



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.

COVID-13

Impact du confinement sur les comportements impliqués dans la transmission infectieuse durant la pandémie de COVID-19 en France

R. Millot¹, L. Opatowski², P. Beutels³, N. Hens⁴, B. Dervaux⁵, G. Beraud¹

¹ CHU de Poitiers, Poitiers, France

² Institut Pasteur, Paris, France

³ Université d'Anvers, Anvers, Belgique

⁴ Université d'Hasselt, Hasselt, Belgique

⁵ Université de Lille, Lille, France

Introduction: Les confinements sont a priori des outils efficaces pour contenir la propagation d'une épidémie, mais il n'y a pas eu d'évaluation à grande échelle en situation réelle jusqu'à présent.

A l'occasion de la pandémie de COVID-19 en France, une étude sur les contacts sociaux a permis d'évaluer l'impact du confinement sur les schémas de contact, les comportements et son effet sur l'épidémie.

Matériels et méthodes: Un sondage en population a été mené sur un échantillon représentatif de la population française durant chacun des trois confinements. Les participants devaient décrire leurs contacts et leurs comportements sur 2 jours consécutifs (un jour de semaine et un jour de week-end).

Résultats: Pendant le 1^{er}, le 2^{ème} et le 3^{ème} confinement, 1087, 1112, et 1019 participants ont respectivement rapporté 2489, 2485 et 3235 contacts.

Les participants étaient des femmes pour 51,8 % (563), 51,8 % (576) et 51,3 % (523), avec un âge médian [min-max] de 43 ans, et une taille de foyer de 3 [1-8], 2 [1-10], 2 [1-10].

Mille cinquante-huit (97,3 %), 90,9 % (1011) et 90,5 % (922) ont cessé de faire la bise ou serrer la main hors de leur foyer. Trois cent trente-trois (30,6 %), 81,9 % (911) et 83,9 % (855) ont porté systématiquement un masque contre 17,6 % (191), 9,3 % (103) et 8,2 % (84) occasionnellement.

Respectivement 0,9 % (10), 5,9 % (66) et 6,0 % (61) des participants avaient fait un COVID confirmé par une PCR SARS-CoV2 positive.

Le nombre médian (min-max) de contact en semaine et en week-end était 1,0 [0,0-12,0] et 0,0 [0,0-10,0], de 0,0 [0,0-24,0] et 0,0 [0,0-14,0] et de 3,0 [2,0-43,0] et 2,0 [2,0-47,0]

Le nombre de contact a été influencé par de nombreux facteurs dont l'âge, la taille du foyer, et les modalités d'exercice professionnel. Le télétravail a augmenté à 26,7 % (229/858), 22,6 % (104/460) et 22,9 % (98/428) contre 13 % (59/453) avant confinement. L'alternance (télétravail et travail hors du domicile) s'est aussi développée à 15,4 % (71/460) au 2^{ème} confinement et 22,9 % (98/428) au 3^{ème}.

Parmi les personnes interrogées, 19 % (207), 24,2 % (269) et 23,9 % (243) n'ont pas passé le confinement sur leur lieu de vie habituel.

En moyenne, un sujet sortait pour réaliser des achats de première nécessité 1,4, 2,2 et 2,3 fois par semaine, pour faire de l'activité physique 2,4, 2,5 et 2,8 fois par semaine, pour raison médicale 0,2, 0,5 et 0,5 fois par semaine et pour raison professionnelle 1,0, 1,9 et 1,9 fois par semaine.

L'impact des mesures sanitaires a été important sur le mode de transport des participants qui étaient 4,3 % (47), 14,2 % (158) et 15,1 % (154) à prendre les transports en commun pendant la semaine contre 27,2 % (296/1087) avant le 1^{er} confinement.

Ces comportements étaient proportionnels à la rigueur décroissante des confinements selon l'index d'astringence qui était de 88,0, 78,7 et 68,5.

Conclusion: Les schémas de contacts et les comportements ont été profondément impactés lors des confinements, et proportionnellement à la rigueur des confinements.

Le nombre de contacts était fortement réduit dans notre étude, par rapport au niveau pré-pandémie (Beraud et al, Plos One 2015).
Aucun lien d'intérêt

<https://doi.org/10.1016/j.mmifmc.2022.03.112>

COVID-14

Infections associées aux soins (IAS) chez les patients hospitalisés pour SDRA à COVID-19 : épidémiologie et profil bactériologique

Z. Hamouda, Y. Kadri, N. Ben Salem, S. Jerbi, S. Mhalla, A. Toumi, M. Mastouri
CHU Fattouma Bourguiba, Monastir, Tunisie

Introduction: Les infections associées aux soins (IAS) sont associées à une augmentation de la morbi-mortalité chez les patients hospitalisés en réanimation. L'objectif de la présente étude est de déterminer l'incidence des IAS et de décrire leurs profils bactériologiques dans le contexte particulier de la pandémie COVID-19.

Matériels et méthodes: Il s'agit d'une étude rétrospective réalisée entre le 1^{er} septembre 2020 et le 30 septembre 2021 au service de réanimation polyvalente colligeant les observations des patients admis pour SDRA à COVID-19 dont le séjour était compliqué d'infection liée aux soins. Ont été analysées les caractéristiques démographiques, cliniques et évolutives ainsi que les résultats des prélèvements microbiologiques effectués chez ces malades.

Résultats: quatre cent quarante patients ont été admis dans le service, 79 patients ont développé une infection nosocomiale (18 %). Il s'agissait de 45 hommes ayant un âge moyen de 65 ans. Le site d'infection le plus fréquent était le site pulmonaire (52 %) suivi par l'infection hémato-vasculaire (9 %) et urinaire (2 %). Les germes isolés sont dominés par *Acinetobacter baumannii* résistant à l'imipénème (ABRI) (24 %) suivi par *Pseudomonas aeruginosa* résistant à l'imipénème (PARI) (3,8 %) et *Klebsiella pneumoniae* productrice de bêta-lactamase à spectre élargi (3 %). A noter que, 17 % des IAS étaient une infection polymicrobienne et dans 30 % des cas le germe n'a pas été identifié. La durée médiane de séjour était de 15 jours avec un délai médian de 5 jours pour la survenue d'une IAS. L'antibiothérapie curative était empirique dans 62 % des cas, basée sur l'association tigécycline/colimycine (63 %). La complication la plus fréquente était le choc septique dans 81 % associée à une défaillance multi-viscérale dans 71 % des cas. Le taux de mortalité était de 84,8 %.

Conclusion: Dans cette étude, l'incidence des IAS était importante avec un impact substantiel sur le devenir des patients avec une mortalité élevée en cas d'infection par des bactéries multirésistantes.

Aucun lien d'intérêt

<https://doi.org/10.1016/j.mmifmc.2022.03.113>

COVID-15

Infection nosocomiale et clusters intra hospitalier d'infection à SARS cov 2 dans un centre hospitalier Général : Bilan d'une année de pandémie

C. Noël, S. Sayegh, A. Pitsch, A. Depontfarcy, M. Rouyer, M. Matta, S. Diamantis
GHSIF 270 avenue Marc Jacquet, Melun, France

Introduction: La mise à disposition large des tests PCR SARS cov2 et la stratégie de dépistage systématique autour d'un cas a permis de mettre en évidence la survenue de transmissions croisées entraînant des infections nosocomiales au sein des services de soins. Un cluster

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 (14jours). 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