



HAL
open science

Mise en évidence de la transmission mère-enfant d'un VIH-1 recombinant intergroupes MO

Manon Vautrin, Fabienne de Oliveira, Vinca Icard, Marie Leoz, Mary-Anne Trabaud, Antoine Ouziel, Luc Panetta, Véronique Lemée, Jean Christophe Plantier, Alice Moisan

► **To cite this version:**

Manon Vautrin, Fabienne de Oliveira, Vinca Icard, Marie Leoz, Mary-Anne Trabaud, et al.. Mise en évidence de la transmission mère-enfant d'un VIH-1 recombinant intergroupes MO. JNRB, Jun 2023, Caen, France. hal-04185190

HAL Id: hal-04185190

<https://normandie-univ.hal.science/hal-04185190>

Submitted on 22 Aug 2023

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Mise en évidence de la transmission mère-enfant d'un VIH-1 recombinant intergroupes MO

Manon Vautrin¹, Fabienne De Oliveira², Vinca Icard³, Marie Leoz¹, Mary-Anne Traubaud³, Antoine Ouziel⁴, Luc Panetta⁴, Véronique Lemée², Jean Christophe Plantier², Alice Moisan²

¹ Univ Rouen Normandie, Univ de Caen Normandie, INSERM, DYNAMICURE UMR 1311 F-76000 Rouen, France ² Univ Rouen Normandie, Univ de Caen Normandie, INSERM, DYNAMICURE UMR 1311, CHU Rouen, Département de virologie, Centre National du VIH F-76000 Rouen, France ³ Département de virologie, Institut des Agents Infectieux, Hôpital de la Croix Rousse, Hospices Civils de Lyon, 69004 Lyon, France ⁴ Département des urgences pédiatriques et des soins intensifs pédiatriques, Hôpital Femme-Mère Enfant, Hospices Civils de Lyon, 69677 Bron cedex, France

