour la grippe A et -10,49 (min -17,9 ; max -6,9) pour la grippe B. Cependant la PCR initiale était de 1^{ère} génération et un retest avec le kit Simplexa Flu A/B & RSV Direct Gen II utilisé depuis fin 2020 (n=4 gripes A et 3 gripes B) a minimisé cet écart moyen à -1,60 Ct pour les 2 virus grippaux. Concernant le SARS-CoV-2, sur une large gamme de Ct de la PCR initiale, 14 positifs / 15 ont été retrouvés par le test Aptima et 12/15 par le test Simplexa, une des discordances portant sur le même échantillon. Pour le test Aptima, une bonne corrélation a été observée entre le Ct de PCR initiale et le T time de TMA (confirmé au cours de l'utilisation ultérieure en routine), et l'échantillon non retrouvé était initialement très faiblement positif. Pour le test Simplexa, les Ct en PCR combo se sont révélés plus précoces (différence moyenne -0,75 ; min -4,85 ; max +3,5), et les 3 échantillons non retrouvés étaient initialement très faiblement positifs (2/3 non retrouvés au retest par technique initiale).

Conclusion: Les 2 trousse combinées Grippe-Covid19 ont présenté des performances satisfaisantes et une sensibilité égale ou supérieure à la technique comparative. Le test Aptima est compatible avec une utilisation à haut débit, avec un rendu de résultat en 2h30 ; le test Simplexa est un test d'urgence avec un rendu en 80 minutes pour 1 à 8 échantillons. Les 2 trousse donnent une estimation semi-quantitative du niveau de génome viral, utile pour le suivi longitudinal des infections virales.

Aucun lien d'intérêt

<https://doi.org/10.1016/j.mmifmc.2022.03.116>

COVID-18

Analyse spatio-temporelle de la détection du virus SARS-CoV-2 dans l'air d'une unité de dialyse rénale accueillant lors de sessions successives des patients non infectés et infectés par le SARS-CoV-2

G. Mellon, N. Mahjoub, F. Métivier, F. Seghaier, N. Osinski, D. Constance, J. Le Goff
CHU Saint Louis, Paris, France

Introduction: De précédentes recherches ont montré que l'air des chambres de patients présentant une infection par le SARS-CoV-2 pourrait représenter un risque de transmission associée aux soins. Les données sur la présence de ces aérosols en dehors des chambres des patients sont limitées. Notre investigation s'est intéressée à la recherche d'aérosols contenant du virus SARS-CoV-2 au sein de l'unité de dialyse de notre établissement.

Matériels et méthodes: Du 24 janvier 2022 au 02 février 2022, trois échantillonneurs AerosolSense (ThermoFisher Scientific) ont été installés au sein de l'unité de dialyse accueillant, dans un large espace commun, 11 patients simultanément. La période d'enregistrement s'est déroulée pendant 6 périodes de 24 heures continues, chacune étant divisée en trois sessions ; la première le matin accueillant des patients SARS-CoV-2 négatifs (C-), la deuxième l'après-midi accueillant des patients SARS-CoV-2 positifs (C+), la troisième sur la nuit sans patients après le bio-nettoyage (N). Chaque période d'enregistrement a duré au minimum quatre heures. Des écouvillonnages nasopharyngés ou des prélèvements de liquide salivaire des patients ont été également effectués. La détection du génome de SARS-CoV-2 a été réalisée par RT-PCR (exprimé en cycle seuil Ct) sur les échantillons d'air extraits et des patients. Tous les professionnels de santé et tous les patients portaient un masque chirurgical. A la fin de chaque session, les fenêtres de l'unité de dialyse étaient ouvertes pendant une heure.

