

COVID-19

# Revue scientifique hebdomadaire

6 - 12 JUIN 2020

Cette revue scientifique hebdomadaire présente un aperçu des données scientifiques nouvellement disponibles sur la COVID-19 au cours de la période en question. Il s'agit d'un examen des sujets et articles importants en la matière, et non d'un guide pour la mise en place d'une politique ou d'un programme particulier. Les résultats présentés sont sujets à modification au fur et à mesure que de nouvelles informations voient le jour. Tout commentaire et retour sont appréciés : [covid19-eiu@vitalstrategies.org](mailto:covid19-eiu@vitalstrategies.org).

## THÈMES APPROFONDIS

### **Vaccin ROR et COVID-19**

**Message principal :** la COVID-19 touche et tue un nombre bien plus important d'adultes âgés que d'adultes plus jeunes et d'enfants. Certains experts ont suggéré que les vaccins administrés pendant l'enfance pourraient ici jouer un rôle. Une prévalence moins importante qu'attendue des formes graves et fatales de COVID-19 est observée dans les régions où des campagnes de vaccination contre la rougeole, les oreillons et la rubéole (ROR) ont eu lieu. Bien qu'il y ait un fondement biologique plausible au degré de protection conférée contre la COVID-19 par certains vaccins comme le vaccin ROR, aucune donnée disponible à ce jour ne permet d'étayer l'utilisation du vaccin ROR en tant qu'outil pharmaceutique à même de prévenir ou de traiter la COVID-19.

Le risque associé à la COVID-19 augmente avec l'âge. Les études réalisées dans différents pays rapportent un âge pivot aux alentours de 50 ans. Passé cet âge, plus les personnes sont âgées, plus le risque de formes graves et fatales de la maladie augmente de façon progressive et accélérée. Les personnes âgées sont plus à risque de décéder de la COVID-19 pour diverses raisons, comme par exemple la présence d'autres maladies chroniques et les changements immunitaires liés à l'âge. Par ailleurs, chaque nouvelle génération d'enfants est exposée à des vaccins différents puisque les programmes de vaccination adoptent de nouveaux antigènes au fil des décennies. Ces progrès ont permis de sauver des millions de vies, et dans certains cas plus que ce qui aurait été attendu sur la seule base des maladies ciblées par les

vaccins en question. Selon certaines études expérimentales et observationnelles, les vaccins vivants atténués contre la variole, la tuberculose, la poliomyélite et la rougeole semblent être associés à des [effets bénéfiques non-spécifiques \(c.-à-d., à des bénéfices en termes de santé, dont une diminution de la mortalité supérieure à celle attendue par la seule utilisation de mesures de contrôle de la maladie en question\)](#). Certains [experts ont suggéré que l'exposition à certains vaccins vivants particuliers](#) pouvait affecter la sensibilité à de nombreuses infections, dont la COVID-19, pendant l'enfance mais aussi des années plus tard. Ces experts suggèrent également que les doses de rappel de ces vaccins pourraient protéger les adultes contre la COVID-19 ou contre une forme grave de la maladie en cas d'infection.

Le vaccin vivant atténué ROR a été commercialisé en 1971. La plupart des personnes aujourd'hui âgées de moins de 50 ans ont reçu une dose de ce vaccin, et celles âgées de moins de 40 ans en ont au minimum reçu deux. Outre d'éventuels effets non-spécifiques, certains virus peuvent avoir des structures en commun qui pourraient servir de cibles pour la réponse immunitaire. Les auteurs de certaines études biologiques non publiées ont décrit [des séquences similaires d'acides aminés dans les virus responsables de la rougeole, des oreillons, de la rubéole et de la COVID-19](#). Ils ont notamment identifié une séquence clé du SARS-CoV-2, le coronavirus à l'origine de la COVID-19, qui partage 29 % de similarités avec le virus de la rubéole et qui est aussi présente dans la composante virale atténuée de la rubéole du vaccin ROR. Nous ne savons toutefois pas encore si ces similarités sont à même de créer une réponse vaccinale et si cette réponse serait protectrice contre la COVID-19 et la rubéole.

[Dans un article non évalué par des pairs en prépublication](#), les auteurs ont comparé les taux de mortalité de la COVID-19 aux taux historiques de couverture vaccinale par le ROR dans cinq pays (Italie, Royaume-Uni, France, États-Unis, Allemagne). Ils ont ainsi observé une mortalité plus élevée dans les pays où la couverture vaccinale était plus faible. Les auteurs ont également observé que plusieurs pays ayant récemment mené des campagnes de vaccination ROR supplémentaires avaient enregistré peu de cas de COVID-19 et peu de décès. Bien que ces résultats suggèrent un lien possible, ces associations pourraient être de pures coïncidences ou pourraient être liées à un autre facteur non évalué. Ces observations sur le vaccin ROR et la COVID-19 doivent être confirmées ou soumises à l'évaluation des pairs. Dans une revue précédente, nous avons rapporté une [association similaire entre le taux de mortalité de la COVID-19 et le vaccin antituberculeux par le BCG](#). Nous avons conclu que de telles études observationnelles ne permettaient pas de fournir les données probantes d'impact qui peuvent être obtenues avec des essais cliniques expérimentaux. [Plusieurs études animales](#) et au moins [un essai clinique](#) sont en cours afin d'évaluer si le vaccin ROR est à même de conférer une protection contre l'infection par le SARS-CoV-2 ou contre les formes les plus graves de la maladie. Il n'y a pour l'heure aucune donnée permettant d'étayer l'administration de doses supplémentaires du vaccin ROR dans le cadre de la prévention ou du traitement de la COVID-19. Il convient toutefois d'œuvrer à l'amélioration continue des programmes de vaccination ROR à l'échelle internationale. Malgré l'existence d'un vaccin hautement efficace, la rougeole continue de tuer 100 000 enfants chaque année dans les communautés qui ne bénéficient pas des programmes de vaccination.