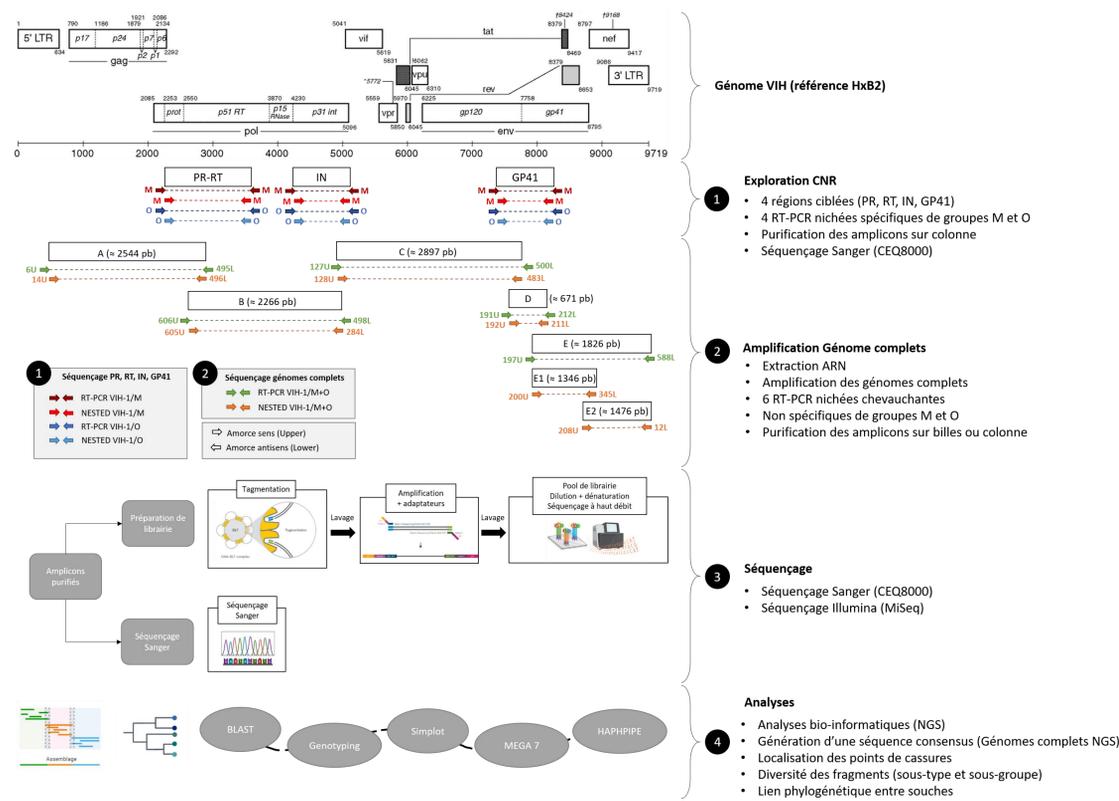
Contexte et objectif

Malgré la forte divergence observée entre les VIH-1 de groupes M (VIH-1/M) et O (VIH-1/O), 19 formes recombinantes inter-groupes MO uniques (URF_MO) ont été décrites depuis 1999. Leurs conditions d'émergence sont mal connues et un seul cas de transmission directe a été décrit, au sein d'un couple Camerounais, en 2016. En mai 2022, un bébé de 4 mois (RBF255) est hospitalisé pour une pneumocystose en réanimation pédiatrique au CHU de Lyon. A cette occasion, une infection à VIH est diagnostiquée chez lui et chez sa mère (RBF254). Les résultats du génotypage de résistance montrent alors une discordance moléculaire, avec coexistence de fragments de VIH-1/M et de VIH-1/O au sein du génome, en fonction des régions ciblées. Plusieurs prélèvements ont été envoyés au laboratoire associé au Centre National de Référence du VIH, au CHU de Rouen, afin d'explorer ce résultat atypique.

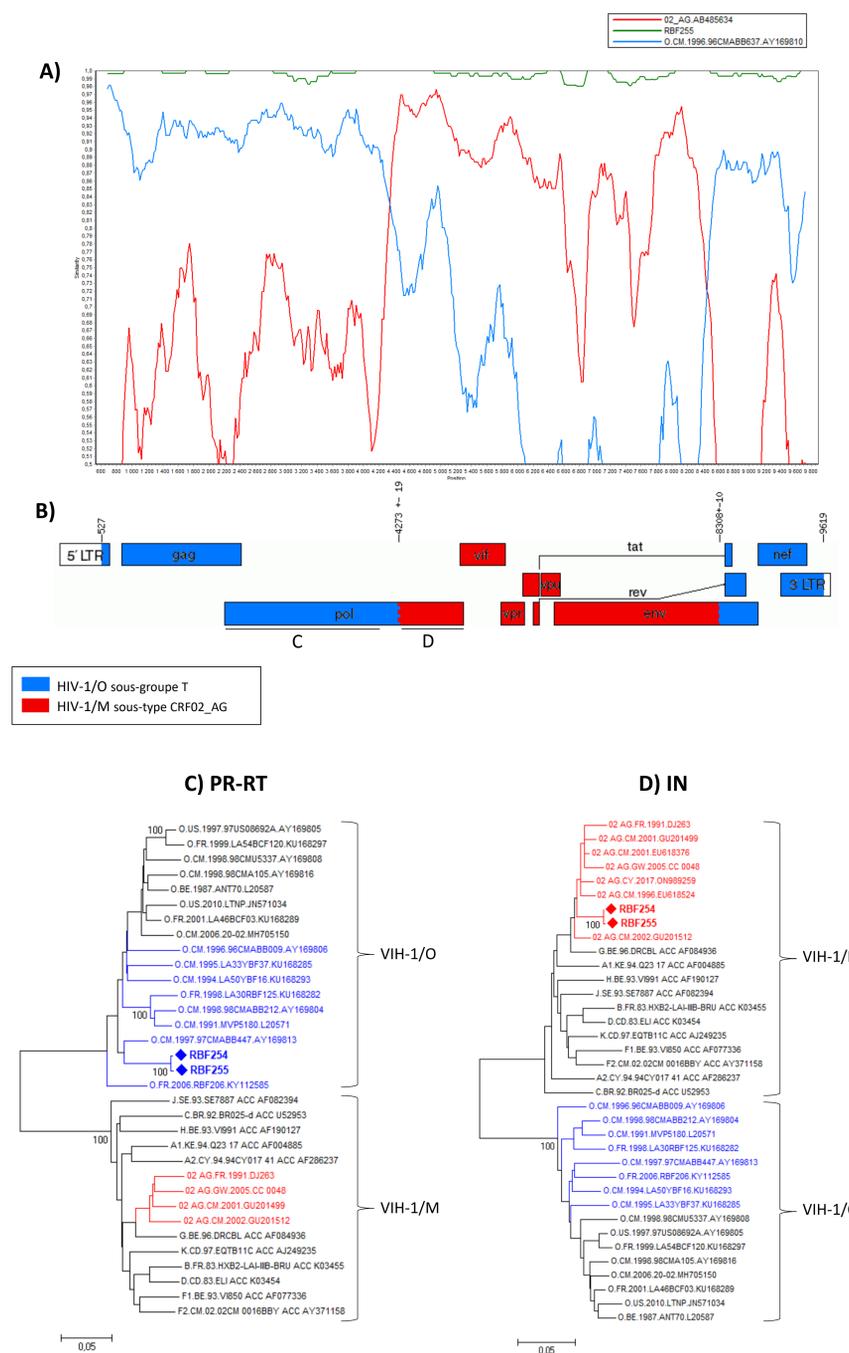
Objectif : Caractériser les génomes complets des souches infectant la mère et son enfant pour mettre en évidence la transmission mère-enfant d'une forme recombinante VIH-1/MO.