Résultats: Au cours de cette investigation, 54 mesures d'air ont été réalisées. Seize étaient positives avec une valeur moyenne de Ct de 37,9 (min-max : 35,0 – 43,7). Quarante-vingts patients étaient présents au cours de l'investigation dont 17 (21 %) ont été testés positifs, avec un Ct moyen de 27,5 (min-max : 17,3 – 35,8). Le statut positif a été révélé lors d'une séance C- chez deux patients. Le taux de détection SARS-CoV-2 dans l'air des sessions C- (sans patients identifiés positifs), des sessions C+ et des sessions de nuit était respectivement de 21 %, 52 % et 12 %. Les valeurs moyennes de Ct des échantillons d'air positifs des sessions C-, C+, et nuit étaient respectivement de 40,1, 32,1 et 39,4. Le taux global de positivité de chacun des trois systèmes était différent et corrélé positivement avec la distance entre les systèmes et les fenêtres : 7 %, 22 % et 56 %.

Conclusion: Cette investigation originale menée dans un espace de soins ouvert, accueillant de nombreux patients et professionnels de santé portant un masque chirurgical au cours d'une journée a permis de mettre en évidence la présence d'ARN SARS-CoV-2 dans l'air en faible quantité avec une fréquence et un niveau de détection plus élevés lors de sessions avec des patients infectés par le SARS-CoV-2. L'aération par les fenêtres réduit le niveau de contamination de l'air par l'ARN SARS-CoV-2.

Aucun lien d'intérêt

<https://doi.org/10.1016/j.mmifmc.2022.03.117>

COVID-19

La place du dosage de l'interleukine 6 chez les patients hospitalisés dans une unité COVID (en dehors du milieu de la réanimation)

A. Babay¹, R. Abid¹, S. Hannachi¹, A. Messadi², F. Ajili², R. Battikh¹
¹ Service des Maladies Infectieuses – Hôpital Militaire Principal d'Instruction de Tunis, Montfleury, Tunisie
² Unité de recherche d'immunologie et des maladies auto-immunes UR17DN02, Montfleury, Tunisie

Introduction: Le développement d'une forme grave de COVID-19 pourrait être causé par la survenue d'un syndrome de libération de cytokines pro-inflammatoires. L'interleukine 6 (IL-6) est une cytokine qui joue un rôle clé dans la mobilisation et la coordination de la réponse immunitaire pour contenir l'infection par le SARS-CoV-2. L'objectif de notre étude est d'évaluer les niveaux d'IL-6 chez les patients atteints de COVID-19 admis en dehors du milieu de réanimation et leur corrélation avec la forme clinique.

Matériels et méthodes: Il s'agit d'une étude rétrospective descriptive analytique menée à l'unité COVID-19 durant 12 mois [2020-2021]. Tous les patients ayant eu un dosage de l'IL-6 à l'admission.

Résultats: Ils s'agissaient de 81 patients, 53 hommes et 28 femmes (sex-ratio H/F=1,9), âgés en moyenne de 58,4 ans [20-93 ans]. Le délai moyen d'hospitalisation était de 8 jours [2-21 jours]. La forme clinique à l'admission était sévère dans 91 % et modérée dans 9 % des cas. La symptomatologie était dominée par l'asthénie (79 %), la toux (74,1 %), la dyspnée (63 %), l'arthromyalgie (59,3 %) et la fièvre (58 %). Au moins une comorbidité était présente chez 88 % des patients. Les plus fréquentes étaient l'hypertension artérielle (40 %), le diabète (30,9 %), les pathologies cardio-vasculaires (13,6 %) et les maladies respiratoires chroniques (7,5 %). Une TDM thoracique réalisée chez 80 patients avait objectivé des lésions évocatrices avec une étendue entre 50 et 75 % (34,6 %), 25 et 50 % (28,4 %) et 10 et 25 % (18,5 %). La valeur moyenne des globules blancs est de 7122 ± 3564 éléments/mm³, celle de CRP de $104,6 \pm 59,6$ mg/l, de la ferritinémie de 412 pg/l [188 -643pg/L] et des D-dimères de 743 µg/l (481 – 1729µg/l). Le taux de l'IL6 était augmenté chez tous les patients avec une