

CQ 2018

France, Suisse et PED

maxime.grude@iplesp.upmc.fr

lambert.assoumou@iplesp.upmc.fr

Méthode

- **4 échantillons**
- CQ1, CQ2 & CQ4: Sensibilité/Spécificité
- **Le consensus**
 - ♦ Le consensus est établi avec l'ensemble des laboratoires qui participent au contrôle qualité, soit **un total de** : France (**n=46**), Suisse (**n=4**), PED (**n=1**)
 - ♦ On dit qu'il y a consensus à une position donnée si au moins 75% des laboratoires trouvent le même acide aminé
 - ♦ Si aucun acide aminé n'est trouvé par 75% des laboratoires, on prend tous les acides aminés qui sont trouvés par au moins 25% des laboratoires
- **Tous** les laboratoires ont séquencé la RT et la protéase
- 51 laboratoires ont séquencé l'intégrase: France (**n=46**), Suisse (**n=4**), PED (**n=1**)
- 49 laboratoires ont réalisé le tropisme: France (**n=44**), Suisse (**n=4**), PED

Méthode

- **Amplification**

- ◆ Pourcentage de laboratoires avec une amplification établie (**gènes RT, protéase et intégrase**)

- **Sensibilité et spécificité (avec l'ensemble des CQ)**

- ◆ **Sensibilité:** proportion de positions étudiées trouvées mutées parmi les positions réellement mutées
 - Toutes les positions réellement mutées des échantillons positifs non amplifiés sont comptés comme des faux négatifs
- ◆ **Spécificité:** Proportion de positions étudiées trouvées sauvages parmi les positions réellement sauvages
- ◆ **Les Faux négatifs:** On dit qu'il y a faux négatif à une position donnée si le consensus dit qu'il y a présence de mutations et que ce résultat n'est pas trouvé par le laboratoire.
- ◆ **Les Faux positifs:** On dit qu'il y a faux positif à une position donnée si un acide aminé autre que le consensus est trouvé par le laboratoire.

- **Résistance (Selon l'algorithme ANRS 2018 version 28)**

Méthode

- **Sous-type:** Liste de laboratoires avec un résultat discordant avec le consensus établi
- **Tropisme:** Liste de laboratoires avec un résultat discordant avec le consensus établi
- **Score de performance**

C'est le nombre de positions trouvées correctes divisé par le nombre total de positions étudiées de l'ensemble des échantillons évalués (**gènes RT , Protéase et intégrase**)

 - ♦ A chaque position et pour chaque échantillon, on attribut 1 au laboratoire qui donne le bon résultat (ie. le consensus) et 0 sinon
 - ♦ Si un **échantillon négatif** est amplifié, on attribut 0 à toutes les positions étudiées de l'échantillon
 - ♦ Les **échantillons positifs** non amplifiés ne sont pas pris en compte
- On propose de déclarer valable, une évaluation dont le score est **supérieure à 99%**

Echantillons

	Amplification	Charge virale	Sous type	Tropisme
CQ1	OUI		B	R5
CQ2	OUI		B	X4
CQ3	NON			
CQ4	OUI		CRF02-AG	X4

RESISTANCE

Consensus: Interprétation selon l'algorithme ANRS version 2018

Protéase - gp120 - Intégrase																
Echantillon	IDV/r	SQV/r	NFV	fAPV/r	LPV/r	ATV/r	TPV/r	DRV600/r	DRV800/r	DOR	RAL	EVG	DTG_BID	DTG_QD	CBG	BIC
CQ1	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	S	RP	RP	RP
CQ2	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	S	RP	RP	RP
CQ3																
CQ4	R	S	S	S	R	S	*	S	S	S	S	S	S	S	S	S

Reverse Transcriptase										
Echantillon	AZT	3TC/FTC	ddl	d4T	ABC	TDF	EFV	NVP	ETR	RPV
CQ1	R	R	R	R	R	S	R	R	RP	R
CQ2	R	R	R	R	R	S	R	R	RP	R
CQ3										
CQ4	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S

