

CO-A 01

SÉRO-ÉPIDÉMIOLOGIE ET DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE DES VARIANTS MOLÉCULAIRES HTLV-1C DANS L'ARCHIPEL DU VANUATU, MÉLANÉSIE

O. CASSAR, C. CAPUANO, S. BASSOT, R. DUPREZ, H. WALTER, M. ABEL, E. CHUNGUE, P.M.V. MARTIN, A. GESSAIN
Institut Pasteur, Unité d'Epidémiologie et Physiopathologie des Virus Oncogènes, Département de Virologie, Paris, France
Courriel : ocassar@pasteur.fr

Les virus de primates T lymphotropes (PTLV) appartiennent à la famille des Retroviridae qui comprend les rétrovirus humains (HTLV-1, 2, 3 et 4) et leurs équivalents simiens (STLV-1, 2 et 3). L'HTLV-1 est l'agent étiologique de la leucémie/lymphome T de l'adulte (ATL), d'une neuromyéopathie chronique ou paraparésie spastique tropicale (TSP/HAM) et d'autres pathologies inflammatoires. La grande stabilité génétique des HTLV-1/2, liée principalement à leur mode de réplication par expansion clonale des cellules infectées plutôt que par transcription inverse, peut-être utilisée comme un marqueur de migrations de populations infectées. Il existe plusieurs sous-types moléculaires d'HTLV-1 (A à F) spécifiques de régions géographiques données. Les souches virales de Mélanésie (Papouasie Nouvelle-Guinée, Îles Salomon et populations aborigènes d'Australie) sont très divergentes et constituent le sous-type C. En 2002, au cours d'une étude dans le nord de l'archipel du Vanuatu, nous avons découvert des variants moléculaires du sous-type C chez 4 femmes natives de l'île d'Ambae. Ces résultats nous ont conduit à mener une enquête dans 10 îles de l'archipel, au cours de laquelle 4 247 individus (3 173 femmes et 1 074 hommes), moyenne d'âge 43 ans (5-96 ans) ont été prélevés. Le dépistage des anticorps anti-HTLV-1 a été fait par agglutination de particules et immuno fluorescence et confirmé par Western Blot. Vingt-trois personnes possédaient des profils sérologiques complets HTLV-1 (p19, p24, p28, GD21, rgp46-I). La séroprévalence globale est de 0,54 % (23/4 247), augmente avec l'âge (40 ans 0,38 % vs 41 ans 0,67 %) et présente des variations inter-îles (0-1,65 %). Parallèlement, une étude de transmission portant sur 175 personnes représentant 6 familles, obtenues à partir de cas index, a montré une séroprévalence de 15,4 %. La comparaison des séquences nucléotidiques d'un fragment de 522 pb de la gp21 (env), montre que les 40 souches d'HTLV-1 étudiées appartiennent au sous-type C Mélanésien et présentent une forte homologie entre elles (98,46 % - 100 %), avec une variabilité intrafamiliale très faible (0-1,15 %). Ces résultats démontrent que l'HTLV-1 est endémique dans l'ensemble de l'archipel du Vanuatu et témoignent d'une transmission intrafamiliale active. Ces souches sont très proches de celles des îles Salomon, archipel géographiquement proche. Cela suggère que ces souches ont été introduites au Vanuatu lors de mouvements anciens de populations mélanésiennes. Pour mieux comprendre l'origine du peuplement de cette région, nous développons des travaux combinant l'étude de la variabilité des HTLV-1 et les caractéristiques génétiques des populations infectées ■

CO-A 02

TRANSMISSION INTER-ESPÈCES DE RÉTROVIRUS FOAMY SIMIENS APRÈS MORSURES DE GORILLES ET DE CHIMPANZÉS CHEZ DES CHASSEURS BANTOUS ET PYGMÉES DU SUD-CAMEROUN : UN MODÈLE D'ÉMERGENCE

