



HAL
open science

Diversité génétique du virus de l'hépatite C chez les patients reçus au Laboratoire Louis Pasteur, Douala-Cameroun

Herman Frédéric Arthur Longo, W.J Takemegni, S Kenfack, N.L Kamsu, L.M
Sameza

► **To cite this version:**

Herman Frédéric Arthur Longo, W.J Takemegni, S Kenfack, N.L Kamsu, L.M Sameza. Diversité génétique du virus de l'hépatite C chez les patients reçus au Laboratoire Louis Pasteur, Douala-Cameroun. Conference on Liver Disease in Africa (COLDA) 2021, Sep 2021, Virtual meeting, Cameroun. <hal-03725562>

HAL Id: hal-03725562

<https://hal.science/hal-03725562v1>

Submitted on 17 Jul 2022

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.



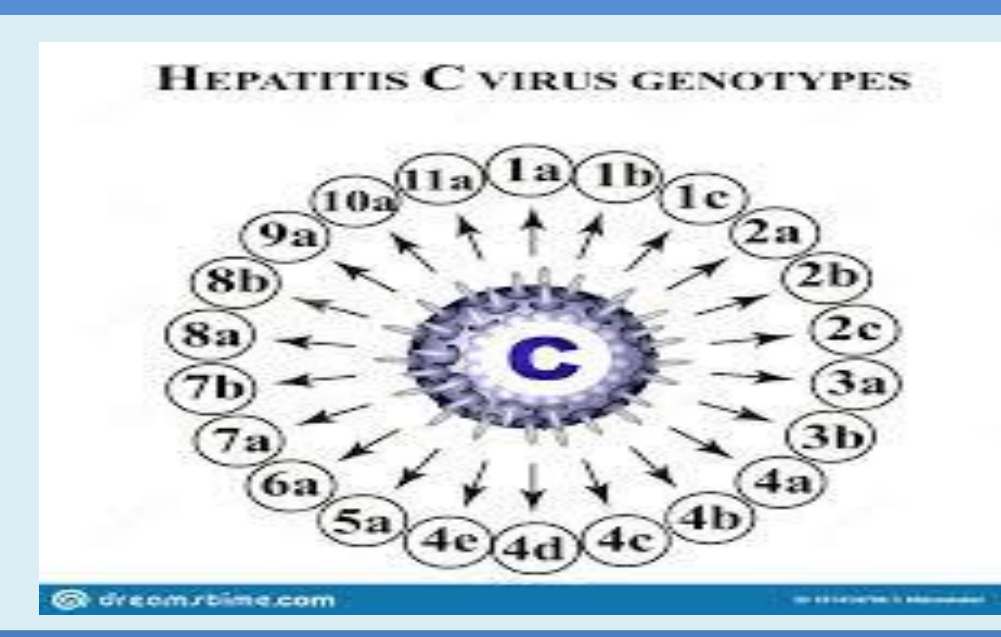
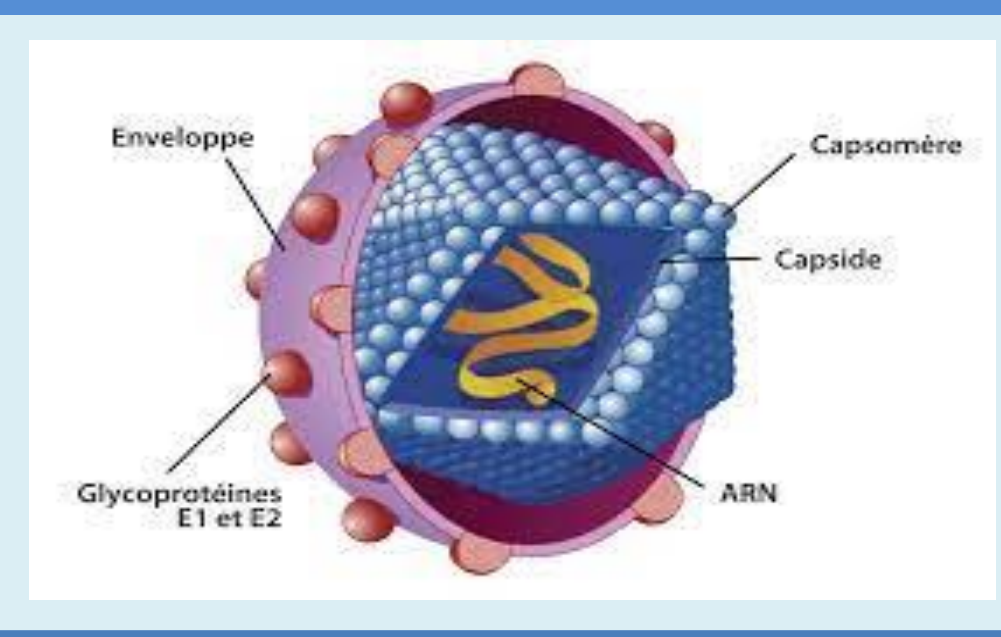
HAL Authorization