R: Résistance

RP: Résistance possible

S: Sauvage

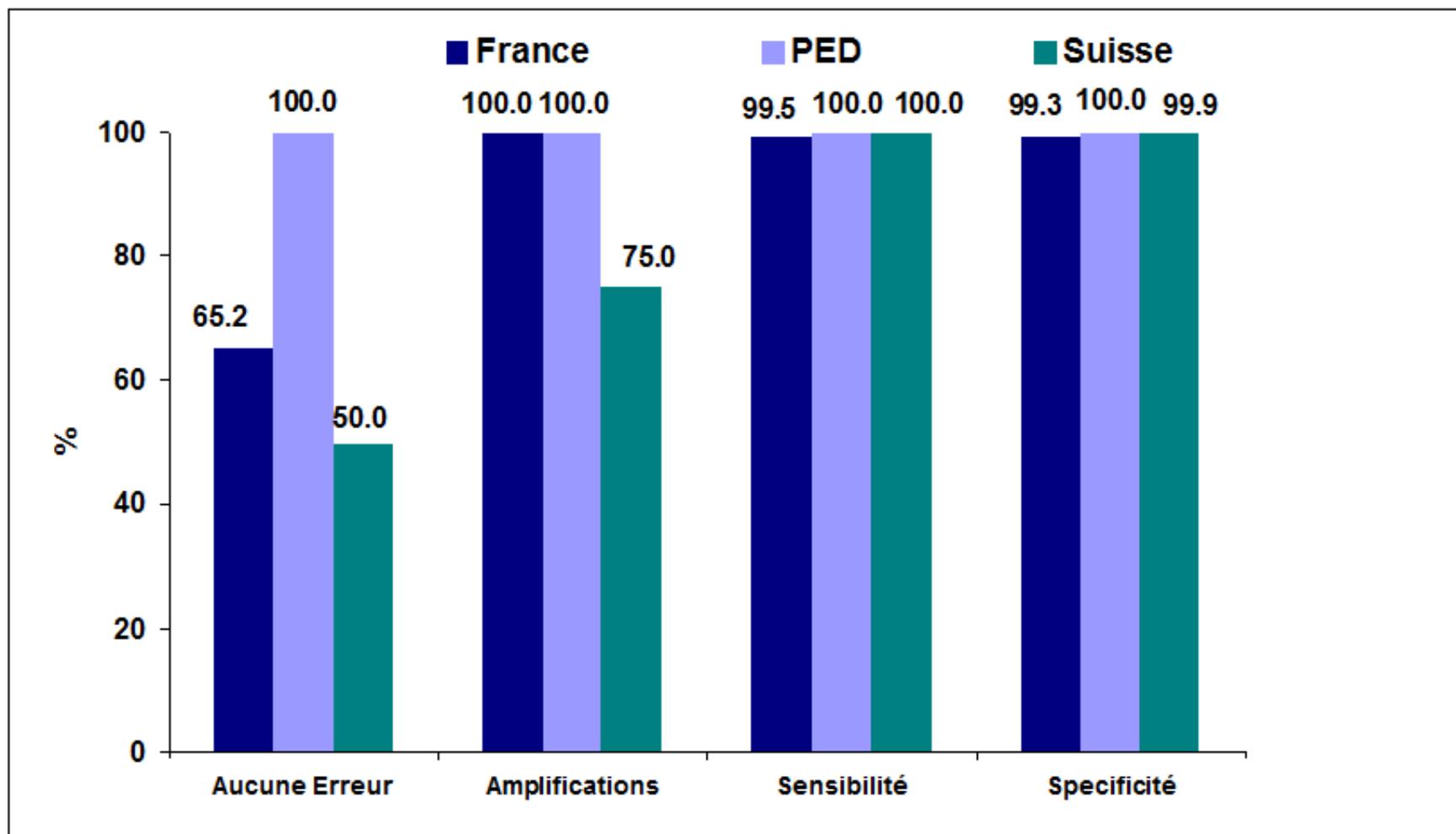
* Données insuffisantes pour virus de sous-type non-B

AMPLIFICATION

- Nombre de laboratoires pour lequel l'amplification a échoué pour au moins un échantillon
 - ◆ France (0/46) laboratoire
 - ◆ PED (0/1) laboratoire
 - ◆ Suisse (1/4) laboratoire
 - 1 échantillon négatif amplifié