S. CALATTINI, E. BETSEM, A. FROMENT, P. MAUCLÈRE, P. TORTEVOYE, R. NJOUOM, A. SAIB, A. GESSAIN
Unité d'Epidémiologie et Physiopathologie des Virus Oncogènes, CNRS URA1930, Institut Pasteur, Paris, France.
Courriel : agessain@pasteur.fr

Les virus foamy, rétrovirus exogènes du genre spumavirus, sont endémiques dans différentes espèces de primates non humains (PNHs). Quelques cas de transmission de virus foamy de singes à des hommes exposés (animaliers, vétérinaires de zoo ou de centres de recherche biomédicale) ont été décrits surtout en Amérique du Nord. Récemment, trois cas d'infection par des virus foamy simiens ont aussi été rapportés parmi des villageois du Cameroun. Le but du travail est de rechercher l'existence de transmissions documentées de virus foamy, des singes aux hommes, dans des populations de différentes ethnies, dont des Pygmées, vivant dans des zones forestières du sud Cameroun. Dans une étude rétrospective, 1 145 plasmas d'adultes ont été testés au niveau sérologique par western blot. Par ailleurs, 103 personnes des mêmes régions, ayant été en contact direct avec des animaux (surtout PNHs), ont été étudiés de façon prospective. La séropositivité était basée sur la réactivité vis-à-vis du doublet Gag (p70 et p74). L'ADN des « buffy-coats » des échantillons considérés comme séropositifs ou douteux a été testé par 2 PCR nichées ciblant une région de l'intégrase (425 pb) et un fragment du LTR (109 pb). Les séquences de l'intégrase ont été utilisées pour les analyses phylogénétiques. Parmi les 1 145 plasmas testés en western blot, 20 ont montré une réactivité très nette (doublet Gag). De plus, 87 échantillons ont été considérés comme faiblement positifs ou douteux. La PCR, réalisée à partir de l'ADN extrait des 67 buffy-coats disponibles (10/20 et 57/87 respectivement) a été positive dans 4 cas. Dans l'enquête prospective, 10 personnes étaient clairement positives en sérologie et pour 9 d'entre elles, aussi en PCR. Au total, 13 personnes étaient infectées par des virus foamy, dont 7 par un virus de gorille, 4 de chimpanzé et 2 par un virus de petit singe (mandrille et cercopithèque). Dans tous les cas, sauf un, il existait une parfaite concordance entre les résultats viro-moléculaires et l'histoire clinique du contact avec le PNH en cause (principalement morsure survenue parfois des décennies auparavant). Ces données démontrent la transmission fréquente des virus foamy de chimpanzé ou de gorille à l'homme par morsures sévères, mais également sa persistance après plusieurs dizaines d'années *in vivo* chez l'homme. Nous étudions actuellement : i) Les facteurs de risques de cette transmission inter-espèces chez les chasseurs ; ii) La possible transmission interhumaine de ces virus par des enquêtes intra familiales ; iii) Les éventuelles maladies associées ■