Diversité génétique du virus de l'hépatite C chez les patients reçus au laboratoire Louis Pasteur, Douala-Cameroun

LONGO.H.F.^{1,2} TAKEMEGNI .W.J.^{2,3,4} KENFACK.S¹, KAMSU.N.L¹, SAMEZA .L.M^{2,5}

¹Louis Pasteur Labo , Douala-Cameroun
²Institut Universitaire et Stratégique de l'Estuaire, Douala, Cameroun
³Faculty of Health Sciences , Université de Buea, BP : 63 Buea, Cameroun
⁴Hôpital de District de New-Bell , Douala Cameroun
⁵Faculté des Sciences , Université de Douala, Cameroun
 correspondance : takus2@yahoo.fr / tawajomer@gmail.com (237) 670 120 390



INTRODUCTION

L'infection par le virus de l'hépatite C (VHC) est considérée comme la cause d'un fardeau énorme sur les populations de plusieurs pays. C'est une infection symptomatique dans 15 à 25% des cas . En 2018 l'OMS a actualisé les lignes directrices pour le traitement par des antiviraux à action directe (AAD) pangénotypique. Mais ceux-ci sont onéreux dans de nombreux pays et notre pays en fait partie . La venue des nouvelles molécules (pangénotypiques) a eu pour conséquence la baisse de la prescription du génotypage aux patients. Hors le VHC est un virus dont l'ARN polymérase est dépourvu d'activité correctrice 3'-5' exonucléase de ce faite des souches résistantes pourraient apparaitre d'où la nécessité du génotypage avant la mise sur traitement