## **Groupes sanguins ABO et COVID-19**

**Message principal :** les scientifiques ont mis en évidence un lien entre le groupe sanguin et le risque d'infection par le SARS-CoV-2 et de formes graves de la maladie. Les personnes de groupe sanguin O semblent être moins susceptibles de contracter l'infection et une forme grave de la maladie, alors que les personnes de groupe sanguin A semblent être plus à risque de formes graves. Le mécanisme sous-jacent de ces différences n'est pour l'heure pas bien compris. Ces résultats pourraient être liés à d'autres liens connus entre les différents groupes sanguins et les facteurs de coagulation ou les composantes de la

cascade inflammatoire. Les associations observées jusqu'à présent devront faire l'objet d'études supplémentaires. Tout individu, indépendamment de son groupe sanguin, doit continuer de prendre toutes les mesures nécessaires afin de réduire son risque de développer la COVID-19.

Nous héritons notre groupe sanguin de nos deux parents. Des personnes de tout groupe sanguin (A, B, AB et O) ont été infectées par le SARS-CoV-2 et ont ensuite développé la maladie. Toutefois, certains rapports récents ont indiqué que les personnes de certains groupes sanguins encouraient un risque plus élevé d'infection (susceptibilité) et de formes graves de la maladie. Aucune donnée ne suggère que le facteur rhésus, c'est-à-dire la positivité ou la négativité du groupe sanguin, affecte notre susceptibilité à l'infection. En début d'épidémie, certaines données ont été publiées quant aux [facteurs de risque individuels de formes graves de la maladie](#), tels que l'âge ou la présence de maladies graves concomitantes comme le diabète et les maladies cardiovasculaires. Désormais, plus de six mois après le début de la pandémie, la communauté scientifique continue ses recherches afin de comprendre pourquoi certaines personnes doivent être hospitalisées et placées sous respirateur, alors que d'autres personnes infectées par ce même virus ne développent que des maux de gorge spontanément résolutifs ou une légère toux, et que d'autres ne présentent aucun symptôme. Alors que les virologues étudient le virus et ses mutations à la recherche d'indices expliquant ces degrés d'atteinte différents, d'autres scientifiques s'intéressent aux patients afin d'identifier des facteurs inhérents à l'hôte à même d'expliquer ce phénomène.

En mars 2020, plusieurs [rapports](#) et [analyses rétrospectives](#) ont commencé à voir le jour en prépublication en Chine – premier épicode de la pandémie – quant à une association possible entre les groupes sanguins ABO et la COVID-19. Les auteurs ont notamment observé qu'une proportion plus faible de patients de groupe sanguin O et qu'une proportion plus élevée de patients de groupe sanguin A étaient hospitalisés pour COVID-19, par rapport au pourcentage attendu au vu de la distribution des groupes sanguins dans la population générale. Bien que ces études et rapports préliminaires n'aient inclus qu'un faible nombre de patients, ils ont conduit à la réalisation d'études supplémentaires évaluant les facteurs biologiques de l'hôte en tant que déterminants éventuels de la maladie et de la gravité de la maladie. La communauté scientifique s'est également ainsi intéressée de plus près aux groupes sanguins. En date du mois d'avril, d'autres études de [Chine](#), du [Royaume-Uni](#) et des [États-Unis](#) avaient vu le jour. Toutes montraient ce même lien entre groupes sanguins et risque et gravité de la maladie, voire les deux, ceci malgré les différences en matière de distribution des groupes sanguins à travers le monde.

Des études et revues de plus grande ampleur vont dans le sens de ces résultats préliminaires, avec toutefois quelques nuances. [Une étude en prépublication](#) réalisée en Espagne et en Italie avait pour objectif d'évaluer si les facteurs génétiques de l'hôte pouvaient expliquer les variations observées en matière de gravité de la maladie. Les auteurs ont révélé qu'un gène codant le groupe sanguin des individus était étroitement associé à la gravité de la maladie. Leurs résultats mettent ici aussi en évidence un risque plus élevé de formes graves chez les personnes de groupe sanguin A et un risque moins élevé chez celles de groupe sanguin O.

