



CanCOVID

COVID-19 • SCIENCE • KNOWLEDGE
CONNAISSANCES SCIENTIFIQUES - COVID-19

Note d'enjeux CanCOVID

Biomarqueurs et admissions en USI chez les patients atteints de la COVID-19

4 mars 2021

RÉSUMÉ EXÉCUTIF

Biomarqueurs et admissions en USI chez les patients atteints de la COVID-19

Question: Quels sont les facteurs faisant en sorte que certaines personnes infectées se retrouvent ou non dans l'unité de soins intensifs ? Existe-t-il des outils prédictifs ou des biomarqueurs ? Combinaison de la COVID-19 avec des comorbidités.

Résumé des ressources incluses

Nos recherches rapides nous ont permis d'identifier quatre méta-analyses, une revue systématique et quatre études originales pertinentes, toutes axées sur les biomarqueurs ainsi que la gravité, la morbidité, la mortalité et le diagnostic des patients hospitalisés atteints de la COVID-19. Selon les évaluations de qualité des auteurs, les études incluses dans les revues systématiques et les méta-analyses furent de qualité faible à élevée. Étant donné la rapidité de nos recherches et les documents retrouvés, ce résumé ne peut prétendre être exhaustif. Il est possible que nous ayons manqué des données probantes potentiellement pertinentes.

Que savons-nous?

Les recherches existantes ont permis d'identifier un certain nombre de biomarqueurs associés à la gravité de la maladie et à la mortalité chez les patients hospitalisés atteints de la COVID-19, ce qui pourrait aider à prévoir les besoins en soins intensifs. La détection précoce des biomarqueurs identifiés peut améliorer la prise en charge des patients et aider à identifier les patients à haut risque. Des associations ont été trouvées entre la gravité de la maladie de la COVID-19 et les biomarqueurs précoces d'inflammation et de dysfonctionnement des organes, notamment la lymphopénie, la thrombocytopénie et des niveaux élevés de D-dimère, de protéine C-réactive (CRP), de procalcitonine (PCT), de lactate déshydrogénase (LDH) ainsi que des niveaux élevés de troponine I cardiaque et d'aspartate aminotransférase (AST). En outre, il existe une forte association entre l'augmentation des biomarqueurs, notamment la CRP, les D-dimères et la diminution du nombre de plaquettes, et l'augmentation de la mortalité. Il existe également des modèles de prédiction qui peuvent être utiles pour identifier les patients de la COVID-19 présentant un risque élevé de décès dans les deux mois. Un modèle suggère que l'âge, l'insuffisance respiratoire, le nombre de globules blancs, les lymphocytes, les plaquettes, les D-dimères et la lactate déshydrogénase sont les principaux déterminants de la mortalité chez les patients hospitalisés atteints de la COVID-19. Des comorbidités telles que le diabète, l'hypertension, les maladies cardiovasculaires, les maladies pulmonaires obstructives chroniques ainsi que l'insuffisance rénale chronique sont associées à une augmentation des symptômes graves de la COVID-19 et de la mortalité. Les patients souffrant d'hypertension, d'accidents vasculaires cérébraux et de maladies cardiaques peuvent courir un risque accru de devoir être soignés dans une unité de soins intensifs, de devoir être intubés sinon de mourir.

Quelles sont les lacunes notables dans nos connaissances?

Les biomarqueurs associés à la maladie grave COVID et à la mortalité identifiés à ce jour, sont des marqueurs généraux de l'inflammation et du dysfonctionnement des organes : ces biomarqueurs ne sont pas spécifiques à la COVID-19. En effet, les biomarqueurs spécifiques à la maladie grave COVID et à la mortalité n'ont pas encore été identifiés. Nos recherches n'ont pas permis de trouver de données probantes de plus haut niveau (c'est-à-dire des données probantes provenant de revues systématiques, de méta-analyses ou de revues rapides) portant sur les biomarqueurs associés à l'admission en USI. Des recherches supplémentaires sont nécessaires en vue d'identifier les biomarqueurs prédictifs de la nécessité de soins en USI.

Qu'est-ce qui se dessine à l'horizon ? Quelles études sont en cours afin de combler les lacunes ?

Divers projets de recherche financés dans tout le Canada étudient différentes approches pour prédire la gravité de la COVID-19 (y compris l'admission en USI), tels que les biomarqueurs génétiques, les marqueurs immunologiques, la surveillance à distance des symptômes et la modélisation mathématique.