2.REPARTITION DES SOUS TYPE DE GENOTYPE DANS LA POPULATION D'ETUDE

2.2 Répartition des sous-types

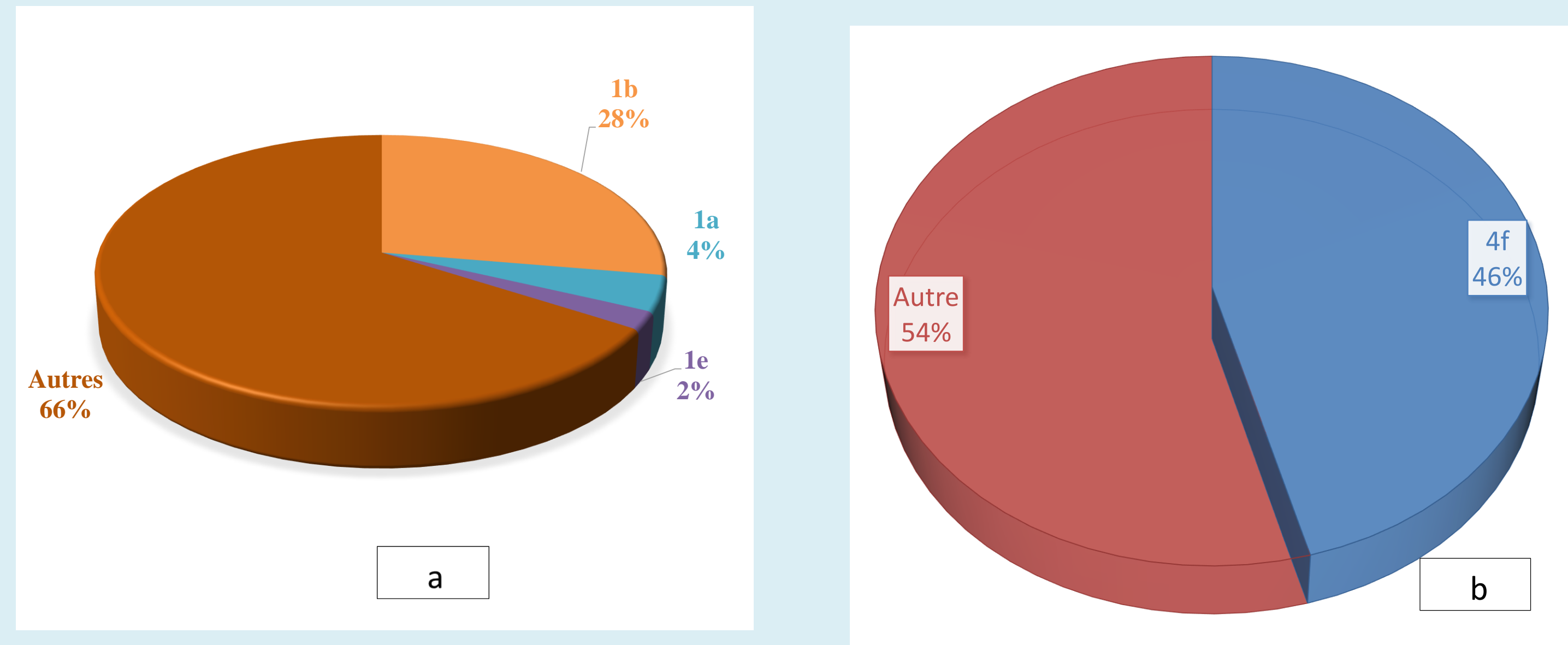


Figure 3: Distribution des sous type: Génotype 1(a) et Génotype 4 (b)

MATERIELS ET METHODES

Lieu , type et Durée de l'étude

- Retrospective Descriptive et analytique
- Sept 2018 - Juin 2020)
- Laboratoire Louis Pasteur de Douala (LPLD)

Critères de sélection

Patients reçus à LPLD
 Avec examen de génotype
 Rétro: Identifiant et résultats bien inscrits dans les registres
 Pros: consentant à l'étude

Déroulement de l'étude et Taille de l'échantillon

Après toutes les autorisation administratives , grâce à la fiche de collecte des données, 133 patients recensés le plasma sur EDTA a été analysée par RT-PCR grâce au système Cobas 48800/8800. pour la détermination du génotype

