



# Dynamique de l'épidémie à VIH-1 et réseaux de transmission parmi les infections très récentes, France, 2012 – 2014

J CAPSEC, D BRAND, A CHAILLON, S LE VU, A MOREAU, F CAZEIN, J PILLONEL, L GRAMMATICO-GUILLON, F LOT, F BARIN

- Problème majeur de santé publique
- Comprendre les réseaux de transmission du VIH entre individus pourrait être important pour la mise en place de mesures de santé publique
- Hypothèse : Identification des variants VIH à un stade précoce de l'infection pourrait permettre de décrire la dynamique spatio-temporelle des virus circulants

# Systeme de surveillance du VIH

- Surveillance VIH basée sur plusieurs systemes anonymisés :
  - Notification obligatoire des diagnostics d'infection VIH
  - Surveillance virologique du VIH par le CNR
  - Notification obligatoire des cas de SIDA
  - Surveillance de l'activité de dépistage VIH

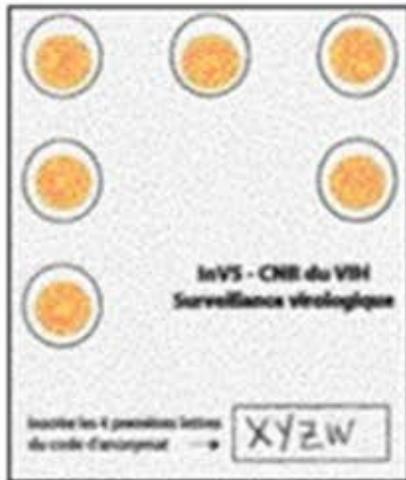
Laboratoire  
(code anonyme)

Clinicien  
(code anonyme)

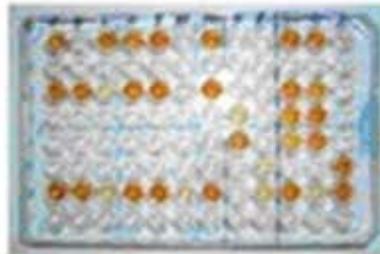
Données cliniques,  
épidémiologiques, et socio-  
démographiques

CNR

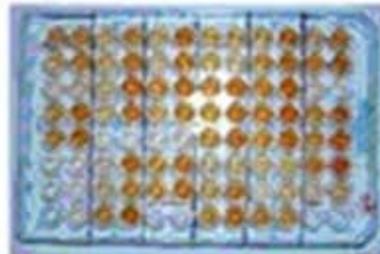
VIH-2  
VIH-1<sub>0</sub>



Type  
Groupe  
Sous-type



EIA-RI



# Objectif

Caractériser les infections très récentes à VIH-1 (< 1 mois), entre 2012 et 2014 en France, en utilisant les données de la DO et de la surveillance virologique du CNR

# Méthodes : sélection de la population

- Sélection à partir des échantillons de sérum sur buvards reçus au CNR VIH entre 2012 – 2014
- Infections très récentes séquencées incluses
  - Test infections récentes (<6 mois)
  - Test infections très récentes (<1 mois)
    - Utilisation d'un seuil spécifique (Le Vu et al, Lancet Infect Dis 2010)

# Données collectées & analyses statistiques

- **Utilisation de la base nationale de la DO (InVS) :**
  - Variables collectées : sociodémographiques / cliniques / biologiques
- **Analyses descriptives**
- **Analyses phylogénétiques**
  - Méthodes des distances évolutives : comparaison des séquences nucléotidiques 2 à 2
  - Identification des réseaux de transmission (clusters)
  - Appartenance au même cluster si différence entre séquences < 1,5%
- **Régression logistique multiple**
  - Facteurs associés à l'inclusion dans un cluster

Buvards reçus au CNR entre  
2012-2014 (n=17 010)