- "Identification of Biomarkers that Predict Severity of Infection in COVID-19 Patients" (Melissa Kathryn Andrew, Dalhousie University) "Identification des biomarqueurs qui prédisent la gravité de l'infection chez les patients atteints de COVID-19" (traduction libre – ressource en anglais seulement): Melissa Kathryn Andrew, Université Dalhousie
- "Population-estimable frailty using "big data" to predict Covid-19 infection and illness severity, Institute of Clinical Evaluative Sciences" (Douglas Lee, Institute of Clinical Evaluation on Sciences, University of Toronto) "Utilisation d'une estimation de la fragilité au sein de la population, calculée à l'aide de « données massives », pour prédire l'infection à la COVID-19 et la gravité de la maladie" (traduction libre – source en anglais seulement) : Dr Douglas Lee – Institut des sciences d'évaluation clinique, Université de Toronto
- "AI-empowered Real-time COVID-19 Symptom Monitoring and Prediction among Senior Residents" (Rahimi Samira, McGill University) "Surveillance et prédiction des symptômes de la COVID-19 en temps réel, grâce à l'IA, chez les résidents âgés" (traduction libre – source en anglais seulement): Rahimi Samira, Université McGill
- "An Optimized COVID-19 Diagnostic Test Incorporating Host Responses for Predicting Disease Course and Healthcare Needs" (Jeremy Hirota, McMaster University) "Un test de diagnostic pour la COVID-19 optimisé intégrant les réponses de l'hôte pour prédire l'évolution de la maladie et les besoins de santé" (traduction libre – source en anglais seulement): Jeremy Hirota, Université McMaster
- "CovidFree@Home: Development and validation of a multivariable prediction model of deterioration in patients diagnosed with COVID-19 who are managing at home" (Nisha Andany, Sunnybrook Research Institute) "CovidFree@Home : Développement et validation d'un modèle de prédiction multivariable de la détérioration chez les patients diagnostiqués avec COVID-19 qui se prennent en charge à domicile"(traduction libre – ressource en anglais seulement): Nisha Andany, Sunnybrook Research Institute
- "Genomic biomarkers to predict outcome and treatment response in hospitalized COVID-19 patients" (Matthew Cheng, McGill University) "Biomarqueurs génomiques pour prédire les résultats et la réponse au traitement chez les patients COVID-19 hospitalisés" (traduction libre – ressource en anglais seulement): Matthew Cheng, Université McGill
- "COVID-19: Comprehensive biomarker analysis for prediction of clinical course and patient treatment outcomes (COVID-BEACONS)" (Paul Y Kim, McMaster University) "COVID-19 : Analyse complète des biomarqueurs pour la prédiction de l'évolution clinique et des résultats du traitement des patients (COVID-BEACONS)" (traduction libre – ressource en anglais seulement): Paul Y Kim, Université McMaster
- "Development of a Predictive Serologic Test for Cytopathogenic Autoantibodies in COVID-19 Patients" (Robert K. Rottapel, University Health Network) "Développement d'un test sérologique prédictif pour les auto-anticorps cytopathogènes chez les patients atteints de la COVID-19" (traduction libre – ressource en anglais seulement): Robert K. Rottapel, University Health Network

En outre, des études internationales ont été initiées (Brésil, Allemagne, Belgique, Malaisie, Chine, Inde, Espagne et Italie) qui portent sur les prédicteurs génétiques, cliniques, diagnostiques et sociodémographiques possibles des résultats et du pronostic de la COVID-19. Une étude systématique menée par le chercheur malaisien Yean Yean Chan intitulée Impact of mutational profile of SARS-CoV-2 on transmissibility and disease severity: A systematic review and meta-analysis: "Impact du profil mutationnel du SRAS-CoV-2 sur la transmissibilité et la gravité de la maladie: Une étude systématique et une méta-analyse" – (traduction libre – ressource en anglais seulement) cherche à répondre aux

questions sur l'existence d'associations entre les niveaux de charge virale et la transmissibilité et la gravité de la maladie.

Déclaration de conclusion: il existe des biomarqueurs et des comorbidités associés à de graves problèmes de santé chez les patients hospitalisés atteints de la COVID-19 et qui peuvent conduire à des admissions en soins intensifs. Cependant, il manque des données probantes de plus haut niveau (c'est-à-dire les données probantes provenant d'études systématiques, de méta-analyses ou d'études rapides) se concentrant sur les associations directes entre les biomarqueurs et l'admission en USI.

Quels sont les facteurs faisant que certaines personnes infectées se retrouvent ou non dans l'unité de soins intensifs? Existe-t-il des outils prédictifs ou des biomarqueurs? Combinaison de COVID-19 avec des comorbidités.

Ce qui suit présente les meilleures données probantes disponibles obtenues à partir d'une analyse rapide de la littérature publiée en utilisant des sources fiables en réponse à la question ci-dessus. Nous avons trouvé quatre méta-analyses, une revue systématique et quatre études originales uniques. En raison de la rapidité des délais, il est possible que nous ayons manqué des données probantes potentiellement pertinentes. Des liens vers les documents sources sont inclus. Les résumés succincts de chaque ressource énumérée ci-dessous donnent un aperçu des principaux résultats, généralement trouvés dans la section des résumés et des messages clés. Cette analyse n'inclut pas d'autres analyses ni d'intégration des résultats. Étant donné la rapidité de nos recherches et les documents retrouvés, ce résumé ne peut prétendre être exhaustif. Il est possible que nous ayons manqué des données probantes potentiellement pertinentes.

Tableau 1 : Références et brefs résumés

Type de donnée probante	Auteur	Ressource	Dernière mise à jour	Résumé
Méta-analyse	Lippi et al.	La thrombocytopénie est associée à des infections graves par la COVID-19 : Une méta-analyse	Juillet 2020	<ul style="list-style-type: none"> • Méthodes : les auteurs ont effectué une recherche électronique dans Medline, Scopus et Web of Science, puis ont procédé à une méta-analyse. • Cette étude a révélé un manque de marqueurs de laboratoire établis pour évaluer la gravité de la COVID-19. • Il a été déterminé que la numération plaquettaire était significativement plus faible chez les patients présentant une COVID-19 plus sévère et une numération plaquettaire encore plus faible a été observée avec la mortalité • Une faible numération plaquettaire est associée à un risque de maladie grave et de mortalité. En outre, elle peut servir d'indicateur clinique d'une aggravation de la maladie due à la COVID-19 pendant l'hospitalisation.