CO-A 03

LEUCÉMIE-LYMPHOME À CELLULES T DE L'ADULTE (ATL) DUE AU HTLV-1 : À PROPOS DE HUIT OBSERVATIONS

S. B. GNING¹, F. FALL¹, B. NDIAYE¹, B. FALL², A.R. NDIAYE¹, M. SANÉ¹, P.M. GUËYE¹, P.S. MBAYE¹

1 - Services médicaux • 2 - Service de Biologie médicale

Hôpital Principal de Dakar

Courriel : saragning@yahoo.fr

L'infection par le virus HTLV-1 (Human T leukemia virus-1) sévit à l'état endémique dans certaines régions d'Afrique. L'ATL est cependant une affection rarement décrite en Afrique. L'objectif est de décrire les aspects épidémiologiques, cliniques, paracliniques, thérapeutiques et évolutifs des ATL. Il s'agit d'une étude rétrospective entre janvier 1994 et décembre 2004 dans les services médicaux de l'Hôpital Principal de Dakar, incluant tous les patients présentant une leucémie ou un lymphome à cellules T associé à une sérologie HTLV-1 positive. Huit patients étaient inclus : 4 formes aiguës et 4 formes lymphomateuses. La moyenne d'âge globale était de 46,25 ans, le sexe-ratio de 1,66. L'altération de l'état général était constante. Six patients (75%) présentaient des adénopathies. Une anémie était trouvée chez 3 patients (37%) et une hyperlymphocytose chez 4 patients (50%). Trois malades (37%) avaient une lymphopénie et 4 autres (50%) des anomalies morphologiques lymphocytaires. Un envahissement médullaire était présent chez la moitié des patients. Quatre patients présentaient une localisation ganglionnaire thoracique ou abdominale. Une hypercalcémie était notée chez 5 patients (62%), et l'élévation du taux de LDH quasi-constante. Des complications infectieuses étaient survenues chez 3 malades (37%). Une forme lymphomateuse était associée à une paraparésie. Tous nos malades ont bénéficié de mesures thérapeutiques symptomatiques, un seul a bénéficié de chimiothérapie. La mortalité hospitalière était de 62% (5 patients). En conclusion, l'ATL est encore rarement décrite en Afrique malgré la forte endémie HTLV-1. La pratique systématique d'une sérologie HTLV-1 devant un syndrome leucémique ou lymphomateux à cellules T permettrait d'apprécier sa réelle fréquence. Aucune chimiothérapie n'est efficace. Son pronostic est très sévère ■

CO-A 04

LA DÉTECTION PRÉCOCE DE L'ADN VIRAL AU COURS DE CINÉTIQUES *IN VITRO* MONTRE UNE DIFFÉRENCE MAJEURE ENTRE VIH-1 ET VIH-2

M. GUEUDIN, J. BRAUN, F. FARCE, F. DAMOND, J.C. PLANTIER, F. SIMON

Unité de Virologie, CHU Charles Nicolle, Rouen, France

Courriel : francois.simon@chu-rouen.fr

L'épidémiologie et les différences d'évolution clinique entre les patients infectés par le VIH de type 1 ou de type 2 trouvent une explication partielle au niveau biologique. En effet, pour des stades cliniques équivalents, la charge virale plasmatique VIH-2 est significativement plus basse que celle observée lors de l'infection à VIH-1, mais les taux d'ADN total VIH-1 et VIH-2 sont similaires dans les PBMC de patients infectés. Nous avons comparé le taux de l'ADN viral total et le taux des formes circulaires non intégrées à 2LTR du VIH-2 et du VIH-1 au cours de cinétiques d'infection *in vitro* en un seul cycle sur cellules HeLa-P4-CCR5. Les cellules HeLa-P4-CCR5 ont été infectées avec 500 TCID₅₀/par million de cellules, avec une souche VIH-1 (NL4-3) et deux souches de VIH-2 (ROD et MEN) en présence de saquinavir afin de limiter l'infection à un seul cycle. Les cellules ont été collectées à 6 h, 24 h, 48 h et 72 h après l'infection. L'ADN VIH total et les formes circulaires à 2LTR ont été quantifiés en duplicate en utilisant une technique spécifique de PCR en temps réel. Deux plasmides ont été utilisés comme standard. Le premier plasmide contient deux séquences, l'une spécifique du VIH-1 et l'autre du VIH-2 permettant une co-amplification lors de la même manipulation. Ces séquences ont été choisies dans une zone conservée au niveau de la région LTR/gag. Le deuxième plasmide contient les séquences de jonction des formes à 2LTR du VIH-1 et du VIH-2. Ces constructions, amplifiées lors de la quantification des deux VIH, rendent donc les résultats obtenus strictement comparables entre eux. Au pic de l'infection, le taux d'ADN viral total est comparable pour le VIH-1 et le VIH-2. Cependant, nous observons un décalage majeur au niveau de la cinétique de ce pic. Pour le VIH-1, le pic est obtenu 6 h après l'infection alors qu'il n'est obtenu que 72 h après l'infection pour le VIH-2. Concernant la quantification des formes circulaires à 2LTR, qui représentent un faible pourcentage de l'ADN total, aucune différence significative entre les VIH-1 et VIH-2 n'est mise en évidence. En conclusion, compte tenu du blocage sur un cycle excluant les réinfections, le décalage observé entre VIH-1 et VIH-2 lors des cinétiques de production d'ADN viral reflète des différences au niveau des stades du cycle viral incluant la transcription inverse et la formation du complexe de pré-intégration. La compréhension de ce décalage et de l'accumulation limitée des formes circulaires à 2LTR nécessite de plus amples investigations dans des études *ex vivo* ■