RESULTATS

Analyses statistiques des données

- Microsoft Excel 2015 et
- Jamovi pour (X2) & P au seuil significatif 5%

1. REPARTITION DE LA POPULATION D'ETUDE

1.1 Population d'étude Sexe , âges

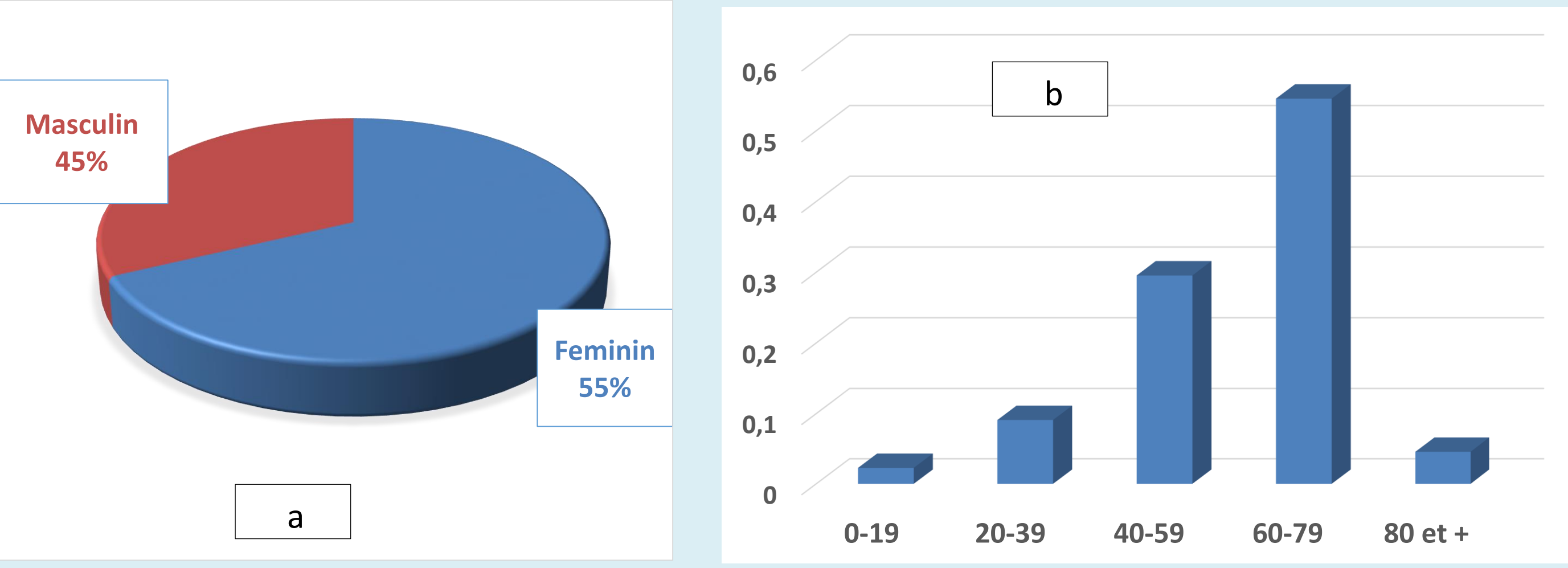


Figure 1 : Population en fonction du sexe (a) , tranche d'âges (b)