Méta-analyse	Malik et al.	Biomarqueurs et résultats des hospitalisations COVID-19 : revue systématique et méta-analyse	31 août 2020	<ul style="list-style-type: none"> • Méthodes : les auteurs ont effectué une revue systématique et une méta-analyse des études observationnelles. • Sur la base des résultats de 32 études différentes portant sur un total de 10 491 patients atteints de la COVID-19, une association significative a été constatée entre la gravité de la COVID-19 et la lymphopénie, la thrombocytopénie et les taux élevés de D-dimères, de CRP, de PCT et de LDH. • La détermination de ces biomarqueurs précoces pour la COVID-19 peut aider à la gestion et à l'identification des patients à haut risque atteints de la COVID-19.
Méta-analyse	Toraih et al.	Association de biomarqueurs cardiaques et comorbidités avec une augmentation de la mortalité, de la gravité et des lésions cardiaques chez les patients atteints de la COVID-19. Une analyse de méta-régression et d'arbre de décision	12 juin 2020	<ul style="list-style-type: none"> • Méthodes : les auteurs ont effectué une revue systématique et une méta-analyse des études rétrospectives, prospectives, observationnelles, descriptives ou cas-témoins publiées jusqu'au 8 mai 2020. • Cette étude visait à identifier l'association entre la gravité de la COVID-19 et les antécédents de maladies cardiovasculaires et / ou de comorbidités. • Une méta-analyse portant sur 17 794 patients a montré que les effets indésirables de COVID-19 étaient associés à des taux élevés de troponine I cardiaque et d'aspartate aminotransférase. • L'identification de biomarqueurs des lésions cardiaques chez les patients atteints de la COVID-19 pourrait aider à identifier les patients à haut risque et à améliorer les approches thérapeutiques.
Méta-analyse	Singh et al.	Prévalence des comorbidités et leur association avec la mortalité chez les patients atteints de la COVID-19 : Revue	23 juin 2020	<ul style="list-style-type: none"> • Méthodes : les auteurs ont effectué une revue systématique et une méta-analyse. • Méthodes : cette étude a évalué l'association entre les comorbidités et le risque de gravité et de mortalité de la COVID-19. Elle visait également à estimer la prévalence des comorbidités cardiométaboliques et autres chez les patients atteints de la COVID-19.

		systématique et méta-analyse		<ul style="list-style-type: none"> • Les comorbidités évaluées dans 18 études portant sur un total de 14 558 patients comprenaient l'hypertension, le diabète, les maladies cardiovasculaires, les maladies pulmonaires obstructives chroniques, les maladies rénales chroniques et le cancer. • La présence de diabète, d'hypertension, de maladie cardiovasculaire et de bronchopneumopathie chronique obstructive chez les patients atteints de la COVID-19 est associée à une multiplication par deux environ des symptômes graves de COVID-19 et de la mortalité.
Revue systématique	Kermali et al.	Le rôle des biomarqueurs dans le diagnostic de la COVID-19: Une revue systématique	Août 2020	<ul style="list-style-type: none"> • Méthodes : les auteurs ont procédé à une revue systématique de six bases de données différentes. • L'augmentation de la protéine C-réactive (CRP) et des D-dimères est fortement associée à une augmentation de la mortalité. • La diminution du nombre de plaquettes est fortement associée à la mortalité. • Les lymphocytes et le nombre de plaquettes étaient significativement plus bas chez les patients graves que chez les patients non graves. • Des recherches supplémentaires sont nécessaires pour déterminer comment les informations sur ces biomarqueurs peuvent aider les cliniciens à identifier les maladies graves plus rapidement.
Étude unique	Mei et al.	Développement et validation externe d'un algorithme de prédiction du risque de mortalité COVID-19 : une étude	23 novembre 2020	<ul style="list-style-type: none"> • Méthodes : étude de cohorte rétrospective multicentrique de patients adultes confirmés atteints de COVID-19. • Méthodes : cinq hôpitaux tertiaires désignés pour la COVID-19 dans la province de Hubei, en Chine. • Méthodes : les auteurs ont mené un modèle de régression logistique multivariée avec des variables prédictives pour prévoir

		de cohorte rétrospective multicentrique		<p>le risque individuel de mortalité à court terme après un diagnostic de la COVID-19, avec des prédicteurs d'âge, d'insuffisance respiratoire, du nombre de globules blancs, de lymphocytes, de plaquettes, de D-dimère et de lactate déshydrogénase.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Le modèle complet comprend l'âge, l'insuffisance respiratoire, le nombre de globules blancs, les lymphocytes, les plaquettes, le D-dimère et la lactate déshydrogénase, ainsi que deux termes d'interaction. • Le modèle simple comprend l'âge, l'insuffisance respiratoire, les maladies coronariennes, l'insuffisance rénale, l'insuffisance cardiaque et un terme d'interaction. • Dans le modèle complet, le risque accru de mortalité est associé à l'insuffisance respiratoire (RC 53 ; 95 % IC, 22 à 128). • Dans le modèle complet, l'âge, l'insuffisance respiratoire, le nombre de globules blancs, les lymphocytes, les plaquettes, le D-dimère et la lactate déshydrogénase sont les principaux déterminants de la mort après une infection par la COVID-19. • Les auteurs concluent que leurs modèles de prédiction peuvent être utiles pour identifier les patients atteints de la COVID-19 qui présentent un risque élevé de décès dans les 60 jours.
Étude unique	Zhao et al.	Modèle de prédiction et scores de risque d'admission en USI et de mortalité chez les patients atteints de la COVID-19	30 juillet 2020	<ul style="list-style-type: none"> • Méthodes : les auteurs ont mené une étude rétrospective en utilisant des données cliniques à l'admission à l'hôpital. • La lactate déshydrogénase, la procalcitonine, la saturation en oxygène par impulsion, les antécédents de tabagisme et le nombre de lymphocytes étaient des variables significatives prédisant l'admission en USI. • L'insuffisance cardiaque, la procalcitonine lactate déshydrogénase, les maladies pulmonaires obstructives chroniques, la saturation en oxygène par impulsion, la fréquence cardiaque et l'âge étaient des variables significatives prédisant la mort.