CO-A 05

CARACTÉRISATION MOLÉCULAIRE DU VIH-1 ET PREMIÈRES DONNÉES DE LA RÉSISTANCE AUX ANTIRÉTROVIRAUX CHEZ DES PATIENTS NAÏFS DE TRAITEMENT AU CAMBODGE

N. LY, P. RECORDON-PINSON, V. PHOUNG, C. SREY, S. KRUY LEANG, K. KOUM, V. CHHUM, P. GLAZIOU, H. FLEURY, J.M. REYNES

Institut Pasteur du Cambodge, Unité de virologie, Phnom Penh, Cambodge
Courriel : naryly@pasteur-kh.org

Les objectifs sont de caractériser le sous-type du VIH-1 ou CRF des isolats cambodgiens et de décrire le polymorphisme des gènes de l'enveloppe (*env*), de la protéase (*prot*) et de la reverse-transcriptase (*rt*) des souches de VIH-1 cambodgiennes chez des personnes non traitées aux antirétroviraux (ARV) récemment infectées et chez des femmes enceintes, d'observer les mutations de résistance aux différentes classes d'antirétroviraux (PIs, NRTIs, NNRTIs) et déterminer leur prévalence et de transférer au Cambodge le savoir faire en matière de tests génotypiques de résistance. Deux populations naïves infectées ont été étudiées : un groupe de patients infectés par le VIH-1 depuis moins d'un an et un second groupe de femmes enceintes ayant découvert leur séropositivité depuis moins d'un an. L'ARN viral a été extrait du plasma, rétro-transcrit et amplifié dans *prot*, *rt* et *env* (c2v3) avant séquençage. Les arbres phylogénétiques ont été construits sur les 3 gènes en utilisant le programme ClustalX ; le polymorphisme de *prot* et *rt* a été noté ; l'interprétation des mutations de résistance a été faite sur *prot* et *rt* en fonction de l'algorithme de l'ANRS de sept 2004. Dans les résultats, 144 échantillons ont été analysés (22 sujets récemment infectés et 122 femmes enceintes). La distribution des sous-types montre que CRF01_AE est prédominant (130) suivi par B (2), CRF15_01B (2) et de recombinants inconnus (2). Le polymorphisme du consensus CRF01_AE cambodgien est similaire aux consensus des CRF01_AE des pays d'Asie du Sud-Est. Deux isolats portant des mutations aux PIs aux positions N88D et M46I (impliqués dans la résistance au nelfinavir et à l'indinavir respectivement) et trois isolats portant des mutations de résistance aux NRTIs (V75M et K70R) et un aux NNRTIs (K101E) ont été observés donnant ainsi une prévalence de résistance globale dans notre étude de 4,9%. Conclusion : Ceci est la première étude portant sur la résistance du VIH-1 aux antirétroviraux chez des patients cambodgiens. Avec une prédominance de CRF01_AE, la prévalence de résistance aux ARV est faible, ce qui corrobore les observations de l'OMS. Mais cette situation pourrait changer car les traitements aux ARV s'intensifient dans la région et des études de suivi seraient pertinentes afin d'évaluer l'efficacité future des ARV dans cette population ■