Laboratoire	Type	Echantillon	Amplification
RLAQ	Integrase	CQ3	Oui
	Protease	CQ3	Oui
	RT	CQ3	Oui

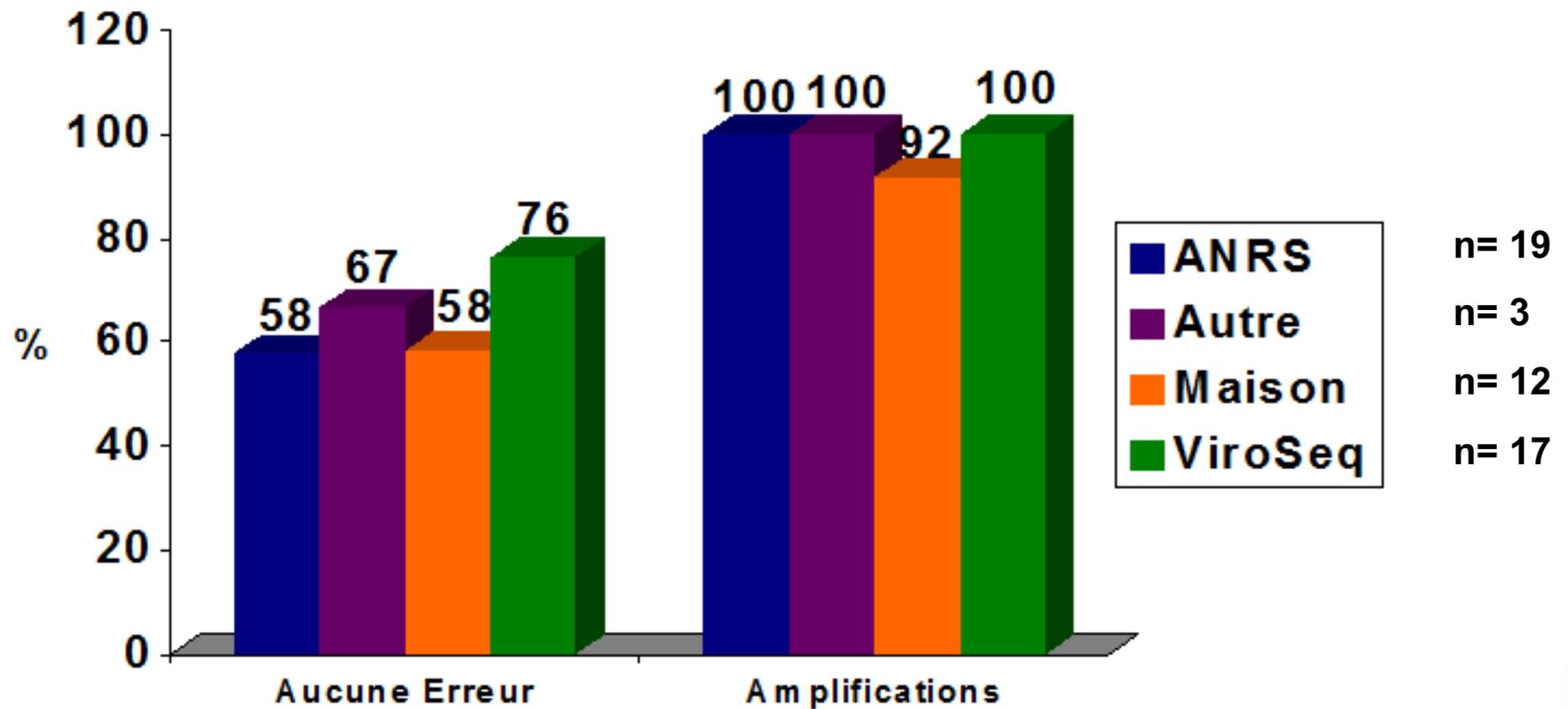
Performance globale des laboratoires



France (n=46) - Suisse (n=4) – PED (n=1)