2.REPARTITION DU GENOTYPE DANS LA POPULATION D'ETUDE

2.1 Génotype dans la Population d'étude

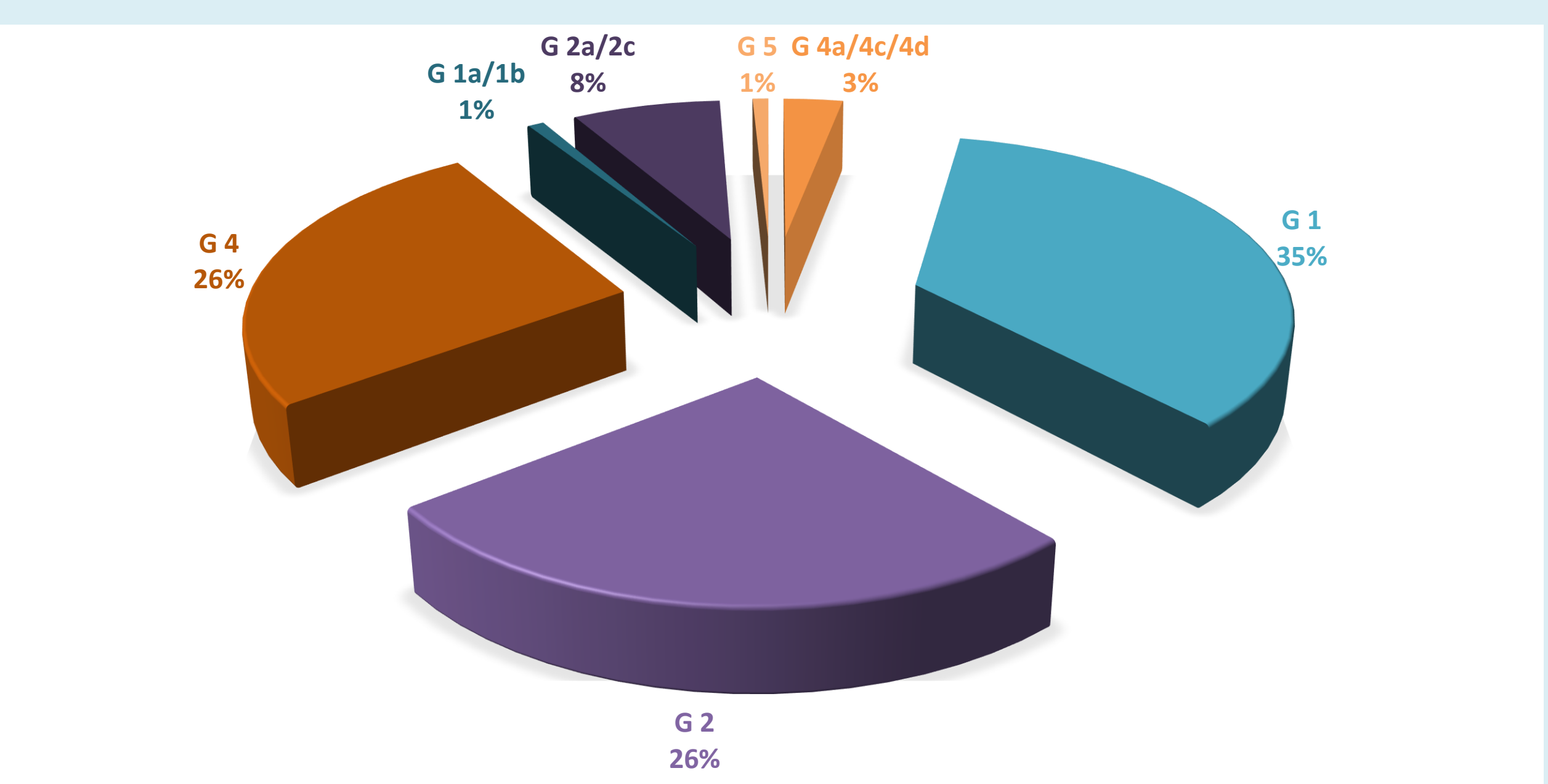


Figure 2 : Distribution des génotypes dans la population d'étude

3.REPARTITION DES DE GENOTYPE ET CARACTERES DEMOGRAPHIQUES

2.2 Génotypes en fonction du sexe

Tableau 1: Répartition des génotypes en fonction du sexe

SEXE	GENOTYPE							Total
	1	2	4	1a/1b	2a/2c	4a/4c/4d	5	
M	20	16	16	1	5	2	0	60
F	27	19	19	0	5	2	1	73
Total	47	35	35	1	10	4	1	133