<p>Étude unique</p>	<p>Hernández et al.</p>	<p>Statut vitaminique D chez les patients hospitalisés atteints d'une infection par le SRAS-CoV-2</p>	<p>27 octobre 2020</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Méthodes : les auteurs ont mené une étude rétrospective cas-témoins. • Les patients atteints de la COVID-19 souffrant d'une carence en vitamine D présentaient une plus grande prévalence d'hypertension et de maladies cardiovasculaires, ainsi qu'un séjour hospitalier plus long. • Aucune relation de cause à effet n'a été identifiée entre la carence en vitamine D et la gravité de la COVID-19. • Les taux de vitamine D sont plus faibles et le niveau de carence plus élevé chez les patients hospitalisés atteints de la COVID-19 comparativement à des témoins représentatifs.
<p>Étude unique</p>	<p>Ayanian et al.</p>	<p>L'association entre les biomarqueurs et les résultats cliniques dans la pneumonie infectée par le nouveau coronavirus (COVID-19) dans une cohorte américaine</p>	<p>29 mai 2020</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Méthodes : Les auteurs ont mené une étude rétrospective sur les patients admis. • L'augmentation de l'IL-6, des D-dimères, de la ferritine, de la protéine C-réactive et de la lactate déshydrogénase s'est avérée statistiquement significative ; en outre, elle est associée à un risque plus élevé de détérioration clinique et de décès. • L'hypertension, les accidents vasculaires cérébraux et les maladies cardiaques ont augmenté le risque de devoir être soignés en USI, nécessitant une intubation et entraînant la mort. • L'insuffisance rénale chronique était associée à la mort.

Tableau 2 : Recherches à venir sur les facteurs et outils prédictifs associés à l'admission en USI

Auteur (institution/pays)	Titre	Résumé / description	Ressource
<p>Andrew, Melissa Kathryn ; Kelvin, Alyson Ann ; Kelvin, David J. ; Marshall, Jean Sylvia ; McNeil, Shelly Ann; Kozak, Robert Andrew ; McGeer, Allison Joan ; Mubareka, Samira (Université Dalhousie)</p>	<p>Identification of Biomarkers that Predict Severity of Infection in COVID-19 Patients Identification des biomarqueurs prédisant la gravité de l'infection chez les patients atteints de la COVID-19 (traduction libre – ressource en anglais seulement)</p>	<p>L'épidémie du nouveau coronavirus à Wuhan en Chine a infecté plus de 75 000 personnes et a causé près de 2 000 décès. L'engorgement des salles d'urgence, des hôpitaux et des services de soins intensifs constituent l'un des problèmes majeurs associés à cette épidémie. Dans le but de trouver un test permettant de déterminer rapidement qui doit être admis à l'hôpital et qui doit être placé en soins intensifs, nous avons entrepris une étude internationale visant à identifier un ensemble de biomarqueurs pouvant être utilisés pour aider les médecins urgentistes à décider si l'état d'un patient donné risque de devenir sévère. Nous avons mis sur pied une équipe internationale basée en Chine, au Vietnam, en Espagne, en Italie, au Mozambique, au Soudan, en Éthiopie, en Égypte, au Maroc, en Côte d'Ivoire et au Canada. Cette équipe examinera le sang périphérique des patients à la recherche de biomarqueurs prédisant l'évolution de la maladie comme étant légère ou sévère. Les résultats de cette étude serviront à fabriquer un dispositif pouvant être utilisé dans n'importe quelle situation et donnant rapidement des résultats permettant de prédire l'évolution des infections par le coronavirus.</p>	<p>Canadian Research Information System Système d'information sur la recherche au Canada</p>