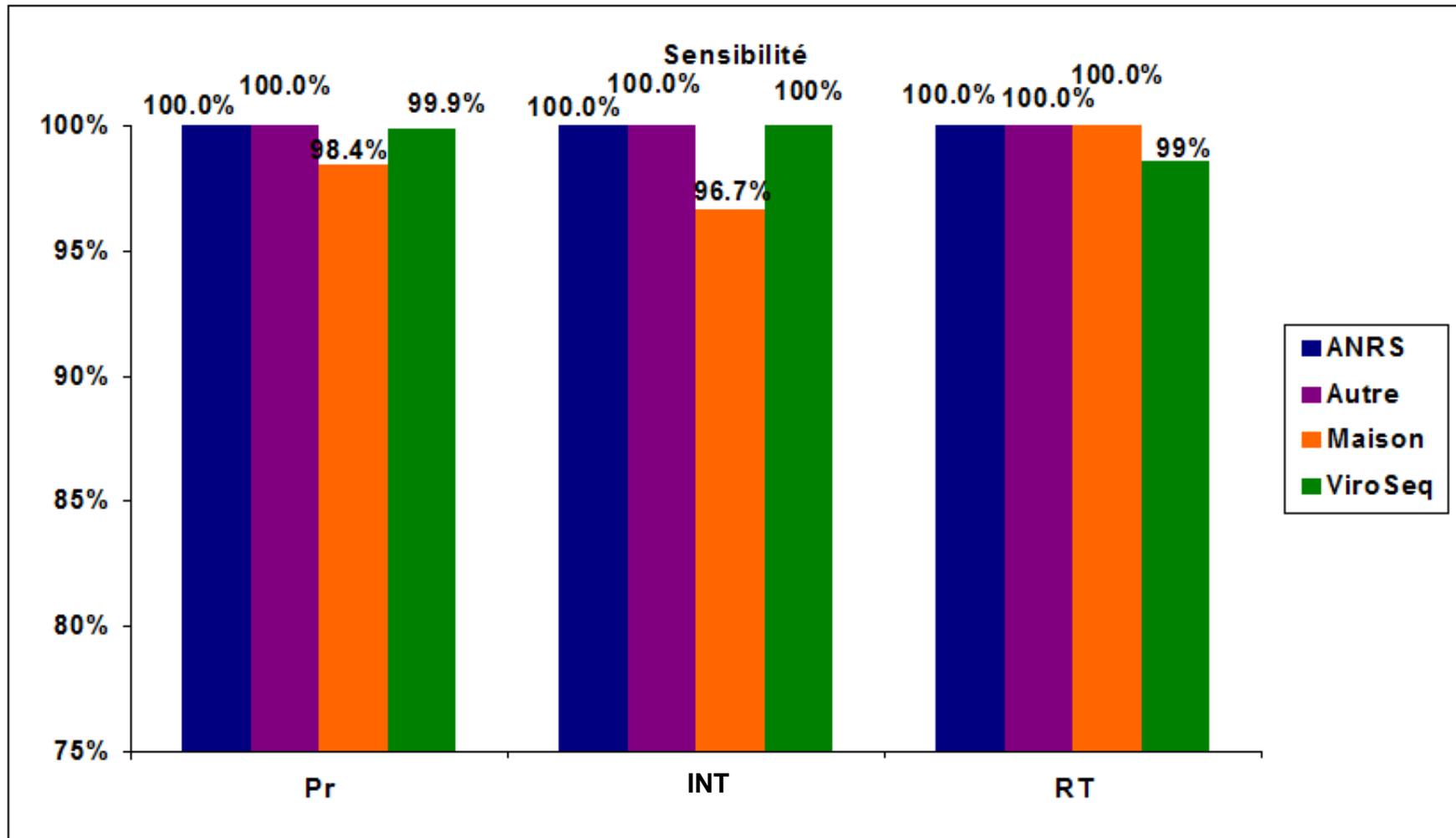
Performance selon la technique

France – Suisse – PED