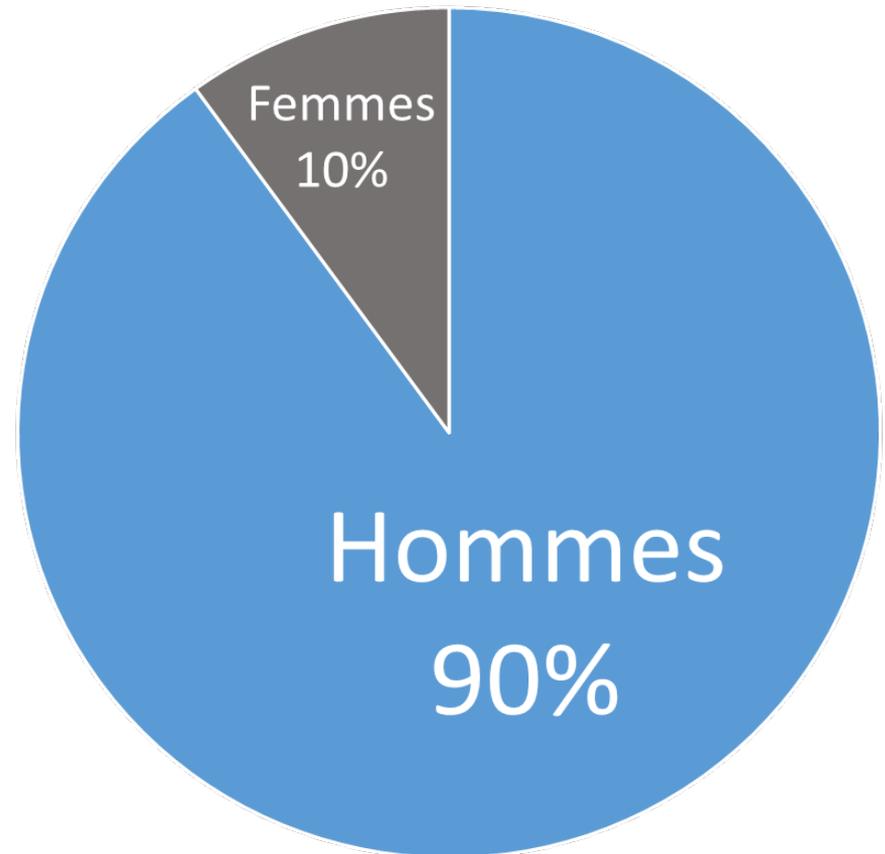
Infections très récentes  
(n=1868 ; 11%)

Infections très récentes  
génotypées (n=723 ; 39%)