<p>Douglas Lee, Harindra Wijeyesundera, Husam Abdel-Qadir, Peter Austin, Moira Kapral, Jeffrey Kwong, Peter Liu, Paula Rochon, Heather Ross, Louise Sun, Jacob Udell, Bo Wang. (Institut des sciences d'évaluation clinique, Université de Toronto)</p>	<p>Population-estimable frailty using “big data” to predict Covid-19 infection and illness severity, Institute of Clinical Evaluative Sciences Utilisation d'une estimation de la fragilité au sein de la population, calculée à l'aide de « données massives », pour prédire l'infection à la COVID-19 et la gravité de la maladie, Institut des sciences d'évaluation clinique (traduction libre – source en anglais seulement)</p>	<p>Les premières études ont indiqué que les personnes âgées sont à haut risque d'infection grave par la COVID-19, mais on ignore si la fragilité est un facteur de risque plus important que l'âge seul. Il est important que les personnes âgées sachent si elles courent un risque accru d'infection par la COVID-19, afin de prévenir les retards dans la recherche de soins médicaux lorsque les premiers symptômes apparaissent. Dans cette étude, nous déterminerons si la fragilité est un prédicteur important de l'infection par la COVID-19 et de ses conséquences néfastes en utilisant des méthodes basées sur des « données massives » et l'intelligence artificielle. Nous déterminerons également si les patients fragilisés ont été davantage touchés en raison des restrictions de soins imposées à la population en réponse à la pandémie. Pendant les deux ans que durera ce projet, notre équipe de chercheurs étudiera les données sanitaires sur la population de tous les résidents de l'Ontario et déterminera le statut de fragilité de toutes les personnes dans la province. Nous analyserons les données des tests pour la COVID-19 qui sont actuellement collectées et mises à la disposition de l'équipe de recherche, en lien avec les données sur l'hospitalisation et l'état civil disponibles à l'ISÉC. Nous collaborerons avec les chercheurs en intelligence artificielle de l'Institut Vector afin de déterminer si la fragilité et les autres épiphénomènes associés sont également associés à l'infection par la COVID-19 et aux résultats pour la santé. Nous comparerons l'accès aux soins</p>	<p>Réseau canadien de soins aux personnes fragilisées</p>
---	---	---	---

		<p>virtuels et ambulatoires des personnes fragilisées pendant la pandémie de la COVID-19 à l'aide d'analyses statistiques et temporelles sophistiquées. Les connaissances ainsi acquises sont importantes car nous devons être mieux à même d'identifier les personnes à haut risque pendant la première vague de COVID-19 ainsi que les vagues suivantes. Si la fragilité est un prédicteur, elle peut orienter les stratégies éducatives et préventives visant à protéger les personnes vulnérables.</p>	
<p>Rahimi, Samira (Université McGill)</p>	<p>AI-empowered Real-time COVID-19 Symptom Monitoring and Prediction among Senior Residents "Surveillance et prédiction des symptômes de la COVID-19 en temps réel, grâce à l'IA, chez les résidents âgés" (traduction libre – source en anglais seulement)</p>	<p>Les foyers de soins de longue durée (SLD) sont touchés de manière disproportionnée par la COVID-19. Ce projet mettra en œuvre une technologie de surveillance à distance éprouvée, dotée d'intelligence artificielle, afin de suivre, surveiller et prévoir les symptômes chez les résidents âgés. La détection et la prédiction des changements asymptomatiques faciliteront l'isolement rapide et pourront sauver des milliers de vies. La technologie avertira les prestataires dès lors que des symptômes de la COVID-19 seront identifiés/prévus,</p>	<p>Roche Canada</p>

		<p>permettant ainsi de surveiller toute décompensation. Ce projet permettra de surveiller 60 personnes âgées dans deux foyers de soins de longue durée (à Toronto et Montréal), puis de s'étendre à l'ensemble des foyers de soins de longue durée. Il vise à protéger le personnel des foyers de soins de longue durée et les résidents fragiles contre l'exposition à la COVID-19 en permettant une surveillance à distance.</p>	
<p>Hirota, Jeremy (Université McMaster)</p>	<p>An Optimized COVID-19 Diagnostic Test Incorporating Host Responses for Predicting Disease Course and Healthcare Needs Un test de diagnostic pour la COVID-19 optimisé intégrant les réponses de l'hôte pour prédire l'évolution de la maladie et les besoins en matière de soins de santé" (traduction libre – source en anglais seulement)</p>	<p>La compréhension des réponses immunitaires de l'hôte à l'infection par le SRAS-CoV-2 peut fournir des indicateurs de pronostic utiles en vue d'optimiser la prestation des soins de santé au moment du prélèvement initial d'un écouvillon nasal lors du diagnostic pour la COVID-19. Les écouvillons nasaux sont collectés lors du diagnostic clinique pour la COVID-19 : ceci représente une opportunité de recherche visant à exploiter les acides nucléiques restants pour le profilage transcriptomique de l'hôte et d'établir la corrélation avec les résultats cliniques. L'objectif de cette étude est de corréler les profils transcriptomiques de l'hôte à partir des écouvillons nasaux des cas COVID-19 +ve et -ve avec les résultats cliniques afin de générer des algorithmes pour prédire la morbidité/mortalité des patients et l'utilisation des soins de santé, dans le but d'optimiser les tests de diagnostic pour la COVID-19, en intégrant les réponses.</p>	<p>Roche Canada</p>