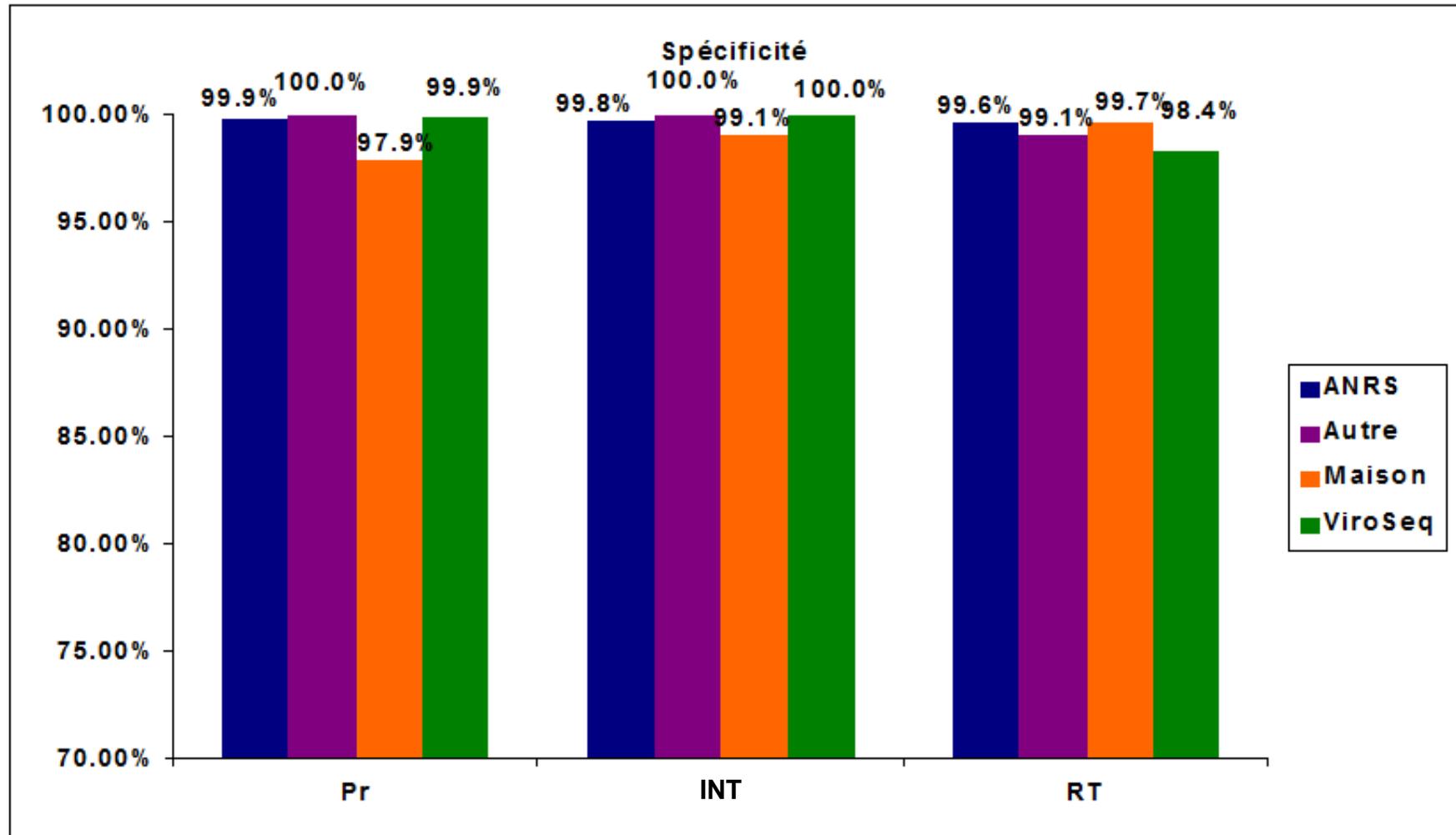
Sensibilité des techniques selon le gène

