

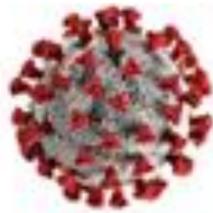


Ifremer Intérêt des essais interlaboratoires dans la validation d'un indicateur national de suivi épidémiologique de l'épidémie de SARS-CoV-2 par les eaux usées (en France)

Pascal GARRY¹ (pascal.garry@ifremer.fr), Joanna OLLIVIER¹, Julien SHAEFFER¹, Sarah JOUSSE¹, CCOS-OBEPINE², Soizick F. LE GUYADER^{1,2}.
¹IFREMER, Laboratoire Santé Environnement et Microbiologie (RBE/SG2M/LSEM), Nantes
²Comité de Coordination et d'Orientation Scientifique de l'Observatoire Épidémiologique des Eaux Usées (ccos@reseau-obepine.com)

Contexte

Le SARS-CoV2 se multiplie dans les voies respiratoires mais se retrouve également dans le tube digestif et les selles des personnes infectées. Le suivi de la concentration du virus dans les eaux brutes de stations d'épuration est un bon indicateur de sa circulation dans la population. Cette surveillance est assurée par le réseau OBEPINE qui s'appuie sur différents laboratoires d'analyse auxquels il a été fourni des protocoles standardisés.



Objectifs

L'objectif de cet EIL était de s'assurer que les laboratoires, produisant des données dans le cadre du suivi OBEPINE de la contamination des eaux de STEP par le virus SARS-COV-2, étaient en mesure de produire des résultats justes et répétables.

Matériels et Méthodes

Cinq échantillons d'eau usée identiques et naturellement contaminés par du SARS-CoV-2 ont été envoyés aux laboratoires participants, ainsi qu'un sixième non contaminé afin de vérifier la spécificité des méthodes appliquées.

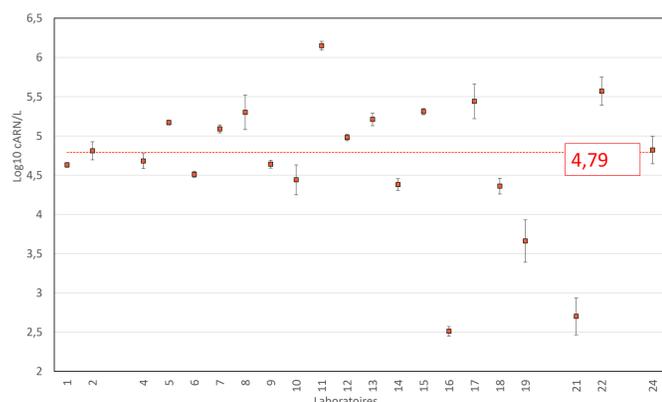
Les protocoles de concentration du virus étaient majoritairement basés sur ceux recommandés par OBEPINE.

La détection du virus SARS-CoV a été réalisée par RT-qPCR avec pour séquences cibles le gène RdRp IP4, le gène CoV E

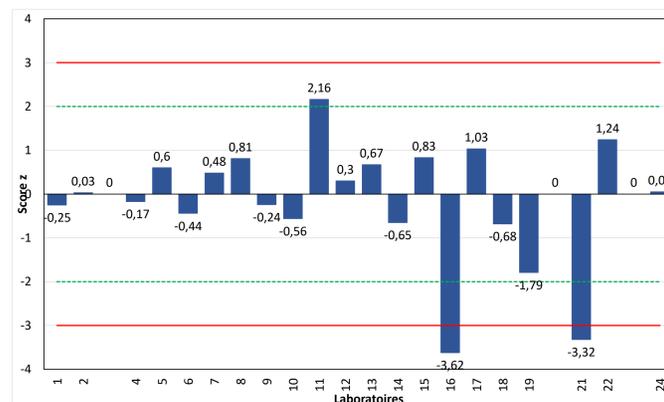
Chacun des laboratoires a été évalué selon deux paramètres : la fidélité et la justesse respectivement évaluées par la statistique k de Mendel et le score Z, selon la norme NF ISO 5725-2. La valeur de référence ou valeur assignée a été calculée pour chacun des gènes à partir de l'ensemble des résultats obtenus par les laboratoires

Résultats

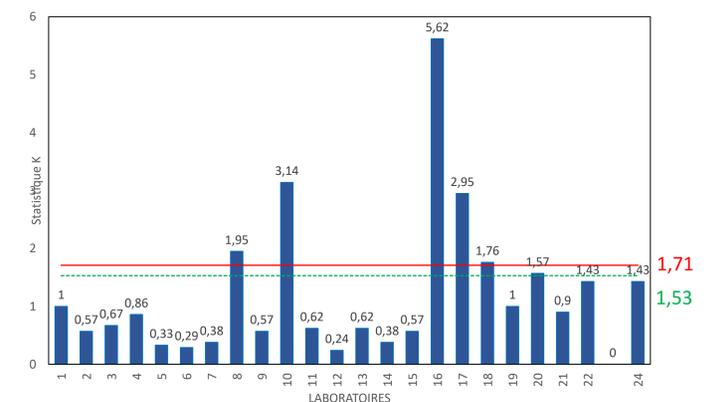
Les 23 laboratoires participant à cet essai ont analysé les échantillons dans un délai de 5 jours, délai pour lequel la stabilité et l'homogénéité des échantillons a été vérifiée. Un seul laboratoire a détecté du virus dans l'échantillon négatif.



Moyennes et écarts-types de la concentration en gène IP4 en unité \log_{10} (cRNA/L) pour chaque laboratoire (X = 4,79 : valeur assignée).



Performance des laboratoires pour la justesse des résultats pour le gène IP4 | z | ≤ 2 : Satisfaisante ; 2 < | z | ≤ 3 : Discutable ; | z | > 3 : Non satisfaisante



Performance des laboratoires pour la fidélité des résultats pour le gène CoV E k ≤ 1,53 : satisfaisante ; 1,52 < k ≤ 1,71 : discutable ; k > 1,71 : non satisfaisante

- Les valeurs assignées sont de 4,79 Log cARN/L pour le gène IP4 et 4,67 cARN/L pour le gène CoV E.
- Valeurs moyennes obtenues par les laboratoires sont comprises entre 2,7 et 5,57 Log cARN/L pour le gène IP4 et entre 2,47 et 5,32 Log₁₀ cARN/L pour le gène CoV E.

- Pour le gène IP4 deux laboratoires ont été jugés non satisfaisants et un laboratoire discutable pour la justesse.
- Pour le gène CoV E un laboratoire a été jugé non satisfaisant pour la justesse.

- Pour le gène IP4 six laboratoires ont été jugés non satisfaisants et un laboratoire discutable pour la fidélité.
- Pour le gène CoV E cinq laboratoires ont été jugés non satisfaisants et un laboratoire discutable pour la fidélité.

Discussion et conclusion

- Les résultats non satisfaisants sont essentiellement liés à un problème de fidélité (dispersion importante des valeurs obtenues par le laboratoire pour un même échantillon).
- Un travail pour identifier et comprendre l'origine des différences entre laboratoires a été initié.
- L'amélioration de la performance des laboratoires passe également par la standardisation de la méthode (normalisation)