CO-A 06

CONTRÔLE DE QUALITÉ DU DÉPISTAGE DES VIH, VHB, VHC EN AFRIQUE FRANCOPHONE (ANNÉE 2004)

B. FALL¹, C. TOURÉ-KANE², G.M. GERSHY DAMET³, A. GUEYE-N'DIAYE², G. VERCAUTEREN⁴, S. MBOUP²

1- Hôpital Principal, Dakar, Sénégal • 2 - Hôpital A LeDantec, Dakar, Sénégal • 3- OMS Afrique • 4 - OMS Genève
Courriel : pierrehanche@aol.com

L'objectif est d'évaluer les performances des pays participants en matière de dépistage du VIH, VHB et VHC. Méthodologie : Dans le cadre du programme OMS d'évaluation externe de la qualité, un panel de 10 échantillons de plasma, préparés et caractérisés (2 VIH1, 1 VIH2, 2 VHB, 1 VHC, 4 négatifs) au laboratoire de bactériologie-virologie du CHU Le Dantec de Dakar, est envoyé à 18 laboratoires nationaux de référence : Algérie, Bénin, Burkina Faso, Burundi, Cameroun, Cap-vert, Centrafrique, Gabon, Guinée, Guinée Bissau, Guinée Equatoriale, Mali, Mauritanie, Niger, Sao Tomé, Sénégal (CNTS), Tchad et Togo. Après dépistage et confirmation éventuelle selon les méthodes de routine, les résultats sont renvoyés au laboratoire organisateur de l'évaluation. Dans les résultats, 16 laboratoires ont réalisé la sérologie VIH à l'aide de tests Elisa (Vironostika, Genscreen, Murex, Human, Wellcozyme) et/ou de tests rapides (Immunocomb, Determine, Genie II, Capillus, Vidas, SD Bioline). Les algorithmes décisionnels sont différents selon les laboratoires participants et seuls 6 d'entre eux effectuent un test de confirmation VIH. Une concordance totale des résultats est obtenue pour 15 laboratoires. Des résultats non conformes ont été répertoriés pour 1 seul laboratoire (faux positif). Deux laboratoires de références n'ont pas répondu à l'enquête d'évaluation. La sérologie VHB (Ag HBs) est réalisée par 12 laboratoires, 11 d'entre eux ont eu une concordance totale avec la référence. La sérologie VHC est réalisée par 7 laboratoires avec une concordance totale pour 5 d'entre eux. En conclusion, les performances des laboratoires participants sont globalement satisfaisantes pour le VIH et le VHB malgré la grande diversité des algorithmes mis en jeu. La sérologie VHC tend à se développer dans les différents pays. De telles évaluations doivent être renforcées notamment au sein de chaque pays afin de mieux promouvoir les notions de qualité en Afrique ■

CO-A 07

BILAN DE QUELQUES ÉTUDES SUR L'OBSERVANCE AUX ANTIRÉTROVIRAUX EN AFRIQUE

C. MOUALA, P. ROUX, F. OLIVIER, K. BENJABER, U. NZIENGUI, M. OKOME, F. OKOME, S. SENTENAC, J.M. MILLELIRI, J.L. REY

Croix-Rouge Française, Paris, France

Le Barry 04180 Villeneuve

Courriel : jean-loup.rey@wanadoo.fr

L'observance aux antirétroviraux (ARV) sera un enjeu des mois à venir pour la survie des programmes d'accès aux ARV. En effet, il sera difficile de continuer des programmes si l'observance est médiocre et créer ainsi de faux espoirs de soins aux patients et diffuser des souches résistantes aux ARV. Ce problème a été sous-estimé au départ par crainte de stigmatiser les PED et les seules références étaient des essais cliniques où des conditions optimales permettaient des taux d'observance supérieurs à 90%. Or des études récentes montrent que les taux d'observance sont bien inférieurs. Ce travail fait le bilan de plusieurs enquêtes réalisées en Afrique entre 2003 et 2005 pour identifier et mieux connaître les problèmes rencontrés par les patients dans le suivi des prescriptions d'ARV et cotrimoxazole. Un objectif secondaire de ces études était d'évaluer les moyens de mesure disponibles (comptage des comprimés restant, questions sur saut et retard de prises). Les patients étaient interrogés au décours de leur visite mensuelle et il leur était demandé de recenser les problèmes rencontrés et les propositions qu'ils faisaient pour y remédier. Les principaux problèmes rencontrés et évoqués par les patients sont :

