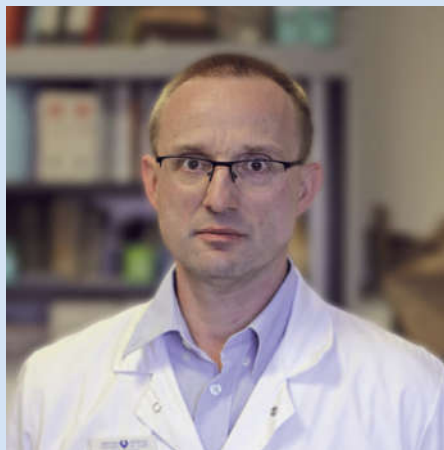


# Bulletin

NUMÉRO 143



© DR



© DR

**Sara Romano-Bertrand**  
CHU Montpellier

**Jean-Winoc Decousser**  
AP-HP

## Progrès technologiques et prévention des infections associées aux soins: le meilleur reste à venir?

Historiquement, la survenue de crise ou conflit majeurs a souvent accéléré les progrès technologiques avec, par exemple, le développement de l'aviation ou de la technologie nucléaire au cours des dernières guerres mondiales. Ces progrès technologiques réactionnaires à visée initiale belliqueuse ont toutefois été secondairement bénéfiques pour la société en permettant le développement de l'aviation civile ou en améliorant l'accès à l'énergie électrique. La guerre que nous venons de mener contre le Covid n'échappe pas à ce constat: dans l'urgence, nos laboratoires de microbiologie se sont équipés de plateformes diagnostiques automatisées afin d'identifier par amplification moléculaire et caractériser par séquençage le SARS-CoV-2. Les projets et demandes de financement de telles plateformes, bloqués jusqu'alors, ont finalement été approuvés, parfois au-delà des espoirs. Comme l'ensemble des structures de soins, les laboratoires ont tenu et rendu les services que la situation exigeait: mise à disposition des acteurs de la santé de tests diagnostiques en quantité presque illimitée sur des automates à haut débit ou délocalisés au plus près des besoins pour un rendu en un temps record,

montée en charge des capacités de séquençages sur des plateformes quasi industrielles pour un suivi épidémiologique des souches circulantes de SARS-CoV-2 et l'identification de nouveaux variants émergents... Mais ces plateformes ne sont pas spécifiques au SARS-CoV-2 et peuvent être aujourd'hui utilisées pour tous les micro-organismes (virus, bactéries, champignons...).

La pandémie semble aujourd'hui maîtrisée, mais les capacités d'analyse moléculaire sont pour la plupart toujours disponibles dans les laboratoires, offrant désormais à l'exercice quotidien des spécialistes de la prévention du risque infectieux un accès à ces nouveaux outils et aux nouvelles données ainsi générées. Pour que cela constitue un véritable progrès pour nos activités et la prise en charge des patients, il nous faut désormais les apprivoiser et leur trouver une place dans notre pratique quotidienne. Que faire de ces résultats de PCR multiplexes syndromiques, recherchant virus, bactéries, champignons et parasites potentiellement responsables d'infections respiratoires ou de diarrhées associées aux soins? Même si l'abondance ne nuit pas, passer d'une coproculture le plus souvent négative à l'identification de plusieurs pathovars

**CONSEIL D'ADMINISTRATION:** L.-S. AHO-GLÉLÉ – M.-C. ARBOGAST – R. BARON – H. BLANCHARD – S. BOUDJEMA – E. BOUDOT – Y. CARRÉ – P. CASSIER – P. CHAIZE  
C. DANANCHE – R. DUTRECH – S. FOURNIER – O. KEITA-PERSE – T. LAVIGNE – D. LEPELLETIER – V. MERLE – P. PARNEIX – J. RACAUD – B. RICHAUD-MOREL – A.-M. ROGUES  
S. ROMANO-BERTRAND – L. SIMON – C. TAMAMES – V. WALOCHA  
**BUREAU:** **PRÉSIDENT:** P. PARNEIX • **VICE-PRÉSIDENTES:** P. CHAIZE (NON MÉDICAL) – A.-M. ROGUES (MÉDICAL) • **SECRÉTAIRES:** M.-C. ARBOGAST – E. BOUDOT (ADJOINTE)  
**TÉSORIERS:** R. BARON – O. KEITA-PERSE (ADJOINTE) • **PRÉSIDENT DU COMITÉ SCIENTIFIQUE:** T. LAVIGNE

bactériens dont l'impact clinique est discuté changera-t-il nos pratiques? Probablement pas, l'isolement entérique ayant disparu, nous continuerons à recommander l'application des précautions standard. Face à de nouveaux pathogènes qu'ils n'ont pas l'habitude d'identifier, nos collègues microbiologistes multiplient les techniques pour confirmer les premiers résultats avec, parfois pour conséquences, des données discordantes encore plus compliquées à traduire en prise en charge clinique. De plus, à multiplier les cibles recherchées, les risques d'erreur analytique augmentent : comment gérer cette PCR OXA-48 positive isolément au sein d'un panel respiratoire pratiqué chez un patient de réanimation et chez qui aucune trace de bactéries productrices de carbapénémase n'a finalement jamais été retrouvée? Et même quand le micro-organisme est bien présent, comment interpréter un résultat en termes de précautions complémentaires, notamment concernant l'attribution de chambre individuelle, pour ces rhinovirus, coronavirus autres que le SARS-CoV-2, ou encore metapneumovirus dont nous ignorions jusqu'à présent la présence?