Certaines études mettant en évidence des résultats contradictoires ont également été publiées. Bien que la plupart des études aient montré un lien entre une moindre susceptibilité à la maladie ou une moindre gravité de la maladie chez les personnes de groupe sanguin O, d'autres études n'ont pas observé de susceptibilité ou de gravité plus importantes chez les individus de groupe sanguin A. Ces dernières ont plutôt observé que le groupe sanguin O était associé à un risque moins élevé de manière générale que celui encouru par les personnes de groupe sanguin autre que O. L'une de ces études, un [rapport publié par la société 23andMe](#), spécialisée dans les tests ADN, s'est intéressée aux infections auto-déclarées par le SARS-CoV-2, avec ou sans hospitalisation, et aux liens avec les groupes sanguins. En prenant appui sur

les données de 750 000 personnes, l'étude concluait que les personnes de groupe sanguin O étaient à la fois moins à risque de contracter la COVID-19 et d'être hospitalisées. Aucune relation n'a été observée pour les autres groupes sanguins, notamment aucun risque accru n'a été mis en évidence chez les personnes de groupe sanguin A. Cette même société recrute actuellement 10 000 sujets afin de réaliser une analyse génétique plus complète pour rechercher un lien entre la COVID-19 et les facteurs génétiques de l'hôte.

Il est pour l'heure difficile de déterminer s'il existe réellement un lien entre susceptibilité ou gravité de la maladie (ou les deux) et les groupes sanguins, au vu des données actuellement disponibles. Les études de cohortes de patients hospitalisés auront un biais puisqu'elles détecteront automatiquement un taux de formes graves de la maladie plus important pour tous les groupes sanguins. Il est difficile de déterminer si les personnes de groupe sanguin O sont moins à même d'être placées sous respirateur, par exemple, car la gravité de la maladie sera moindre chez ces personnes ou si elles sont, de manière générale, moins à risque d'infections et donc d'être hospitalisées en premier lieu. À mesure que des études de plus grande ampleur seront réalisées, tant au niveau de la population qu'au niveau communautaire, ces associations devraient être éclaircies.

Le rôle éventuel du groupe sanguin dans la susceptibilité de l'hôte aux infections n'est pas un concept nouveau. Les liens entre groupes sanguins et susceptibilité aux virus, bactéries et parasites ont déjà été démontrés. Des rapports similaires ont été publiés lors de l'épidémie de SRAS de 2002-2003, montrant une moindre susceptibilité chez les individus de groupe sanguin O. Le rôle du groupe sanguin dans la gravité d'une maladie n'est également pas nouveau. Le groupe sanguin A a précédemment été associé à un risque plus élevé de syndrome de détresse respiratoire aiguë (SDRA), ainsi qu'à un moins bon pronostic respiratoire chez les patients atteints de sepsis ou de traumatisme. Le groupe sanguin O a, quant à lui, précédemment été associé à un moindre risque de coagulation, élément clé de la COVID-19.

Les études épidémiologiques à venir apporteront des précisions sur la nature de la relation entre groupes sanguins et COVID-19, alors que les recherches génétiques et moléculaires permettront d'éclairer les mécanismes sous-jacents des différences observées en matière de susceptibilité et de gravité de la COVID-19 en fonction du groupe sanguin. Toutefois, les implications pratiques de ces données pour les patients et les médecins sont limitées. Toute personne, indépendamment de son groupe sanguin, est à risque d'infection par le SARS-CoV-2 et peut y succomber.

### **D'où vient le SARS-CoV-2 ?**

**Message principal :** comprendre d'où vient un virus donné et comment il s'est propagé chez l'homme peut aider à isoler la source du virus et à prévenir de futures infections chez l'homme. Cette connaissance contribue également au développement de traitements et de vaccins, et permet d'orienter la réponse sanitaire afin de prévenir toute pandémie future.

#### Pourquoi l'origine du SARS-CoV-2 est-elle importante ?

L'origine du SARS-CoV-2, le virus responsable de la COVID-19, a été grandement débattue. La communauté scientifique s'accorde à dire que le SARS-CoV-2 est une zoonose, ou un pathogène qui peut être transmis entre humains et animaux. La majorité des pathogènes humains peuvent infecter ou bien proviennent d'animaux. Les interactions entre l'homme et l'animal sont fréquentes, comme par exemple avec les animaux domestiques, le bétail et les animaux sauvages. Par ailleurs, les animaux peuvent sembler être en bonne santé même lorsqu'ils hébergent des pathogènes à même de rendre l'homme malade. Certaines zoonoses sont transmises à l'homme par contact direct avec l'animal (anthrax, grippe,

leptospirose), mais les zoonoses peuvent aussi être transmises par des vecteurs tels que les puces, les moustiques et les tiques (fièvre pourprée des Montagnes Rocheuses, maladie de Lyme, typhus, fièvre jaune), par consommation d'aliments ou d'eau contaminés (salmonellose, shigellose, trichinose) ou par plusieurs modes de contamination. [Les trois pandémies les plus dévastatrices de l'histoire humaine, à savoir la peste noire, la grippe espagnole de 1918 et l'épidémie de VIH/SIDA, ont été causées par des zoonoses.](#) Les zoonoses nouvellement émergentes chez l'homme peuvent représenter de graves dangers en matière de santé et d'économie mondiale. De nombreuses personnes sont en effet susceptibles de décéder et le fonctionnement de nombreuses sociétés peut être perturbé lorsqu'une nouvelle maladie est identifiée et que des mesures de lutte contre cette dernière sont mises en place. Par ailleurs, la plupart des individus – voire tous les individus – sont potentiellement susceptibles à cette nouvelle infection puisqu'ils n'ont jamais été exposés au nouveau pathogène. En pleine pandémie, certains peuvent se demander pourquoi il est important de savoir d'où vient le virus pathogène. Comprendre d'où vient un virus donné et comment il s'est propagé chez l'homme peut aider à isoler la source du virus et à prévenir de futures infections chez l'homme. Cette connaissance contribue également au développement de traitements et de vaccins, et permet d'orienter la réponse sanitaire afin de prévenir toute pandémie future.