France – Suisse – PED

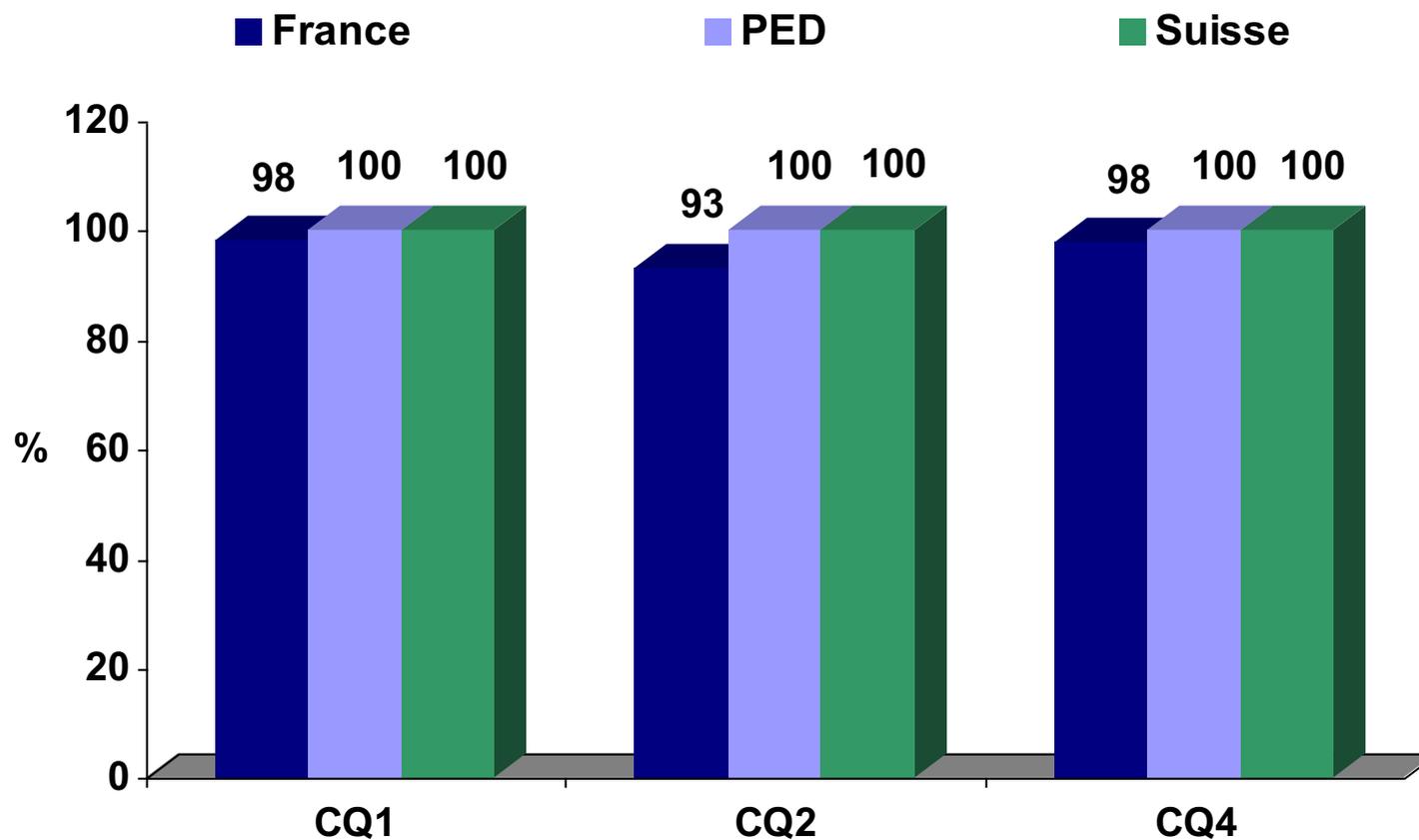


Spécificité des techniques selon le gène

France – Suisse – PED



Interprétation correcte de la résistance



SOUS-TYPE VIRAL

(discordance par rapport aux consensus)

Suisse			
	RLAQ		
		CRF02_AG	CQ3

Consensus

	Sous-type
CQ1	B
CQ2	B
CQ3	
CQ4	CRF02_AG

TROPISME VIRAL (N=49)

(discordance par rapport aux consensus)

	CodeA	MutError	Echantillon
France			
	FDUP		
		Non-amplifié	CQ2
		indeterminee	CQ4
	FSPC		
		Non-amplifié	CQ1
	PVPF		
		Non-amplifié	CQ2