Méthodes

Etapes d'obtention et d'analyse des génomes complets de RBF254 et RBF255



A) Simplot de la séquence du génome complet de RBF254
B) Génome complet de RBF254 et RBF255
C) D) Arbres phylogénétiques des régions PR-RT (C) et IN (D) de RBF254 et RBF255



Résultats

Exploration CNR : confirmation du profil de recombinaison, seul ou associé à d'autres populations ?

- Confirmation des résultats de génotypage de résistance
 - ✓ PR-RT = **VIH-1/O**
 - ✓ IN et GP41 = **VIH-1/M**
- Hypothèse initiale : Présence d'une forme recombinante VIH-1/MO ou d'une double infection M+O
- Absence d'amplification des souches parentales M et O (= souches recombinante isolée)
 - ✓ PR-RT VIH-1/M non amplifiée
 - ✓ IN et GP41 VIH-1/O non amplifiée
- Suspicion d'une forme recombinante VIH-1/MO isolée avec au moins un point de cassure dans l'IN
 - Caractérisation et analyse de cette forme recombinante

Caractérisation des génomes complets, analyse phylogénétique et recombinaison, localisation des points de cassure

- Reconstitution *de novo* des génomes complets
- Concordance entre séquences consensus NGS et Sanger
- Présence de deux points de cassure aux mêmes endroits du génome pour les deux souches
 - ✓ Au début de l'IN [4253-4293 pb]
 - ✓ Dans la GP41 [8297-8318 pb]
- Même diversité génétique :
 - ✓ **VIH-1/M = sous-type CRF02_AG**
 - ✓ **VIH-1/O = sous-groupe T**
- Analyse phylogénétique :
 - ✓ 2 points de cassure (Simplot)
 - ✓ Séquence RBF255 identique à celle de RBF254 (Simplot (A))
 - ✓ Lien phylogénétique entre les deux souches (Arbres phylogénétiques (C et D))

Conclusion

- Mise en évidence de la transmission mère-enfant d'une forme recombinante VIH-1/MO
- Aucun lien avec une autre URF_MO déjà décrite *in vivo*, portant à un nombre total de 20 URF_MO
- Mise au point d'une technique de séquençage à haut débit pour l'analyse des formes recombinantes VIH-1/MO
- Recherche de populations minoritaires à réaliser