### *Comment les scientifiques recherchent-ils les origines du SARS-CoV-2, et qu'ont-ils découvert ?*

Plusieurs stratégies de recherche peuvent être utilisées pour identifier la source d'une zoonose telle que le SARS-CoV-2, le virus à l'origine de la COVID-19. L'une de ces méthodes est l'analyse épidémiologique des premiers cas chez l'homme, afin de déterminer de possibles contacts infectieux (humains ou autres) et de restreindre la zone géographique et la période de contamination d'une espèce à l'autre. [Nombre des premiers cas de COVID-19 rapportés avaient un lien direct avec un marché de poissons de la ville de Wuhan en Chine.](#) Il s'agissait d'un marché d'animaux vivants, où des animaux sauvages et issus de l'élevage étaient vendus. [Les échantillons environnementaux prélevés au marché en décembre 2019 ont été testés positifs au SARS-CoV-2.](#) Bien que cela puisse suggérer que le marché soit la source de l'épidémie, certains des premiers patients atteints de COVID-19 n'avaient aucun lien épidémiologique avec le marché. Le marché a également pu jouer un rôle dans l'expansion initiale de l'épidémie, même si la transmission inter-espèces du virus a eu lieu à un autre endroit.

La seconde approche d'identification de la source d'une zoonose repose sur l'analyse génétique. Les virus génétiquement similaires peuvent provenir d'une même source. Début janvier 2020, des scientifiques ont séquencé pour la première fois le génome du SARS-CoV-2 et [l'ont publié en ligne.](#) Nous savons désormais que le SARS-CoV-2 est un bêtacoronavirus, ou un membre du sous-groupe de coronavirus qui comprend également le SARS-CoV (le virus responsable du syndrome respiratoire aigu sévère ou SRAS) et le MERS-CoV (le virus à l'origine du syndrome respiratoire du Moyen-Orient ou MERS). Les chauves-souris servent d'espèce hôte à de nombreux bêtacoronavirus, et le génome du SARS-CoV-2 est [identique à 96 % au génome d'un bêtacoronavirus, isolé en Chine, qui infecte la chauve-souris.](#) Bien que les chauves-souris servent probablement d'hôtes réservoirs au bêtacoronavirus dont provient le SARS-CoV-2, une différence génétique de 4 % reste significative. Les gènes du SARS-CoV-2 qui façonnent la partie du virus qui se lie aux cellules humaines sont [similaires aux gènes des coronavirus qui infectent les pangolins,](#) un mammifère recouvert d'écailles protectrices qui est chassé pour sa viande et ses écailles. Il a été démontré que le SARS-CoV-2 peut se lier non seulement aux cellules humaines mais également aux cellules du furet, du chat et de diverses autres espèces animales. Ainsi, le progéniteur viral du SARS-CoV-2 peut avoir été transmis par la chauve-souris à une autre espèce animale chez laquelle une évolution virale a eu lieu avant la transmission à l'homme. Nous disposons d'autres exemples en la matière : le virus du SRAS provient probablement de la chauve-souris et a ensuite été transmis à la civette (un parent de la mangouste à

l'apparence d'un chat) avant d'être transmis à l'homme. Le virus à l'origine du MERS provient aussi probablement de la chauve-souris et a ensuite été transmis au chameau avant d'être transmis à l'homme.

*Pourquoi n'avons-nous pas encore établi la source du SARS-CoV-2 avec certitude ?*

Il est assez fréquent de ne pas avoir de preuves définitives de l'espèce réservoir (chez laquelle le pathogène vit habituellement) ou du mode de transmission inter-espèces (de l'animal à l'homme). Par exemple, il a fallu des années de recherche épidémiologique pour démontrer que le virus Nipah – une zoonose qui peut causer une encéphalite fatale chez l'homme – pouvait infecter l'homme en cas de consommation de sève de palmier-dattier collectée dans des pots dans lesquels des chauves-souris avaient uriné. De même, les origines du VIH ont fait l'objet de décennies d'études et de débats. Pour qu'une transmission inter-espèces ait lieu, plusieurs facteurs doivent être rassemblés. Le pathogène doit être présent à un moment donné et à un endroit donné, un homme doit être en contact avec le pathogène et l'homme doit être susceptible au pathogène. Pour les pathogènes qui peuvent être immédiatement transmis à l'homme (virus Ébola, VIH, grippe H1N1), les facteurs favorisant la transmission inter-espèces peuvent être difficiles à démêler, notamment lorsque les nouveaux cas humains n'ont aucun lien avec les premiers cas de transmission inter-espèces. Lorsqu'aucune transmission interhumaine ou qu'un nombre limité de ces transmissions est observé(e) (rage, virus du Nil Occidental), les cas de transmission inter-espèces sont plus faciles à identifier. La transmissibilité interhumaine du SARS-CoV-2 a entraîné une propagation mondiale du virus en à peine quelques mois, mais l'analyse génétique du virus issue de différents patients suggère que l'épidémie a débuté avec un seul ou seulement quelques cas d'introduction du virus dans la population humaine. Ces données sont différentes de celles observées avec le virus MERS, pour lequel la transmission interhumaine n'est pas facile. De nombreux cas de transmissions du chameau à l'homme avaient toutefois été observés. Bien qu'aucun coronavirus animal n'ait été identifié comme le progéniteur direct du SARS-CoV-2, la diversité des coronavirus présents chez l'animal est telle qu'elle n'a pas été évaluée de manière exhaustive. Nous disposons de preuves d'une faible exposition humaine aux coronavirus liés au virus du SRAS dans certaines régions de Chine. Ces données suggèrent la présence de cas de transmission inter-espèces antérieurs non détectés de coronavirus retrouvés chez la chauve-souris. Il a fallu des années de recherche et de tests pour identifier les progéniteurs viraux éventuels du SRAS chez la chauve-souris rhinolophe fer-à-cheval dans une région de Chine.