- une information insuffisante ;
- des ruptures d'antirétroviraux dans le centre de traitement ;
- un manque de moyen pour se réveiller le matin ou ne pas s'endormir le soir ;
- liés à la culture (ramadan, voyages, famille, etc.) ;
- des moyens financiers insuffisants pour les déplacements, l'alimentation et les autres dépenses de santé.

Les patients proposent pour remédier à ces problèmes que personnels soignants et patients soient mieux informés, que des documents soient plus disponibles, de disposer de moyens d'aide à l'observance et d'améliorer l'approvisionnement et le fonctionnement des structures de santé. Il est nécessaire de consacrer plus de moyens à l'aide à l'observance et d'impliquer toute la communauté dans cette entreprise. L'observance sera un enjeu majeur des mois à venir pour le devenir de l'accès aux antirétroviraux dans les pays défavorisés ■

CO-A 08

EVALUATION DE 65 PROGRAMMES DE PRÉVENTION DE LA TRANSMISSION MÈRE-ENFANT (PTME) DU VIH MIS EN ŒUVRE DANS 30 PAYS D'AFRIQUE SUB-SAHARIENNE, 2000-2005

J. LADNER, M. PÉCHEVIS, V. DELBOS, J.G. KAHN, L-H. BESSON, E. AUDUREAU, J. SABA

Département d'Epidémiologie et de Santé Publique, CHU, Hôpitaux de Rouen, hôpital Charles Nicolle, Rouen, France

Courriel : joel.ladner@chu-rouen.fr ou joel.ladner@univ-rouen.fr

L'objectif est d'évaluer la performance des programmes de PTME utilisant la névirapine (NVP). Depuis juillet 2000, Boehringer Ingelheim offre la NVP (Viramune®). Pour bénéficier de la donation, les institutions intéressées soumettaient un dossier, revu par des experts indépendants. Chaque programme inclus était suivi par un rapport de situation, qui recueillait régulièrement des informations sur le nombre de sites (établissements de santé) opérationnels, nombre de femmes vues en consultations prénatales (CPN), nombre de femmes ayant bénéficié d'un conseil pré-test et testées, nombre de femmes VIH+, mises sous NVP ainsi que les nouveaux-nés, nombre de femmes vues au conseil post-test. Le ratio de couverture en NVP (RCN) (nombre de femmes sous NVP/nombre de femmes attendues) a été calculé. De juillet 2000 à décembre 2005, 65 programmes mis en place dans 30 pays ont été inclus (14 en Afrique Centrale, 14 en Afrique de l'Est, 22 en Afrique Australe, 15 en Afrique de l'Ouest), cumulant 2 520 sites, 28 programmes (43,1%) ont été suivis plus de 2 ans. 39 programmes (60,0%) étaient coordonnées par une institution gouvernementale (Ministère de la Santé), 19 (29,2%) par une ONG. 3 348 649 femmes ont été vues en CPN, 69,9% pré-conseillées et testées, parmi celles-ci 70,1% sont allées au conseil post-test. La prévalence globale du VIH était de 16,7% (n=389 974) (IC 95% = 16,3%-17,1%). 59,8% des femmes VIH+ et 51,2% des nouveaux-nés ont reçu de la NVP. Dans la première année (A1), le nombre moyen de sites par programme était de 34,8 (écart-type [ET]=68,3, médiane [M]=8,0) ; 89,8 (ET=124,6 ; M=25,0) en A2 ; 180,0 (ET=249,0 ; M=25,5) en A3 et 316,3 (ET=455,4 ; M=117,0) en A4 (p tendance < 10⁻⁴). En A1, le RCN moyen était de 0,35 (ET=0,28 ; M=0,30) ; 0,49 (ET=0,36 ; M=0,41) en A2 ; 0,43 (ET=0,19 ; M=0,42) en A3 et 0,46 (ET=0,33 ; M=0,52) en A4 (p tendance = 0,08). La mise en place de programmes PTME à large échelle et en routine est en cours dans de nombreux pays d'Afrique. L'accès à la NVP augmente régulièrement au cours du temps, soulignant une meilleure performance des programmes (organisation des services de santé, meilleure connaissance des populations) qui dans le même temps continuent leur expansion. La couverture demeure faible, suggérant la persistance de difficultés ■