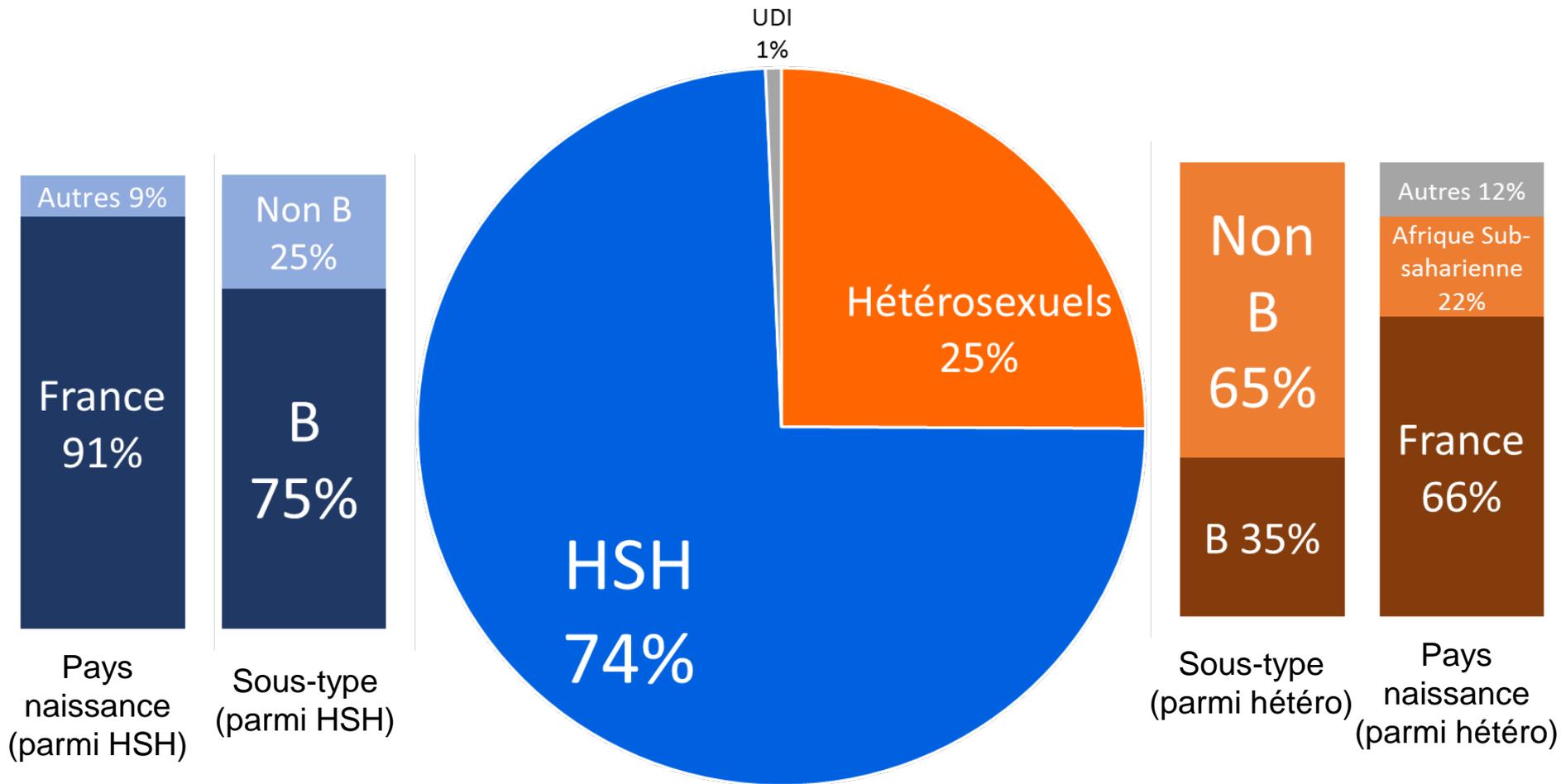
Exclus (n=174) :

- Doublons (n=62)
- SIDA (n=6)
- Refus surveillance (n=15)
- Problème chaînage / informations manquantes (n=91)

Population finale incluse  
(n=549 ; 76%)

