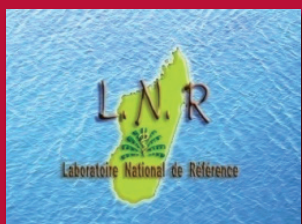


Étude virologique chez des sujets VIH-1 suivis à Madagascar

F Lamontagne¹, S Andriantsimetry², ML Chaix³, JP Viard⁴, M Randria⁵, J Nely⁶, S Randriamampionona⁷, C Aguilar¹, S Royer¹, C Pizzocolo⁸, LR Razanakolona², C Rouzioux³

1. ONG Solthis - MADAGASCAR ; 2. Laboratoire National de Référence, Antananarivo – MADAGASCAR ; 3. Service de Bactériologie – Virologie CHU Necker / Université Descartes, Paris – FRANCE ; 4. Service des Maladies Infectieuses et Tropicales CHU Necker / Université Descartes, Paris – FRANCE ; 5. Service des maladies infectieuses, CHU Befelatanana, Antananarivo – MADAGASCAR ; 6. Service de médecine interne, CHRR Antsiranana, MADAGASCAR ; 7. Hôpital Salfa, Morondava – MADAGASCAR ; 8. ONG Solthis Paris – FRANCE



Contexte

Faible prévalence du VIH, géographiquement inhomogène en « peau de léopard »
Groupes vulnérables mal déterminés
Dynamique de l'épidémie pas suffisamment connue

Objectifs

Décrire la réponse aux traitements par ARV chez des sujets malgaches infectés par le VIH-1 et pris en charge à Antsiranana, Antananarivo et Morondava.
Décrire la spécificité de la diversité génétique des VIH-1 à Madagascar.

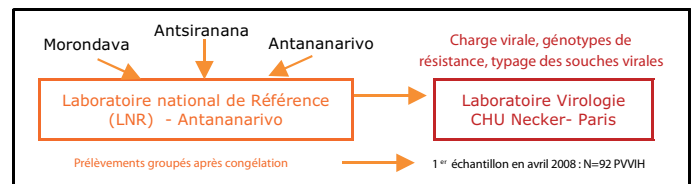
Méthodes

Partenariat Solthis - LNR de Madagascar

Étude réalisée entre janvier et mars 2008.

Constitution d'une plasmathèque au LNR - Antananarivo (patients de la Province Nord, régions de Menabe et d'Analamanga)

- Quantification de l'ARN VIH-1 plasmatique (Technique ANRS par RT-PCR au seuil de 100 copies/mL)
- Séquençage de la transcriptase inverse et de la protéase virale
- Caractérisation phylogénétique des sous-types viraux.



Résultats

Analyse sur 90 prélèvements, correspondant à 88 patients

54 (61%) sous ARV: 2INTI+1INNTI = 28 2NRTI+IP = 26

Caractéristiques des patients sous ARV

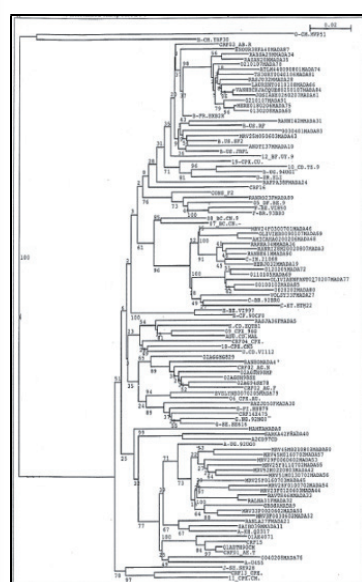
	Tana	Nord	Menabe	TOTAL
Patients sous ARV	27	17	10	54
Patients en 1 ^{ère} ligne	82%	50%	73%	70%
Durée médiane ARV (mois)	15	10.5	5	12
Indélectabilité à >M6	85%	62%	100%	81%

Profils de résistances

Mutations	Naïfs (n=6)	ARV < M6 (n=6)	ARV > M6 (n=7)
184V	-	-	2
K103N	-	1	2
215D	1	1	1
210W, 215D	4	3	1
210W, 215D, D30N	1	1	-
41L, 67N, 210R, 215F, 184V	-	-	1

→ R primaires ?

Sous-types viraux



Sous-types identifiés

B : 18 (30%)
A1 : 22 (38%)
C : 14 (24%)
A2, CRF02, CRF06, F, 2G et 2 indéterminés non B

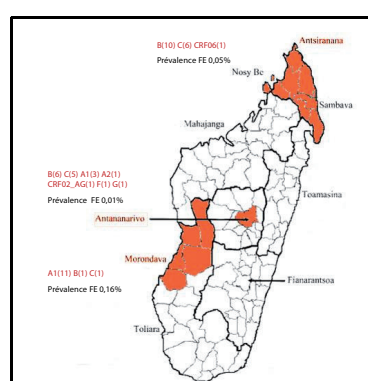
Grande diversité génétique

8 sous-types sur 58 souches

→ Transmission faible ?

→ Epidémie débutante ?

Répartition des sous-types viraux



Diversité des sous-types selon les régions et les groupes vulnérables

Moindre à Morondava (85% souches A1) et à Diego (59% B, 32% C) qu'à Antananarivo:

→ correspondance avec les prévalences chez les femmes enceintes

Homogénéité chez les MSM

→ Variations d'«activité» ou d'ancienneté de l'épidémie ?

Groupe	N	Sous-type B
MSM	9	9 (100%)
TDS	4	2 (50%)
Autre/inconnu	35	6 (17%)
TOTAL	48	17 (35%)

Conclusions

- La grande diversité génétique est en adéquation avec les contacts de différentes origines: Afrique de l'Ouest (CRF02), de l'Est (A), CRF06, du Sud (C) - Inde (virus C), Asie (CRF01) - Europe (virus B)
- L'épidémie semble stable et modérée; il n'y a pas de virus dominant.
- Des groupes de virus (clusters) montrent des chaînes de transmission.
- Des virus résistants circulent: la fréquence de virus résistants chez des sujets non traités (R primaire) = reflet d'infections récentes.

www.solthis.org



Contact

Dr Franck LAMONTAGNE
Coordinateur Médical,
Solthis MADAGASCAR
franck.lamontagne@solthis.org

Solthis France

contact@solthis.org