χ² Tests

	Value	df	p
χ ²	2.31	6	0.889
N	133		

2.3 Génotypes en fonction des tranches d'âge

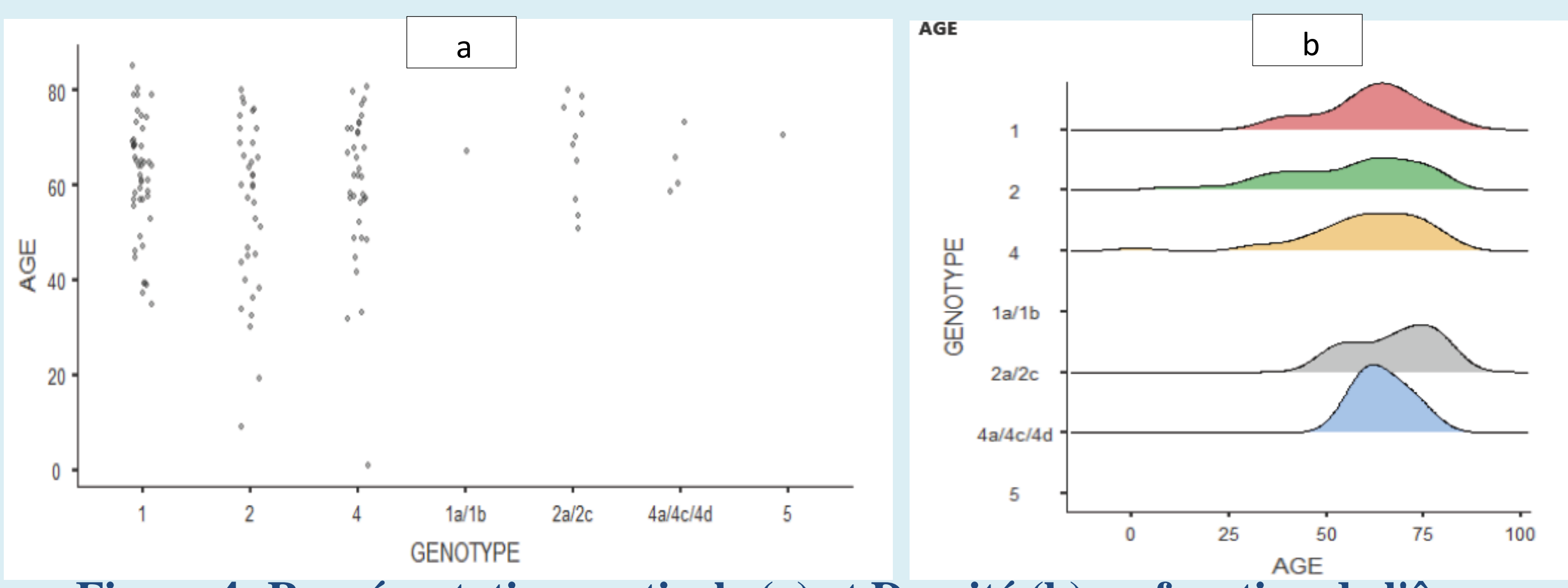


Figure 4: Représentation verticale (a) et Densité (b) en fonction de l'âge

DISCUSSIONS

Tous On a observé dans cette étude la présence 4 génotypes et 3 recombinants. Les génotypes prédominants sont les génotypes 1, 2 et 4 avec comme pourcentage respectifs 35%, 26%, 26%. Ce qui est en dé accordance avec une étude menée par Christoph Sarrazin et al qui a obtenu génotype 1 (33.9%), génotype 3 (38.9%) et génotype 2 (51.9%) et Njuom et al qui a obtenu plutôt dans une première étude en 2003 3 génotypes : génotype 4 (76%), génotype 2 (16%) et 1 (8%)[116] et lors d'une deuxième étude a obtenu les génotypes 1 (40%), 2 (20%) et 4 (40%) ce qui démontrait une infection ancienne par les génotypes 1 et 4 et une infection récente par le génotype 2.Cette discordance et plus important l'absence de recombinants pourrait s'expliquer par le faite que Njuom et al dans son étude sa population cible était constituée des pygmées et des groupes ethniques des Bantou.

CONCLUSION

L'infection à l'hépatite C est beaucoup plus fréquente chez des individus ayant un âge supérieur à 50 ans. Ces résultats confirment le caractère instable du génome du virus de l'hépatite C, une installation du génotype 2 et une infection récente aux génotypes 5 et des recombinants par rapport aux études précédentes.

IMPACT DE L'ETUDE ET RECOMMANDATIONS

Ces résultats nous interpellent à renforcer la nécessité du génotypage dans la prise en charge thérapeutique des PVHVC pour espérer de meilleurs résultats.

REMERCIEMENTS

- ✓ Délégation régionale de la santé du Littoral,
- ✓ Laboratoire Louis Pasteur LABO de Douala, Cameroun
- ✓ Tous ceux qui se sont investis dans ce travail
- ✓ Le Comité d'organisation de CODAC 2021



REFERENCES

1. Christoph Sarrazin; Simone Susser; AD. Importance des polymorphismes du gène IL28B chez les patients infectés par le virus de l'hépatite C de génotype 2 et 3
2. Njuom et al 2007 Le VHC au Cameroun, Afrique Centrale : Etat des lieux sur la prévalence, la diversité génétique et la transmission
3. OMS | Hépatite C [Internet]. WHO. [cited 2014 May 23]. Available from: <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs164/fr/>