CO-A 09

ESOPE :

UN APPUI À LA PRISE EN CHARGE DES PATIENTS SOUS TRAITEMENT ANTIRÉTROVIRAL DANS LES PAYS DU SUD

J. TESTA, J.L. REY, J.E. MALKIN, M. OKOME-NKOUMOU, L. FLACHET, M. ZANNOU

Service de CHU de Nice, Hôpital Cimiez, DIIM, Nice, France

Courriel : jean.testa@unice.fr

Le GIP ESTHER a pour but de développer des partenariats entre les hôpitaux du Nord et du Sud afin de faciliter l'accès à une prise en charge de qualité des personnes vivant avec le VIH/sida dans les pays du Sud. Pour cela, ESTHER a pour objectifs d'améliorer la prise en charge hospitalière (formation, compagnonnage, renforcement des plateaux techniques, appui à l'approvisionnement en médicaments antirétroviraux (antirétroviraux)) et communautaire (appui aux associations) et d'appuyer la décentralisation et la continuité des soins. Dans le volet prise en charge hospitalière, ESTHER met à disposition un logiciel spécifique de suivi des patients vivant avec le VIH/sida : ESOPE. Ce logiciel a été réalisé à la demande du GIP ESTHER, conçu avec l'aide de praticiens du terrain et développé par EPICONCEPT. ESOPE facilite le suivi individuel des patients VIH/sida (véritable dossier médical avec prescription antirétroviraux, suivi clinique, suivi biologique) et l'analyse de la file active des patients (statistiques automatisées sur le suivi médical, suivi d'activité, suivi médico-économique, observance). De plus, ESOPE permet le développement de l'aspect recherche (exportation automatisée sous format EXCEL et EPI-INFO pour analyses statistiques plus fines) et de l'aspect surveillance épidémiologique (la fonction export/import des données avec compilation des données offre la possibilité de mettre en place un système d'information avec transmission des données sécurisées). Ce logiciel est facilement paramétrable et s'adapte donc à tous les sites (avec la possibilité de créer des variables personnalisées). Son installation est simple et automatisée et la confidentialité a été particulièrement développée (mots de passe, bases de données cryptées, exportation sécurisée). Ce logiciel est diffusé gratuitement par ESTHER qui assure également la formation à l'utilisation de ce logiciel à la fois par des regroupements de personnes (à Paris ou dans un pays) et par des formations sur site. Une assistance par mail est assurée et un site Internet permet de télécharger la dernière version et de trouver des conseils d'utilisation (<http://www.epiconcept.fr/esope>). ESOPE est actuellement utilisé au Bénin, en Côte d'Ivoire, au Burkina Faso, au Cameroun, au Gabon, au Mali et au Sénégal. Une politique nationale d'utilisation d'ESOPE a été adoptée au Bénin, au Mali et au Gabon. Il doit prochainement être mis en place au Burundi, au Maroc, au Niger, en RCA et au Tchad. Au total, ESOPE est un outil particulièrement adapté au suivi des patients sous antirétroviraux dans les pays du Sud et le développement de son usage paraît pertinent, bien entendu dans tous les pays où intervient ESTHER, mais également dans les autres ■

