

Ph. Vanhems*, N. Voirin*,

M.-C. Nicolle, N. Khanafer, C. Régis

Hôpital Édouard Herriot, Université Claude Ber-
nard Lyon 1, *et CNRS UMR 5558, Lyon

J.-F. Pinton

Laboratoire de Physique, École Normale Supé-
rieure, CNRS UMR 5672, Lyon

A. Barrat

Centre de Physique Théorique, CNRS UMR 6207,
Marseille; Institute for Scientific Interchange
Foundation, Torino

C. Cattuto, W. van den Broeck

Institute for Scientific Interchange Foundation,
Torino

La transmission et la diffusion des infections nosocomiales dépendent principalement des contacts entre individus. La mesure de ces contacts est cependant difficile en pratique car elle repose souvent sur des questionnaires ou des audits. Ces contacts peuvent maintenant être quantifiés au moyen d'outils électroniques

Objectif

L'objectif principal de cette étude était de dénombrer de façon détaillée les contacts entre individus lors du dernier congrès de la SFHH grâce au développement et à l'utilisation des technologies actives RFID (*Radio Frequency Identification*). (Figure 1)

Méthodes

Durant le congrès, le port d'un badge émetteur récepteur a été proposé aux participants. Les émissions étaient enregistrées par des antennes fixes disposées dans plusieurs lieux du congrès permettant ainsi une localisation du badge. Le signal était uniquement enregistré par des badges voisins se faisant face (rayon maximum de deux mètres).

Les données recueillies dans le temps et de manière anonyme ont permis l'élaboration d'un graphe en temps réel représentant un réseau de contacts entre individus (<http://sociopatterns.org>). L'évolution de ce graphe a été analysée.

Un outil biomathématique de diffusion virtuelle d'une infection a été construit dans le but d'analyser les paramètres relatifs aux contacts facilitant la diffusion d'une infection ou l'émergence d'une épidémie. Les données ont été appliquées à une simulation de propagation du virus grippal A/H1N1 au cours du congrès [1].

Résultats

Parmi les 1 200 participants, 410 badges ont été distribués. Les données ont été

recueillies durant les deux jours du congrès. Au cours de la première journée, 15 089 contacts entre individus ont été observés et analysés. La durée moyenne d'un contact était de 1,07 minute (avec un minimum de 20 secondes et un maximum de 1 heure).

Partant de l'hypothèse que 10 personnes étaient infectées par le virus grippal A/H1N1, le modèle a permis d'estimer le nombre de personnes qui auraient pu être infectées après deux jours de congrès ou après des durées hypothétiques plus longues du congrès. Ces résultats ont tenu compte du R0 (nombre de cas secondaires générés après exposition à un cas index) du virus estimé, en moyenne, à 1,8 ou 3 selon des études récentes [2,3]. Pour une observation de deux jours par exemple, on a pu observer un nombre moyen incident d'individus infectés de 3 ou 6 avec un R0 respectivement de 1,8 et 3 (Tableau 1).

Discussion

Des expériences préliminaires avaient déjà été réalisées mais jamais au niveau national ni avec une population aussi importante. L'absence d'échantillonnage de la population ainsi que le manque d'exhaustivité des contacts peuvent cependant être des limites à cette étude pilote. L'exemple a été basé sur le virus grippal A/H1N1 mais cette expérience peut tout aussi s'appliquer à des bactéries ou autres agents pathogènes infectieux nosocomiaux. Des simulations pourront aussi être réalisées après la mise en place de mesures préventives comme la désinfection des mains, le port de masque ou des mesures d'isolement.

Cette expérience a aussi permis le développement de collaborations interdisciplinaires avec des scientifiques non directement impliqués dans le domaine de la santé mais dont l'expertise peut largement bénéficier aux soignants. Les étapes suivantes seront la répétition de ce type d'étude dans d'autres contextes à la fois communautaires et hospitaliers.

Remerciements: Nous remercions la société GOJO ainsi que la SFHH pour leur soutien financier.

Références

- 1- DAWOOD FS *et al.* Novel Swine-origin Influenza A (H1N1) Virus investigation team. Emergence of a novel Swine-origin influenza A (H1N1) virus in human. *N Engl J Med.* 2009; 360(25): 2605-2615.
- 2- FRASER C, DONNELLY CA *et al.* Pandemic potential of a strain of influenza A (H1N1): Early Findings. *Science.* 2009 May 14.
- 3- BOËLLE PY, BERNILLON P, DESENCLOS JC. A preliminary estimation of the reproduction ratio for new influenza A (H1N1) from the outbreak in Mexico, March-April 2009. *Euro Surveill.* 2009 May 14; 14(19).

Figure 1

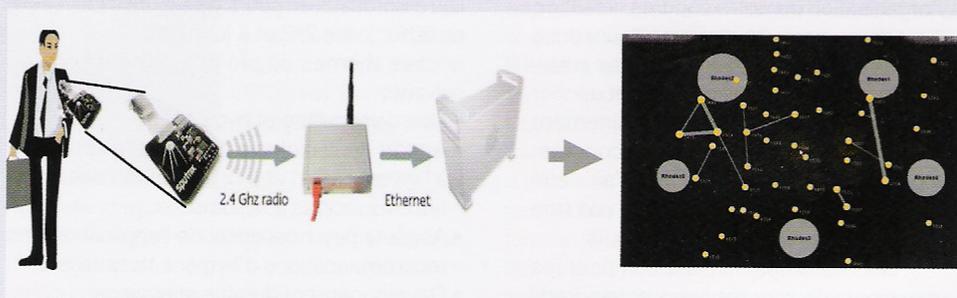


Tableau 1 - Nombre moyen estimé de cas incidents infectés par le virus grippal A/H1N1 en fonction de la durée du congrès

Durée du congrès (jours)	2	5	10
	N (min - max)	N (min - max)	N (min - max)
R0 = 1,8	3 (1 - 6)	7 (2 - 16)	15 (4 - 34)
R0 = 2	6 (2 - 12)	16 (7 - 30)	37 (10 - 68)