<p>Andany, Nisha ; Chan, Adrienne ; Daneman, Nick ; Falk, Tiago H ; Gershon, Andrea Sara ; Lam, Philip Wai-Hei ; Masood, Sameer ; Rudzicz, Frank ; Simor, Andrew Eugene ; To, Teresa ; Wu, Robert ; de Lara, Eyal. (Institut de recherche Sunnybrook)</p>	<p>CovidFree@Home: Development and validation of a multivariable prediction model of deterioration in patients diagnosed with COVID-19 who are managing at home CovidFree@Home : Développement et validation d'un modèle de prédiction multivariable de la détérioration chez les patients diagnostiqués avec COVID-19 se prenant en charge à domicile (traduction libre – ressource en anglais seulement)</p>	<p>L'on prévoit que des millions de Canadiens seront infectés par la COVID-19 au cours de cette pandémie et que beaucoup d'autres contracteront la maladie lors d'une transmission communautaire continue et/ou d'une éventuelle deuxième vague. La majorité des personnes dont le test de dépistage pour la COVID-19 est positif sont renvoyées chez elles pour s'y isoler. Dans cette population, la détérioration de la maladie peut survenir rapidement et sans avertissement. Actuellement, nous ne pouvons prévoir avec précision les quelque 20 % de personnes dont l'état se détériore et qui doivent en conséquence être hospitalisées. D'après les discussions entretenues auprès de nos patients et notre conseiller patient, nous savons que les personnes qui s'isolent chez elles se sentent terrifiées et seules. Il nous faut développer une stratégie de recherche et de soins ambulatoires efficace et sûre pour les personnes atteintes de la COVID-19 qui s'isolent chez elles. Nous sommes une équipe de travailleurs de la santé, de patients, de chercheurs et d'informaticiens (WearCOPD.ca ; Can-BREATHE.ca) ayant cinq ans d'expérience dans le développement et l'utilisation de systèmes de surveillance à distance des maladies respiratoires. Nous avons déjà mis au point une application pour téléphone intelligent afin de faciliter les soins des personnes atteintes de la COVID-19 à domicile – application qui leur permet de signaler leurs symptômes directement à leur médecin. Grâce à ce projet, nous allons étendre notre système</p>	<p>Canadian Research Information System Système d'information sur la recherche au Canada</p>
---	---	--	---

		<p>pour y inclure également la surveillance continue, basée sur la smartwatch (montre bracelet informatisée), du rythme cardiaque, de la fréquence respiratoire, de la toux, de la parole et d'autres paramètres. Les données des capteurs nous fourniront de grands volumes de données objectives et nous permettront d'établir des modèles précis d'apprentissage machine en temps réel pour prédire qui doit se présenter à l'hôpital. Nous intégrerons ces modèles dans un tableau de bord qui avertira les cliniciens de l'aggravation de l'état de tout patient dans cette zone, afin que de tels patients puissent être appelés à l'hôpital. Les patients peuvent être rassurés sur le fait qu'ils sont suivis de près, même s'ils restent chez eux. Notre système fournira également une plate-forme pour la poursuite des recherches sur la manière de prévenir les séquelles à long terme et de préserver la santé des personnes atteintes de la COVID-19 qui ne nécessitent pas d'hospitalisation.</p>	
<p>Matthew Cheng, Erwin Schurr, Guillaume Bourque (McGill University)</p>	<p>Genomic biomarkers to predict outcome and treatment response in hospitalized COVID-19 patients Biomarqueurs génomiques pour prédire les résultats et la réponse au traitement chez les patients de la COVID-19 hospitalisés (traduction libre – ressource en anglais seulement)</p>		<p>McGill University Faculty of Medicine and Health Sciences Website Site de la faculté de médecine et des sciences de la santé de l'université McGill</p>

<p>Kim, Paul Y ; Yeh, Calvin H; Fox-Robichaud, Alison Elizabeth ; Gross, Peter Lawrence ; Karkouti, Keyvan ; Kretz, Colin Andrew ; Liaw, Patricia C.Y. ; Mccluskey, Stuart Andrew ; Trigatti, Bernardo Louis ; Weitz, Jeffrey I. ; Werstuck, Geoffrey Hamilton. (Université McMaster)</p>	<p>COVID-19: Comprehensive biomarker analysis for prediction of clinical course and patient treatment outcomes (COVID-BEACONS) COVID-19 : Analyse complète des biomarqueurs pour la prédiction de l'évolution clinique et des résultats du traitement des patients (COVID-BEACONS) (traduction libre – ressource en anglais seulement)</p>	<p>La pandémie de la COVID-19 a fait des ravages partout au monde. Au Canada seulement, on compte plus de 60 000 cas confirmés et plus de 5 000 décès. Malgré l'impact mondial de cette maladie, il n'existe pas de traitements spécifiques. Alors que la plupart des patients présentent des symptômes légers ou n'en présentent aucun, un nombre important de patients sont gravement malades, ou décèdent des suites de cette maladie. Nous ne savons pas ce qui provoque la mort de certains patients. La mise au point d'un test permettant d'identifier les patients présentant un risque élevé d'une forme grave de cette maladie contribuerait à sauver des vies. Les premiers rapports cliniques ont noté que les patients atteints de la COVID-19 ont un risque élevé de développer des caillots sanguins dans le corps, y compris dans le cerveau et les poumons, ce qui laisse entrevoir la façon dont le coronavirus rend les gens malades. Nous croyons que la forme grave est probablement causée par une réponse immunitaire sévère à l'exposition au coronavirus SRAS-CoV-2. Cette réponse inappropriée conduit à un cercle vicieux de dommages aux vaisseaux sanguins. Par conséquent, mesurer quand et comment les problèmes de coagulation se développent pourrait nous permettre d'apprendre comment la forme grave de la COVID-19 évolue, de trouver de nouvelles cibles de traitement et d'identifier les patients devant être traités plus tôt pour prévenir la progression. Pour y parvenir, nous avons mis en place une collaboration entre les plus grands réseaux d'hôpitaux</p>	<p>Canada Research Information System Système d'information sur la recherche au Canada</p>
---	--	--	--