Il en va de même pour l'accès généralisé au séquençage. Que faisons-nous dans notre pratique quotidienne de cette abondance de séquences de génomes viraux? Pour l'instant pas grand-chose, la faute au goulot d'étranglement que constituent les analyses bio-informatiques. Pourtant pour peu que l'on puisse s'y intéresser, des informations très pertinentes peuvent s'y trouver : un mélange d'épidémies intra-hospitalières et d'importations de cas communautaires, des voies de transmission pourtant évidentes remises en cause, d'autres improbables mises en évidence... Ces outils de séquençage et cette facilité à séquencer nous ouvrent théoriquement les portes de la comparaison de souches bactériennes et virales dans un temps potentiellement compatible avec la prise de décision sur le terrain. Certains appliquent déjà l'approche *sequence first*, en séquençant et comparant les génomes bactériens tout-venant sans a priori pour identifier des liens de parenté parfois insoupçonnés et ainsi de nouvelles chaînes de transmission. Nous pouvons aussi évaluer le métagénome, c'est-à-dire l'ensemble des séquences génomiques présentes dans le microbiote digestif ou cutané chez un patient par exemple, ou encore dans un échantillon environnemental de surface, d'air, ou dans des effluents...

La crise Covid nous a fait également avancer sur le partage des informations et l'utilisation des très nombreuses données issues des différents organismes et acteurs de la santé. La gestion de ces « métadonnées » au moyen de logiciels voire d'intelligence artificielle constitue une opportunité pour les hygiénistes. Nous pouvons enfin espérer exploiter toutes les données générées par les établissements de santé et les organismes payeurs pour nos besoins quotidiens de surveillance et de ges-

tion des alertes. Des premières études montrent que les approches combinant le séquençage systématique et l'intelligence artificielle font mieux que le travail épidémiologique habituel de l'hygiéniste, tout en étant parfaitement rentables, ce qui offre une belle perspective pour notre activité future<sup>1</sup>.

Pour pouvoir faire face et profiter pleinement de ce coup d'accélérateur du progrès scientifique, l'hygiéniste va devoir lui aussi évoluer dans sa pratique et ses compétences, pour apprivoiser ces techniques et leurs résultats. Il en va par la connaissance de leur principe méthodologique, leurs avantages et surtout leurs limites et pièges. Il devra apprendre à les interpréter au quotidien au contact des microbiologistes et parfois des bio-informaticiens de plus en présents dans nos hôpitaux, également en lien avec ses collègues infectiologues inscrits dans cette même démarche.

La SF2H est aussi dans cet état d'esprit, en incluant les nouveaux pathogènes identifiés dans ses recommandations, ou en resserrant ses collaborations avec les autres sociétés savantes de microbiologie pour élaborer un guide technique sur l'utilisation des données de comparaison des génomes pour la pratique quotidienne des spécialistes de la prévention du risque infectieux que nous sommes tous. Notre société savante nous accompagnera dans ce tournant technologique, à la fois grisant mais également parfois déstabilisant.

Ces progrès techniques sont des opportunités fantastiques pour notre exercice du quotidien.

Mais ce ne sont que des outils, qui doivent être utilisés en toute connaissance de cause dans des approches pragmatiques « collées » à la pratique de terrain. Les améliorations techniques n'ont jamais remplacé la rigueur dans les soins, l'expertise et l'expérience dans la gestion des situations de crise. Le leurre du progrès technologique qui réglera tous les problèmes est bien connu des équipes opérationnelles d'hygiène. Qui d'autres que les hygiénistes peuvent porter ces messages à la communauté des soignants?

Bien préparés à ces nouvelles technologiques, les hygiénistes n'en seront que plus que jamais indispensables à leur bonne utilisation. Le meilleur reste donc à venir. ■

1- Sundermann AJ, Chen J, Kumar P, Ayres AM, Cho ST, Ezeonwuka C, Griffith MP, Miller JK, Mustapha MM, Pasculle AW, Saul MI, Shutt KA, Srinivasa V, Waggle K, Snyder DJ, Cooper VS, Van Tyne D, Snyder GM, Marsh JW, Dubrawski A, Roberts MS, Harrison LH. Whole-Genome Sequencing Surveillance and Machine Learning of the Electronic Health Record for Enhanced Healthcare Outbreak Detection. Clin Infect Dis. 2022 Aug 31;75(3):476-482.