*Au vu des connaissances actuelles sur l'origine du SARS-CoV-2, quelles actions ont été prises ?*

Il convient de reconnaître l'importance des niches écologiques qui hébergent de nombreuses espèces animales différentes. Par exemple, la chauve-souris mange les insectes nuisibles, pollinise les plantes et dissémine les graines. L'économie mondiale et la sécurité alimentaire seraient grandement impactées si les chauves-souris venaient à disparaître. Les recherches montrent que les activités de l'homme, telles qu'un empiètement accru sur l'habitat sauvage et le recours à certaines pratiques de production alimentaire, créent les conditions nécessaires à une transmission inter-espèces facilitée des zoonoses. Certes, les activités humaines augmentent le risque de transmission inter-espèces mais nous avons les moyens de faire face à ce risque. De nombreuses approches de santé publique peuvent être mises en place afin de réduire le poids sanitaire des zoonoses émergentes. La diminution des contacts humains avec d'éventuels pathogènes peut permettre de réduire le risque de transmission inter-espèces de ces zoonoses. Au vu des données actuellement disponibles sur l'origine du SARS-CoV-2, des efforts visant à réduire la consommation et le commerce d'animaux sauvages ont été entrepris. Les effets de ces mesures sur les comportements humains et le risque de zoonoses restent à venir.

## Questions fréquentes

### Que savons-nous sur le tabagisme, le vapotage et la COVID-19 ?

La COVID-19 peut provoquer de graves problèmes ou maladies respiratoires, qui peuvent être d'autant plus graves chez les personnes atteintes de troubles pulmonaires chroniques sous-jacents. Le tabagisme est une des causes principales de problèmes pulmonaires chroniques, et peut endommager la capacité du système immunitaire des poumons à contrer une infection. Plusieurs mois s'écouleront peut-être avant d'avoir suffisamment de données à même de définir la relation entre tabagisme et COVID-19. En attendant, les effets d'une attitude clémente en matière de tabagisme pourraient être dévastateurs. Le tabagisme est en effet responsable de millions de décès chaque année, avec ou sans pandémie de maladies infectieuses. Le tabagisme est associé à d'autres facteurs de risque de formes graves de COVID-19, tels que maladies cardiaques, diabète et hypertension. Il est donc difficile d'évaluer la présence ou l'ampleur de la seule relation entre tabagisme et COVID-19. Malgré quelques études remettant en cause l'association entre tabagisme et COVID-19, voire même certaines études avançant qu'un nombre moins important qu'attendu de fumeurs sont hospitalisés pour COVID-19, le message des experts et des organismes de santé publique est très clair : le tabagisme accroît le risque d'infection respiratoire et est fortement associé aux facteurs qui augmentent le risque de formes graves de COVID-19. L'OMS déclare que « les recherches disponibles suggèrent que les fumeurs sont à plus haut risque de formes graves de COVID-19 et de décès ». En raison du geste main-bouche effectué par les fumeurs de cigarettes et de cigarettes électroniques, le risque de contracter la COVID-19 est potentiellement plus élevé. Le vapotage, ou la consommation de cigarettes électroniques, peut aussi provoquer de graves maladies pulmonaires. Le tabac nuit à la santé et accroît probablement le risque de pronostics défavorables en cas de COVID-19. Les résultats de toute étude démontrant le contraire doivent faire l'objet d'une analyse minutieuse au vu des connaissances et données probantes scientifiques accumulées au fil des décennies passées sur les risques du tabagisme et de l'ingérence de longue date de l'industrie du tabac en matière de données scientifiques.

### Qu'est-ce qu'un article en prépublication ?

Un [article en prépublication](#) est la version originale de l'article de l'auteur avant évaluation par des pairs et avant publication (parfois dans une revue évaluée par des pairs). Avec la pandémie de COVID-19, le nombre d'études scientifiques réalisées et publiées a considérablement augmenté. La plupart de ces études sont publiées sur des plateformes de prépublication telles que [medRxiv \(prononcé « med-archive » à l'anglaise\)](#), qui est spécialisée dans le domaine des sciences de la santé. Selon [un article en prépublication](#), la communauté scientifique a publié plus de 16 000 articles scientifiques sur la COVID-19 au cours des quatre mois qui ont suivi l'apparition du premier cas confirmé. Au moins 6 000 de ces articles ont été hébergés sur des plateformes de prépublication.