		<p>de soins intensifs du Canada et l'Institut de recherche sur la thrombose et l'athérosclérose à l'Université McMaster (TaARI), le plus grand des établissements canadiens consacrés à l'étude de l'inflammation et aux maladies de la coagulation sanguine. Nous mesurerons les biomarqueurs des voies biologiques contrôlant l'inflammation, l'intégrité des vaisseaux sanguins, la coagulation du sang et la dégradation des caillots sanguins. Nous identifierons ensuite les marqueurs pouvant prédire la progression de la maladie. En établissant quelles voies sont perturbées au cours du développement de la forme grave de la COVID-19, nous pourrions peut-être identifier plus tôt les patients nécessitant une thérapie agressive.</p>	
--	--	---	--

<p>Rottapel, Robert K. (University Health Network)</p>	<p>Development of a Predictive Serologic Test for Cytopathogenic Autoantibodies in COVID-19 Patients Développement d'un test sérologique prédictif pour les auto-anticorps cytopathogènes chez les patients atteints de la COVID-19 (traduction libre – ressource en anglais seulement)</p>	<p>Les patients infectés par le virus du SRAS-COV2 présentent de grandes variations dans leur état clinique. La plupart des patients sont asymptomatiques ou présentent des symptômes bénins, tandis qu'une petite fraction d'individus développe des lésions dévastatrices des organes, avec des conséquences fatales. À l'heure actuelle, nous n'avons que peu d'informations sur les facteurs contribuant à ces résultats cliniques tout à fait différents. Ce projet vise à mettre au point un test permettant de prédire les patients susceptibles de développer de mauvais résultats en mesurant l'émergence d'anticorps qui sont destructeurs pour les tissus. Ces anticorps "destructeurs" sont appelés auto-anticorps. Normalement, notre système immunitaire produit des anticorps qui nous protègent contre les infections virales et bactériennes. Nous présentons des données préliminaires provenant d'une petite cohorte de patients atteints de la COVID-19 qui démontrent la présence d'auto-anticorps chez pas moins de 40% des patients infectés. Dans certains cas, ces auto-anticorps sont présents à des concentrations élevées. Nous mesurerons la présence d'auto-anticorps de manière prospective dans une cohorte de 150 patients qui réagissent contre les cellules pulmonaires, les cellules des vaisseaux sanguins et les cellules cardiaques humaines. La présence de ces auto-anticorps sera ensuite corrélée avec l'évolution clinique des patients infectés par la COVID-19. Nous utiliserons des méthodes de</p>	<p>Canada Research Information System Système d'information sur la recherche au Canada</p>
--	---	--	--

		<p>spectroscopie de masse éprouvées pour identifier les protéines des cellules humaines qui sont reconnues par ces auto-anticorps. Nous déterminerons si les auto-anticorps purifiés des patients provoquent des lésions cellulaires ou la mort. Enfin, nous produirons chez les souris des anticorps dirigés contre les protéines reconnues par les auto-anticorps associés à la COVID-19 et nous déterminerons si elles causent des lésions aux poumons, au cœur ou aux vaisseaux sanguins chez les animaux. Ces efforts nous permettront de développer un test pour identifier l'émergence d'auto-anticorps chez les patients COVID-19 qui aidera à la stratification et à l'application de thérapies antivirales pour les patients dont on prévoit qu'ils auront des résultats défavorables.</p>	
--	--	--	--

<p>Zhufeng Wang, Mei Jiang, Hongsheng Deng, Changxing Ou, Jingyi Liang, Yingzhi Wang (Chine)</p>	<p>Clinical symptoms, comorbidities and complications features in severe and non-severe patients with COVID-19: a systematic review and meta-analysis without cases duplication Symptômes cliniques, comorbidités et complications caractéristiques dans les cas graves et non graves de patients atteints de la COVID-19 : une revue systématique et une méta-analyse sans duplication des cas (traduction libre – ressource en anglais seulement)</p>	<p>Quelles sont les comorbidités, les symptômes cliniques et les complications chez les patients atteints des formes grave et non grave de la COVID-19 ?</p>	<p>PROSPERO</p>
--	--	--	---------------------------------

<p>Renan Souza, Diego Bonfim, João de Araújo, Renato de Aguiar (Brésil)</p>	<p>Host genetic variants associated with COVID-19 prognosis: a systematic review and metaanalysis Variantes génétiques de l'hôte associées au pronostic COVID-19 : une revue systématique et une méta-analyse (traduction libre – ressource en anglais seulement)</p>	<p>Quelles sont les variantes génétiques de l'hôte associées au pronostic de la COVID-19 ?</p>	<p>PROSPERO</p>
---	---	--	---------------------------------

<p>Caterina Monti, Davide Capra, Massimo Cressoni, Simone Schiaffino, Isabella Castiglioni, Francesco Sardanelli (Italie)</p>	<p>Applications of artificial intelligence on chest x-ray for outcome prediction in COVID-19 patients Applications de l'intelligence artificielle au service de la radiographie pulmonaire pour la prédiction des résultats chez les patients atteints de la COVID-19 (traduction libre – ressource en anglais seulement)</p>	<p>P (Population) : Patients atteints de la COVID-19 I (Intervention) : Application de l'intelligence artificielle au service de l'analyse de la radiographie pulmonaire C (Comparateur) : Non applicable O (Outcome) : Prédiction du résultat clinique</p>	<p>PROSPERO</p>
---	--	--	---------------------------------

