

# Analyse des cas nosocomiaux de COVID-19 et apport du *whole-genome sequencing* dans l'investigation des clusters

---

**J Couturier<sup>1</sup>, B Granger<sup>2</sup>, A Jary<sup>3,4</sup>, V Leducq<sup>3,4</sup>, S Jolivet<sup>1</sup>, J Robert<sup>5</sup>, M Denis<sup>6</sup>, B Salauze<sup>7</sup>, V Goldstein<sup>5</sup>, AG Marcelin<sup>3,4</sup>, F Barbut<sup>1</sup> et les EOH du GH Sorbonne Université, AP-HP, Paris**

<sup>1</sup> Unité de Prévention du Risque Infectieux, hôpital Saint-Antoine, GH Sorbonne Université, AP-HP, Paris;

<sup>2</sup> Département de Santé Publique, hôpital Pitié-Salpêtrière, GH Sorbonne Université, AP-HP, Paris;

<sup>3</sup> Service de Virologie, hôpital Pitié-Salpêtrière, GH Sorbonne Université, AP-HP, Paris;

<sup>4</sup> Institut Pierre Louis d'Epidémiologie et de Santé Publique (iPLESP), Inserm UMR\_S 1136;

<sup>5</sup> Equipe Opérationnelle d'Hygiène, hôpital Pitié-Salpêtrière, GH Sorbonne Université, AP-HP, Paris; <sup>6</sup> Equipe Opérationnelle d'Hygiène, hôpital Tenon, GH Sorbonne Université, AP-HP, Paris;

<sup>7</sup> Equipe Opérationnelle d'Hygiène, hôpitaux Trousseau et Rothschild, GH Sorbonne Université, AP-HP, Paris, hôpital de La Roche-Guyon, GH Sorbonne Université, AP-HP

- Je n'ai pas de conflit d'intérêt

# Matériels et méthodes

---

- Analyse rétrospective de tous les cas nosocomiaux de COVID-19 entre le **01/09/20** et **30/11/20**.
- Nosocomial possible si début des symptômes ou PCR+ (cas asymptomatique) entre J3 et J14, nosocomial certain si > J14
- Définition d'un **cluster** :  $\geq 2$  cas (2 patients ou 1 soignant + 1 patient) en < 14j avec possible lien épidémiologique.
- Sélection de **12 clusters représentatifs** pour analyse par WGS : construction d'un arbre phylogénétique par « maximum de vraisemblance ».
- Exclusion du cluster si > 2 *single nucleotide polymorphisms* (SNP) de différence

# Résultats : données épidémiologiques

## Données épidémiologiques

- n=209 cas dont 71 (34%) possibles et 138 (66%) certains
- Age médian : 79,6 ans [63,5 – 87,4]
- Sex ratio H/F : 0,83
- Délai médian du diagnostic : 23 j. [21-28]
- 127 cas (61 %) symptomatiques
- **14%** des cas de COVID-19 hospitalisés sont nosocomiaux
- **Probabilité de décès à J30 : 21,1%** [15,3-26,4]
- 84 % des décès attribuables au COVID-19
- **Evolution de l'incidence** des cas nosocomiaux **parallèle** à celle des cas chez les soignants et en milieu communautaire (Figure 1)
- 178 cas compris dans 31 clusters (85%)