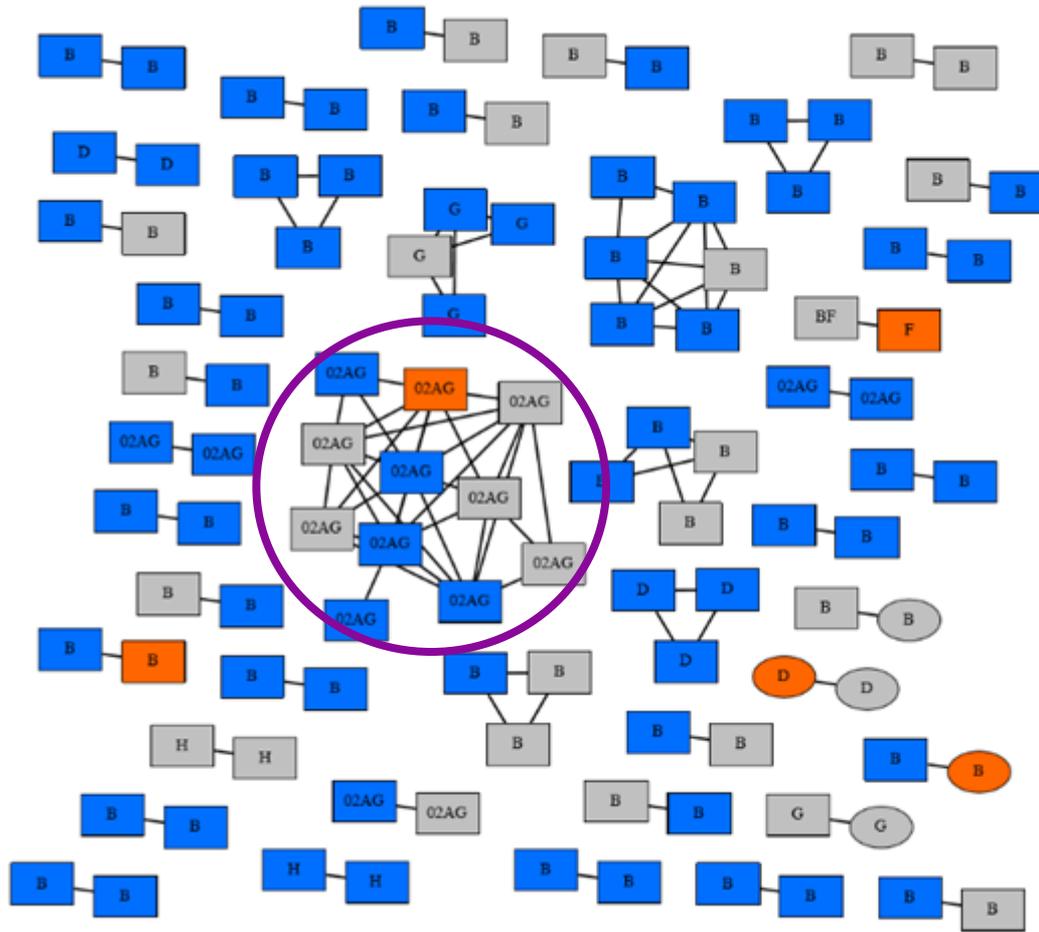


# Mode de transmission déclaré



# Analyses phylogénétiques

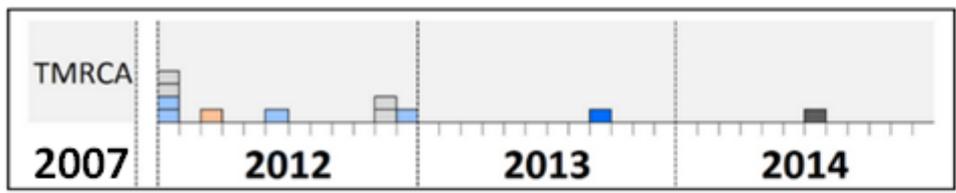
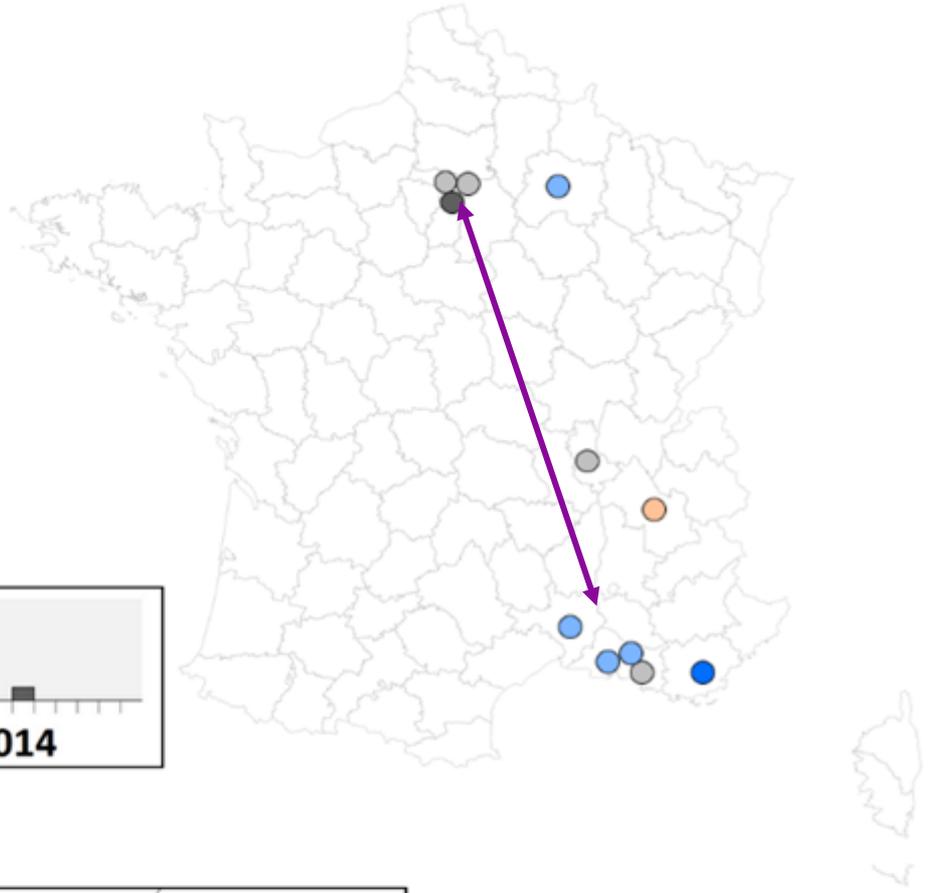
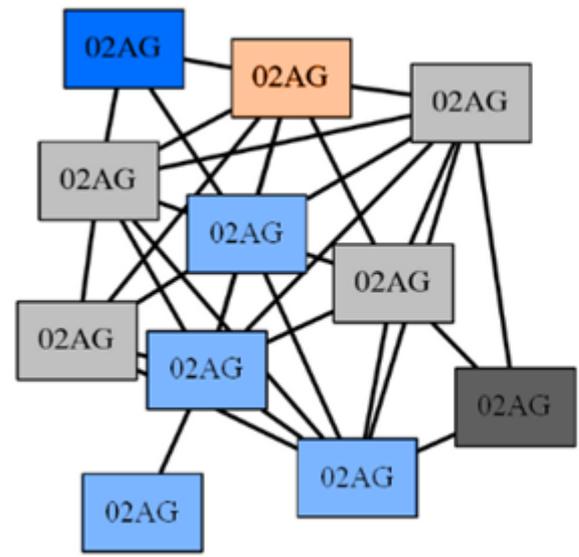
- 43 clusters
- 19% de l'échantillon inclus (n=107)
- 93% de HSH (hors VM)



**Sexe :**  
□ Homme  
○ Femme

**Mode de Transmission :**  
■ HSH  
■ Hétéro  
■ Inconnu

# Cluster 1 : 02AG



Année contamination			Mode de transmission
2012	2013	2014	
Light Blue	Blue	Dark Blue	HSH
Light Orange	Orange	Dark Orange	Hétérosexuel
Light Grey	Grey	Dark Grey	Inconnu

TMRCA = Time for Most Recent Common Ancestor

# Facteurs associés à l'inclusion dans un cluster

variable	OR	IC95	p value
Sexe			
Femme	1		
Homme	1,2	[0,2 – 7,8]	0,82
Age (quantitatif)	0,98	[0,95 – 1,0]	0,07
Mode de transmission			
Non HSH	1		
HSH	5,5	[2,1 – 14,1]	0,0004
Pays de naissance			
France	1		
Étranger	0,4	[0,14 – 1,26]	0,12

# Conclusion

- Description de la dynamique de l'épidémie VIH en France entre 2012 – 2014 grâce à :
  - Données épidémiologiques de la DO
  - Surveillance virologique CNR (test ITR)
  - Analyses phylogénétiques
- HSH = seul facteur favorisant l'inclusion dans un cluster
- HSH surreprésentés = dépistage précoce / fréquent
- Mise en évidence de clusters actifs pouvant faire l'objet d'interventions
- Perspectives :
  - Prophylaxie préexposition ? RTU récente
  - Création des CeGIDD
  - Mise en place de la e-DO

# Merci de votre attention

Questions ?

# Sous-type B



- location
- R1
- R2
- R3
- R4
- R5