<p>Karanvir Kaushal, Manpreet Kaur, Subodh Kumar, Ajay Prakash (Inde)</p>	<p>Serum Ferritin as a predictor of occurrence, disease severity and clinical outcome in COVID-19. A systematic review, meta-analysis and meta-regression of observational studies La ferritine sérique comme prédicteur de l'apparition, de la gravité et de l'évolution clinique de la maladie chez les patients atteints de la COVID-19. Une revue systématique, une méta-analyse et une méta-régression des études observationnelles (traduction libre – ressource en anglais seulement)</p>	<p>Comment les niveaux de ferritine sérique sont-ils associés à la gravité de la COVID-19 et aux résultats cliniques chez les patients atteints de cette maladie ?</p>	<p>PROSPERO</p>
---	--	--	---------------------------------

<p>Esteban Obrero-Gaitan, Rafael Lomas-Vega, Irene Cortés-Pérez (Espagne)</p>	<p>An overview of systematic reviews about sociodemographic factors and comorbidities that predict the severity and mortality from COVID-19 Un aperçu des études systématiques sur les facteurs sociodémographiques et les comorbidités permettant de prévoir la gravité de la COVID-19 et la mortalité causée par cette maladie (traduction libre – ressource en anglais seulement)</p>	<p>Quels sont les facteurs sociodémographiques et de comorbidité qui augmentent l'impact de la maladie et le risque de décès chez les patients atteints de la COVID-19 ?</p>	<p>PROSPERO</p>
---	--	--	---------------------------------

<p>Claudia Denking, Stephan Katzenschlager, Claudius Gottschalk, Juergen Grafeneder, Markus Weigand, Lena Maier-Hein, Alex Seitel (Allemagne)</p>	<p>A systematic review of the clinical and laboratory indicators that predict hospitalisation, intensive care admission, intubation and mortality in patients with COVID-19 disease Une revue systématique des indicateurs cliniques et de laboratoire permettant de prédire l'hospitalisation, l'admission en soins intensifs, l'intubation et la mortalité chez les patients atteints de la COVID-19 (traduction libre – ressource en anglais seulement)</p>	<p>Quels sont les indicateurs cliniques et de laboratoire permettant de prédire l'hospitalisation, l'admission en soins intensifs, l'intubation et la mortalité chez les patients atteints de la COVID-19 ?</p>	<p>PROSPERO</p>
---	---	---	---------------------------------

<p>Jessica Da Silva Campos, Jessica Barletto de Sousa Barros (Brésil)</p>	<p>Genetic polymorphisms associated with worse progression of COVID-19 in diabetes mellitus patients: systematic review and meta-analysis Polymorphismes génétiques associés à une aggravation de la progression de la COVID-19 chez les patients atteints de diabète mellitus : revue systématique et méta-analyse (traduction libre – ressource en anglais seulement)</p>	<p>Quels sont les polymorphismes génétiques associés au pire résultat de la COVID-19 chez les patients atteints de diabète mellitus?</p>	<p>PROSPERO</p>
---	---	--	---------------------------------

<p>Andrea Cozzi, Marco Ali, Massimo Cressoni, Simone Schiaffino, Isabella Castiglioni, Francesco Sardanelli (Italie)</p>	<p>Applications of artificial intelligence on computed tomography for outcome prediction in COVID-19 patients Application de l'intelligence artificielle au service de l'imagerie de la tomographie informatisée pour la prédiction des résultats chez les patients atteints de la COVID-19 (traduction libre – ressource en anglais seulement)</p>	<p>P (Population) : Patients atteints de la COVID-19 I (Intervention): Application de l'intelligence artificielle au service de l'analyse d'imagerie de la tomographie informatisée C (Comparateur) : Non applicable O (Résultat) : Prédiction du résultat clinique</p>	<p>PROSPERO</p>
--	--	--	---------------------------------

<p>Charlotte Beudart, Anh Nguyet Diep, Médéa Locquet, Christian Brabant (Belgique)</p>	<p>Prediction models for the diagnosis of COVID-19 in hospital setting: a systematic review Modèles de prédiction pour le diagnostic de COVID-19 en milieu hospitalier : une revue systématique</p>	<p>"Quel est l'ensemble des modèles de diagnostic publiés dans la littérature scientifique visant à prédire la positivité ou non de la COVID-19 en milieu hospitalier, et comment ces modèles se comportent-ils lorsqu'on les compare directement, quel est le modèle de diagnostic optimal" ?</p>	<p>PROSPERO</p>
--	---	--	---------------------------------

<p>Yean Yean Chan, Zaidah Abdul Rahman, Azian Harun, Engku Nur Syafirah Engku Abd Rahman, Yusuf Wada, Muhammad Fazli Khalid, Nur Fadhlina Musa, Rosline Hassan, Wardah Yusof, Ahmad Adebayo Irekeola (Malaisie)</p>	<p>Impact of mutational profile of SARS-CoV-2 on transmissibility and disease severity: A systematic review and meta-analysis Impact du profil mutationnel du SRAS-CoV-2 sur la transmissibilité et la gravité de la maladie : Une revue systématique et une méta-analyse (traduction libre – ressource en anglais seulement)</p>	<p>- Comment les mutations globales du SRAS-CoV-2 ont-elles un impact dynamique sur les propriétés de transmission ou les caractéristiques de superpropagation et la gravité de la maladie COVID-19 ? - Quelles sont les mutations se produisant dans le cadre du SRAS-CoV-2 et quelle est leur prévalence ? Questions secondaires : - Existe-t-il un lien entre les points de mutation et la gravité de la maladie ? - Existe-t-il un lien entre les niveaux de charge virale et la transmissibilité ?</p>	<p>PROSPERO</p>
---	---	---	---------------------------------