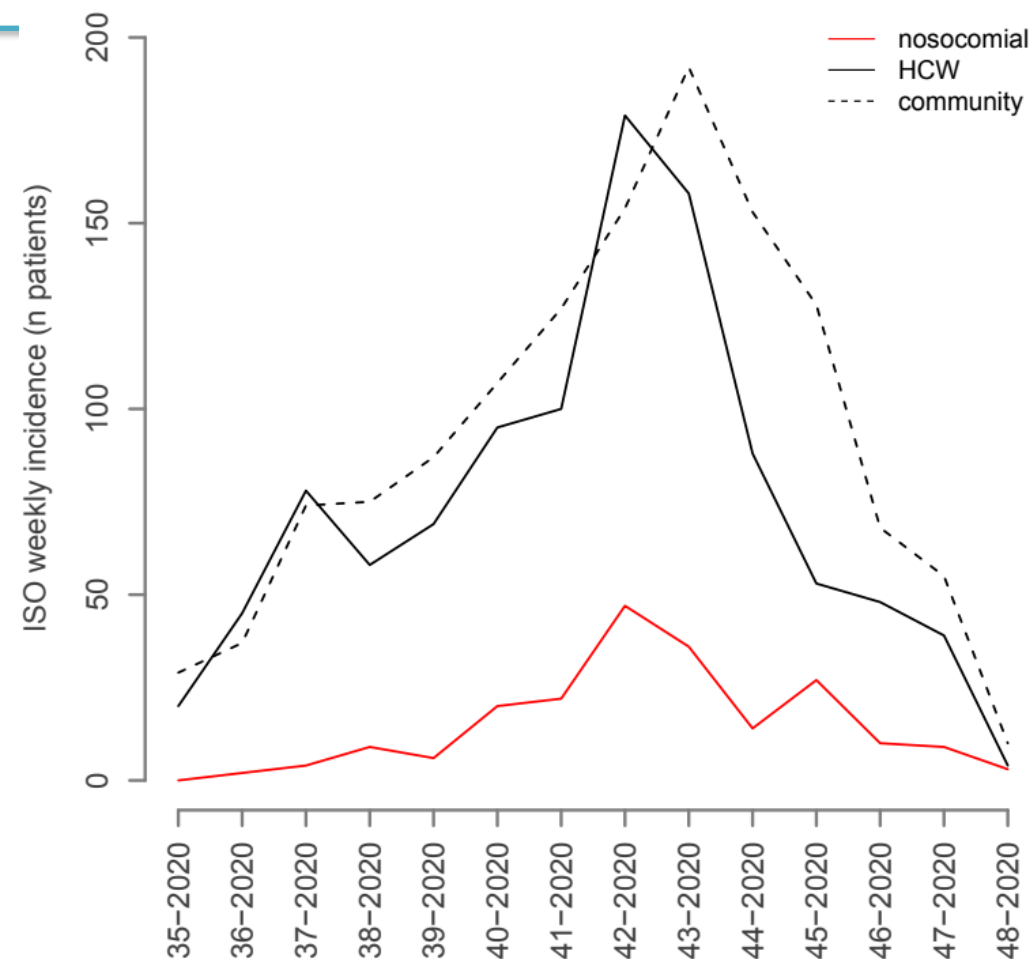


Figure 1 : évolution du nombre hebdomadaire de cas nosocomiaux (rouge), parmi les soignants (noir) et communautaires (pointillés)

# Résultats : analyse phylogénétique

## Analyse phylogénétique

- **12 clusters** comprenant 80 patients et 80 soignants (Figure 2)
- 113/160 souches virales séquencées
- 76 **confirmations d'appartenance** au cluster épidémiologique (67% des souches séquencées)
- 37 **exclusions** du cluster épidémiologique (33% des souches séquencées)
- 3 **inclusions** dans un autre cluster que celui identifié sur la base de l'enquête épidémiologique

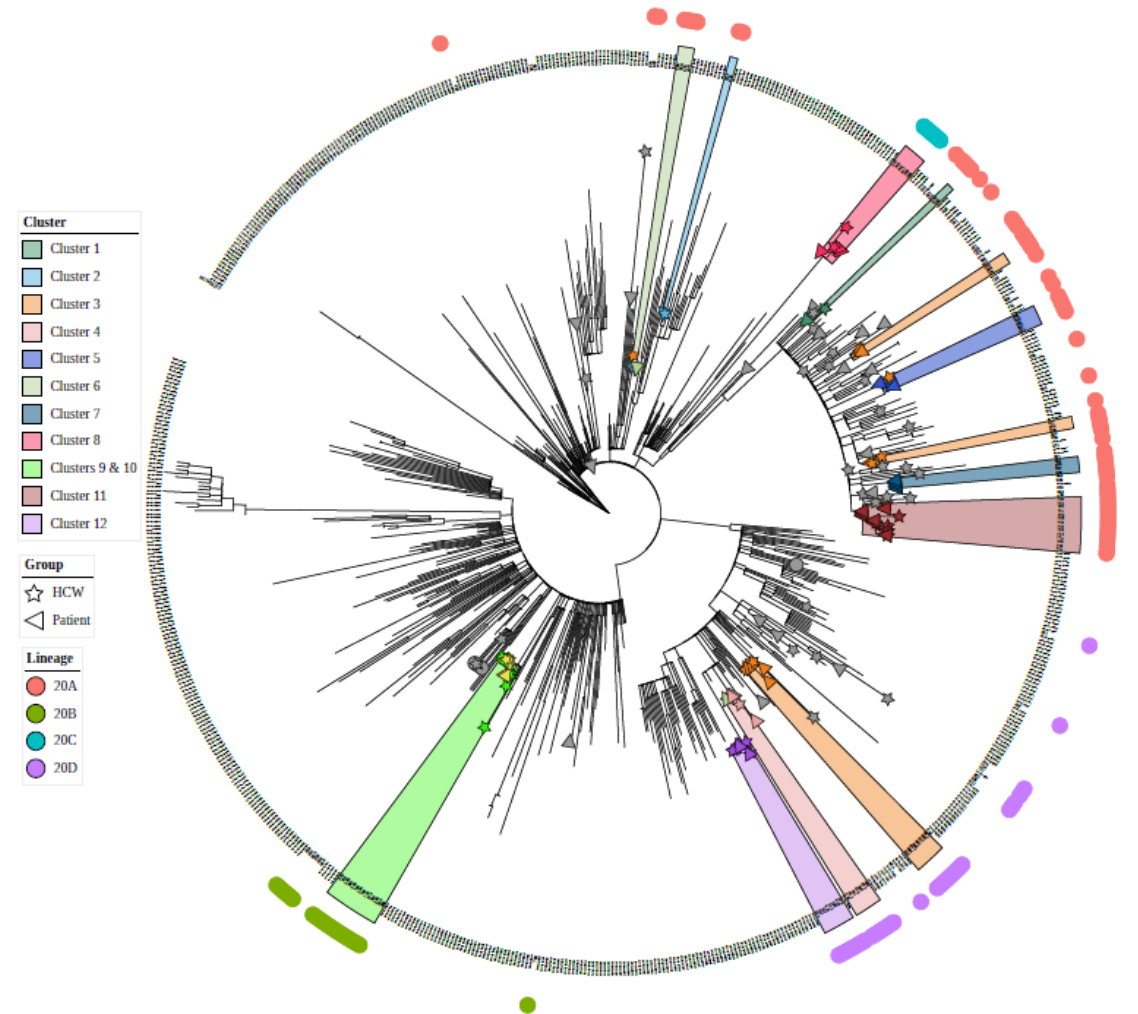


Figure 2 : arbre phylogénétique regroupant les 113 souches virales séquencées.