Pourquoi décide-t-on de publier son article sur une plateforme de prépublication ? Cela permet de partager son article le plus rapidement possible, et d'obtenir des retours avant la publication de l'article. Avant la création d'une prépublication, un DOI (pour *digital object identifier* en anglais) est attribué à l'article. Ce DOI peut être relié à la version finale publiée de l'article, facilitant ainsi les références à l'article. Les prépublications sont fréquemment utilisées dans d'autres domaines académiques, tels qu'en économie, comme moyen de partager des analyses préliminaires et d'obtenir des retours constructifs de collègues avant la publication finale de l'article. Avant la pandémie de COVID-19, le recours aux prépublications n'était pas fréquent dans la plupart des domaines de la santé et les articles en

prépublication n'étaient pas souvent cités par d'autres articles. Il convient toutefois de ne pas oublier qu'un article en prépublication n'a pas été examiné par des experts indépendants du sujet traité. Évaluer le bien-fondé technique d'un article en prépublication nécessite une expertise supplémentaire en matière de méthodologie de recherche et du sujet traité. Pour ces raisons, medRxiv et d'autres plateformes disposent d'une clause de non-responsabilité conséquente relative aux articles hébergés sur leur plateforme : « Avertissement : les prépublications sont des rapports préliminaires d'un travail donné, qui n'ont pas été validés par examen des pairs. Elles ne doivent en aucun cas être utilisées afin d'orienter la pratique clinique ou les comportements en matière de santé, et ne doivent pas être rapportées comme des informations validées dans les médias ». Il convient de garder cet avertissement à l'esprit lorsque nous prenons connaissance de données qui sont uniquement issues d'études en prépublication. Toute personne communiquant des informations doit aussi mentionner la source des données scientifiques ou des résultats.

### Articles (les articles en prépublication sont indiqués, le cas échéant)

#### [Infections par le SARS-CoV-2 et réponses sérologiques dans un échantillon de membres de la Marine – USS Theodore Roosevelt, avril 2020](#)

(MMWR, publication préliminaire, 9 juin)

**Message principal :** d'après l'expérience d'un porte-avions de la US Navy, la surveillance symptomatique pourrait être moins efficace en matière de détection des infections par le SARS-CoV-2 chez les jeunes adultes, qui peuvent ne présenter que des symptômes légers voire aucun symptôme. L'utilisation de protections faciales et le respect de la distanciation physique ont été associés à une moindre probabilité de contracter l'infection pendant l'épidémie de COVID-19 chez les membres du porte-avions. Le fait de partager un même lieu de vie ou d'avoir eu des contacts avec une personne atteinte de COVID-19 augmentait le risque d'infection. La plupart (90 %) des participants de l'étude ayant déjà obtenu un résultat positif par test RT-PCR avant l'enquête – qui permet de détecter la présence du virus – présentaient des signes de séroconversion. Cela signifie que des anticorps ont été détectés dans leur sang par test sérologique (test ELISA). Dans l'ensemble, 59,7 % des participants ont obtenu un résultat positif au test ELISA de détection des anticorps. Parmi ces participants, 59,2 % ont également obtenu un résultat positif au test de détection d'anticorps neutralisants.

- Parmi les 1 417 militaires du contingent déjà à bord de l'USS Theodore Roosevelt ou présents sur la base de Guam où le navire était amarré, 382 ont renseigné le questionnaire de l'étude et subi un prélèvement sanguin pour test ELISA de détection d'anticorps ; 267 de ces militaires ont également fourni des échantillons pour réalisation d'un test de détection des antigènes par RT-PCR.
- Au total, 238 participants ont été testés positifs par test RT-PCR, ELISA, ou les deux. Parmi ces derniers, 81,5 % ont rapporté au moins un symptôme. Le symptôme le plus fréquent était la perte de l'odorat et/ou du goût (61,3 %). Près d'un cinquième (18,5 %) des participants avec infection antérieure ou en cours n'ont rapporté aucun symptôme, et seuls deux participants (0,8 %) ont été hospitalisés. La présence d'anticorps détectée par test ELISA positif a été observée chez 90,2 % des participants qui avaient déjà obtenu un résultat positif à un test PCR antérieur. De nombreux participants ont également été testés positifs à la présence d'anticorps neutralisants.
- Cette étude comporte des limites puisqu'elle rapporte les résultats d'un échantillon de convenance, qui n'est pas représentatif de la population générale en termes de démographie de lieux de vie/de travail. Par ailleurs, les données n'ont été collectées qu'à un seul point temporel, entraînant un biais de mémoire et de sélection, ainsi qu'un manque de suivi.