SESSION « PALUDISME » (*Amphithéâtre Yersin*)

CO-Y 01

DONNÉES ÉPIDÉMIOLOGIQUES DE BASE DU PALUDISME DE L'ENFANT ET L'ADOLESCENT AU CONGO : MILIEU RURAL VERSUS MILIEU URBAIN

J. AKIANA, E. MOKONDJIMBE, R. AMPA, OBENGUI, P. BITSINDOU, P.S. OKANA, F. BOUNGOU, M. ONGANIA, E.A. EBATETOU,

G.V. OBAMI-ÉTOU, C. ARNATHAU, P. DURAND, F. RENAUD, H-J. PARRA

Laboratoire National de Santé Publique, Brazzaville, Congo

Courriel : jakiana2000@yahoo.fr ou jakiana@caramail.com

En République du Congo, le retrait anticipé des organismes de recherche, l'instabilité politique et les conflits armés successifs entre 1990 et 2000, ont causé le départ de chercheurs. La non réalisation des travaux de recherche à cette période a induit un manque de données récentes sur l'épidémiologie du paludisme rendant quasi impossible la formulation d'une nouvelle politique de lutte antipaludique. A fin de relancer la collecte de données nécessaires à l'amélioration des stratégies de lutte antipaludique, une enquête de paludologie préliminaire a été menée à Brazzaville et à Pointe-noire (milieux urbains), à Gamboma et à Oyo (milieux ruraux). Le pays, en situation post-conflit, appartient au groupe 3 de la chloroquino-résistance, le retrait de la chloroquine de l'arsenal thérapeutique n'y est pas effectué, les données épidémiologiques de base datent de plus de 15 ans. L'objectif de l'étude est d'apprécier l'endémicité du paludisme (prévalence en population, morbidité et létalité en milieu hospitalier) et la biodiversité des souches de *P. falciparum* en fonction du statut clinique et parasitologique du sujet. Entre août et octobre 2005, une goutte épaisse (GE) et 5 ml du sang veineux a été prélevée, lors de trois passages transversaux, auprès de sujets volontaires de 1 à 15 ans (n=644), habitants permanents autour des hôpitaux sites d'étude. Les informations socio-démographiques, cliniques et épidémiologiques les concernant étaient consignées dans un questionnaire standard. Les sujets reçus à la consultation pour accès palustre simple (n=50) ou grave (n=54) dans les 5 formations sanitaires ont fait l'objet des mêmes prélèvements et du même relevé d'informations. Les GE colorées ont été lues sur 200 champs microscopiques, l'étude de la diversité génétique des populations de *P. falciparum* a été réalisée par la technique des microsatellites utilisant un séquenceur. Chez les sujets asymptomatiques, la prévalence de l'infection palustre était faible (6%) en milieu urbain et élevée en milieu rural, variant entre 10 et 25% (plus élevé à Oyo qu'à Gamboma). Les sujets reçus à la consultation ont permis de noter que l'incidence des accès palustres graves était plus grande en milieu urbain (20 cas à Brazzaville, 22 cas à Pointe-noire) qu'en milieu rural (11 cas à Gamboma, 1 cas à Oyo). L'incidence des accès simples, partiellement recensés, a été élevée à Pointe-noire et Brazzaville (30 cas) et faible à Gamboma et Oyo (20 cas). La létalité était <2%. Sur 120 échantillons de *P. falciparum* analysés au séquenceur, 35 ont montré des infections dues à une seule souche alors qu'environ 75 infections à *P. falciparum* étaient dues à 2, 3 ou 4 souches. Au Congo, la prévalence palustre est faible en milieu urbain et forte en milieu rural ; l'incidence des accès palustres est forte en milieu urbain et faible en milieu rural ; le nombre de souches de *P. falciparum* en cause lors d'un accès palustre peut varier entre 2 et 4 alors que les sujets mono-infectés sont peu nombreux. La létalité générale était faible en milieu hospitalier ■