## Rôle des enfants dans les dynamiques de propagation intrafamiliale du coronavirus 2019 dans une zone densément peuplée

(Pediatric Infectious Disease Journal, 1<sup>er</sup> juin)

**Message principal** : dans une revue précédente, nous avons analysé des données qui suggéraient que [les enfants étaient moins susceptibles que les adultes de contracter la COVID-19](#), même en cas d'exposition similaire. Dans cette étude, les auteurs ont calculé le taux d'attaque par âge au sein de foyers familiaux de COVID-19 à Bnei Brak, en Israël – une région densément peuplée de familles avec de jeunes enfants. Les enfants âgés de 0 à 4 ans étaient 47 % moins susceptibles d'être infectés que les adultes, et ceux de 5 à 17 ans étaient 61 % moins susceptibles d'être infectés. Ces résultats viennent s'ajouter aux données déjà disponibles quant au risque d'infection par âge, et seront précieuses afin d'orienter les décisions visant à ralentir la progression de l'épidémie.

- Treize foyers familiaux de COVID-19 ont fait l'objet d'une enquête. Le cas index était un adulte dans 12 de ces familles, et le premier cas observé dans la famille restante était un adolescent infecté à l'école. Aucune information supplémentaire n'a été donnée sur les transmissions émanant de cet adolescent de 14 ans et demi. Nous ne savons donc pas s'il était la source de propagation de l'infection à d'autres membres de sa famille, qui sont tombés malades par la suite.
- Des tests PCR de détection du SARS-CoV-2 ont été réalisés chez 94 personnes supplémentaires de ces 13 familles. L'ARN du virus a été détecté chez :
  - 2 des 18 enfants de moins de 5 ans (taux d'attaque : 11,8 %) ;
  - 13 des 40 enfants âgés de 5 à 17 ans (taux d'attaque : 32,5 %) ;
  - 21 des 36 adultes âgés de 18 à 48 ans (taux d'attaque : 58,3 %).
- Même dans cette communauté, où 42 % de la population est âgée de moins de 15 ans et où la vie en promiscuité concourt à des taux d'attaque élevés au sein des familles touchées, les adultes semblent être à l'origine de la plupart des transmissions.
- Ce site d'étude peut être inhabituel étant donné le faible nombre de personnes âgées dans ces foyers familiaux, et n'est pas nécessairement représentatif du niveau de risque encouru par les personnes extérieures aux foyers touchés. Les différences de taux d'attaque pourraient être dues à des facteurs biologiques ou comportementaux de l'enfant et de l'adulte, ou à une combinaison de ces deux types de facteurs.

## Délai avant RT-PCR positive pour le SARS-CoV-2 chez des patients initialement testés négatifs (Clinical Infectious Diseases, 7 juin)

**Message principal** : les chercheurs de deux centres médicaux académiques ont étudié l'obtention à court terme de nouveaux résultats de RT-PCR positifs pour le SARS-CoV-2 chez 20 912 patients ayant initialement été testés négatifs. Les résultats observés dans ces deux centres suggèrent une moindre fréquence de faux-négatifs par RT-PCR que précédemment rapportée dans d'autres études.

- À l'Université de Washington dans l'état de Washington et à l'Université de Stanford en Californie, les échantillons nasopharyngés de patients adultes et pédiatriques ont été testés pour détection du SARS-CoV-2 par RT-PCR. Les patients s'étaient présentés dans divers centres cliniques avec ou sans services d'hospitalisation, ainsi que dans des « drive » qui permettaient de se faire dépister sans sortir de sa voiture. La plupart des patients testés présentaient des symptômes possibles de COVID-19 associés à des facteurs de risque pertinents (un petit sous-groupe de patients étaient asymptomatiques ; ils ont été dépistés dans un contexte préopératoire). Un sous-groupe de patients ayant initialement été testés négatifs ont été de nouveau testés dans les sept jours suivants en raison de symptômes qui persistaient ou qui se dégradaient.
- Les tests de détection du SARS-CoV-2 par RT-PCR ont été réalisés sur 23 126 échantillons prélevés chez 20 912 patients (8 977 de l'Université de Washington et 11 935 de l'Université de Stanford). Les résultats ont montré que 91 % (90,7 % pour l'Université de Washington, 91,2 % pour

l'Université de Stanford) de ces patients avaient initialement été testés négatifs pour le SARS-CoV-2. Un faible pourcentage de ces patients (338 [4,1 %] à l'Université de Washington et 268 [2,6 %] à Stanford) ont subi un second test dans les sept jours suivants. Dans l'ensemble, 3,5 % des patients ayant été retestés ont été testés positifs lors de ce second test : 14 (4,1 %) à l'Université de Washington et huit (2,8 %) à Stanford.

- L'étude comporte toutefois des limites, comme l'impossible détermination de la sensibilité et de la spécificité des tests RT-PCR en raison du schéma de l'étude. La cause des résultats faux-négatifs n'a pas pu être déterminée, mais certaines discordances au niveau des résultats pourraient être dues à des infections nouvellement acquises. Par ailleurs, certains biais éventuels de sélection des patients pour le second test, par rapport à ceux n'ayant pas été retestés, ont pu avoir lieu.

[Attitudes, comportements et croyances du grand public sur la COVID-19, les mesures de confinement, la fermeture des commerces non-essentiels et les recommandations de santé publique — États-Unis, New York et Los Angeles, 5-12 mai 2020](#)

(MMWR, publication préliminaire, 12 juin)

**Message principal** : une étude réalisée début mai chez des adultes résidant à New York, Los Angeles, ainsi que sur l'ensemble du territoire des États-Unis, a mis en évidence l'approbation massive de la population quant aux mesures sociales et de santé publique visant à réduire le risque et la transmission de la COVID-19. Ce type d'informations – qui se concentrent sur les attitudes, les comportements et les croyances relatifs aux restrictions imposées pendant la pandémie – peuvent favoriser l'acceptation et la mise en place de restrictions plus pérennes pendant la phase de déconfinement.

- Du 5 au 12 mai, plus de 4 000 adultes ont été invités à participer à une enquête en ligne visant à évaluer leur opinion quant aux mesures de confinement, de distanciation physique, de fermeture des commerces non-essentiels, de port de protections faciales et d'interdiction des grands rassemblements. L'enquête cherchait également à savoir si les participants estimaient que leur état avait trouvé le bon équilibre en matière de restrictions. Parmi les personnes conviées à participer, 2 221 satisfaisaient aux critères de participation et ont répondu à l'enquête : 1 676 étaient issues de la cohorte portant sur l'ensemble du territoire américain, 286 de la cohorte new-yorkaise et 259 de la cohorte de Los Angeles.
- Les mesures de confinement et de fermeture des commerces étaient largement soutenues au sein des trois cohortes (États-Unis, New York, Los Angeles ; 79,4 %, 86,7 % et 81,5 %, respectivement). La plupart des participants de chaque cohorte rapportaient « toujours » ou « souvent » porter une protection faciale (74,1 %, 89,6 % et 89,8 %, respectivement). Les participants étaient aussi d'accord avec l'équilibre trouvé en matière de restrictions (84,3 %, 89,7 % et 79,7 %, respectivement). La plupart des participants ont rapporté qu'ils ne se sentiraient pas en sécurité si les mesures d'atténuation du risque étaient levées au niveau national au moment de l'enquête (74,3 %, 81,5 % et 73,4 %, respectivement).
- Les données issues d'enquêtes comportent toujours des limites. Les données relatives au respect des mesures d'ordre comportemental sont par exemple auto-déclarées. Par ailleurs, les afro-américains étaient sous-représentés parmi les participants à l'enquête. Les participants se limitaient aussi à ceux ayant accès à un ordinateur et à Internet, et acceptant de participer à une enquête en ligne.

[Foyers communautaires de maladie à coronavirus, Japon, janvier–avril 2020](#)

(EID, publication préliminaire, 10 juin)

**Message principal** : cette étude de foyers de COVID-19 au Japon a révélé, qu'outre les cas de transmission en environnement médical, de nombreux foyers étaient observés dans des lieux associés à des activités de forte respiration et de promiscuité tels que les salles de karaoké, les événements entraînant des cris

d'encouragement, les bars et les salles de sport. Les cas primaires ont généralement été observés chez des jeunes, bien qu'aucun n'ait été âgé de moins de 20 ans. Plus de la moitié des transmissions issues du cas primaire ont eu lieu avant l'apparition des symptômes.

- L'analyse portait sur 2 875 cas confirmés de transmission locale dans 61 foyers d'au moins 5 personnes infectées lors d'une activité ou d'un événement organisé en dehors de chez elles. Parmi les 2 875 cas, 1 760 (61 %) avaient un lien épidémiologique avec des cas connus (mais près de 40 % n'en avaient pas). La plupart (64 %) des foyers comprenaient de 5 à 10 cas.
- Les foyers ont été observés dans divers endroits, dont des centres hospitaliers (30 %), d'autres centres de soins (16 %), des restaurants ou des bars (16 %), sur le lieu de travail (11 %), ainsi que dans d'autres endroits comme des salles de concerts, des répétitions de chorale, des karaokés, des salles de sport et un avion.
- Dans les milieux non-médicaux, 22 cas primaires probables ont certainement contribué à l'apparition des nouveaux foyers. Parmi ces cas primaires, 11 (50 %) étaient âgés de 20 à 39 ans – généralement plus jeunes que les autres cas – mais aucun cas primaire n'avait moins de 20 ans. Neuf (41 %) étaient en phase présymptomatique ou étaient asymptomatiques au moment de la transmission. Parmi les cas symptomatiques, seul 1/13 (8 %) présentait une toux.
- Parmi les 16 cas primaires associés à une date précise de transmission à d'autres cas, la transmission a eu lieu 1 à 3 jours avant l'apparition des symptômes pour neuf d'entre eux (56 %) et le jour même de l'apparition des symptômes pour quatre d'entre eux (25 %). La transmission a eu lieu après l'apparition des symptômes pour seulement trois d'entre eux (19 %).
- Les limites de l'étude comprenaient un biais de mémoire puisque certains cas n'ont pas pu fournir l'historique de leurs contacts ou de leurs liens épidémiologiques, et le fait que les informations ont été uniquement obtenues par entretiens.

**Citation suggérée :** Cash-Goldwasser S, Kardooni S, Kachur SP, Cobb L, Bradford E and Shahpar C. Weekly COVID-19 Science Review 2-8 May 2020. Resolve to Save Lives. 2020 May 12. Available from <https://preventepidemics.org/coronavirus/weekly-science-review/>