Consensus

	Tropisme
CQ1	R5
CQ2	X4
CQ3	
CQ4	X4

Suisse			
	RLAQ		
		X4	CQ3

Performance individuelle des laboratoires : France (1)

Laboratoire	Technique	Amplification	Faux+/-	Sensibilité	Spécificité	Score
QRVY	ViroSeq	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
EAGN	ViroSeq	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
VBGW	ViroSeq	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
RKMS	Maison	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
ANKW	ViroSeq	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
SYWA	Autre	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
KOPR	ViroSeq	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
HSWK	Maison	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
XTSV	Maison	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
FSPC	Autre	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
XCUM	ViroSeq	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
DWRU	ViroSeq	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
FJIC	ViroSeq	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
CACR	ANRS	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
XKQO	ANRS	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
EOUL	ViroSeq	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
LMXF	ANRS	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
SXMW	Maison	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
VTNT	ANRS	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
UNJH	ViroSeq	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
RMIJ	ViroSeq	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
ATEW	ANRS	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
SBYT	ViroSeq	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%

Performance individuelle des laboratoires : France (2)

Laboratoire	Technique	Ampli	Reprod	Faux-/+	Sensibilité	Spécificité	Score
XEBH	ANRS	Correcte	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
UVYM	ANRS	Correcte	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
HRDF	ViroSeq	Correcte	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
BGDR	ANRS	Correcte	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
PVPF	ViroSeq	Correcte	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
PSGM	Maison	Correcte	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
ZLVQ	ANRS	Correcte	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
PYPA	ANRS	Correcte	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
LGCW	ANRS	Correcte	Correcte	0/1	100.00%	99.49%	99.72%
UDNJ	ANRS	Correcte	Correcte	0/1	100.00%	99.49%	99.72%
DFRI	ViroSeq	Correcte	Correcte	0/1	100.00%	99.49%	99.72%
FSNZ	ANRS	Correcte	Correcte	0/1	100.00%	99.49%	99.72%
GPHZ	ANRS	Correcte	Correcte	0/1	100.00%	99.49%	99.72%
ZFJD	ANRS	Correcte	Correcte	0/1	100.00%	99.49%	99.72%
BMW A	ANRS	Correcte	Correcte	0/1	100.00%	99.49%	99.72%
VCVJ	ANRS	Correcte	Correcte	0/1	100.00%	99.49%	99.72%
XMWN	ViroSeq	Correcte	Correcte	1/1	98.53%	99.49%	99.72%
LOEV	Maison	Correcte	Correcte	0/1	100.00%	99.49%	99.72%
TPHY	ViroSeq	Correcte	Correcte	0/1	100.00%	99.49%	99.72%
MQJH	ANRS	Correcte	Correcte	0/2	100.00%	98.98%	99.43%
HUXW	Autre	Correcte	Correcte	0/2	100.00%	98.96%	99.42%
FDUP	Maison	Correcte	Correcte	2/6	97.06%	96.92%	98.29%
DJVX	Maison	Correcte	Correcte	8/19	88.24%	90.31%	93.75%

Performance individuelle des laboratoires : Suisse & PED

Laboratoire	technique	amplification	Faux+/-	Sensibilité	Spécificité	Score
SPMT	Maison	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
ECVY	Maison	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%
BFSK	Maison	Correcte	0/1	100.00%	99.49%	99.72%
RLAQ	Maison	Echouée	0/0	100.00%	100.00%	75.00%

Laboratoire	Technique	Amplification	Faux+/-	Sensibilité	Spécificité	Score
GYDI	ANRS	Correcte	0/0	100.00%	100.00%	100.00%

Faux- / Faux+: France (1)

CodeA	type	typefaux	NbMutError	MutError	Echantillon
DFRI	RT	Faux+	1	V90I	CQ1
FSNZ	RT	Faux+	1	Q151R	CQ4
GPHZ	RT	Faux+	1	V90VI	CQ1
ZFJD	RT	Faux+	1	V90VI	CQ1
XMWN	Protease	Faux+	1	L90R	CQ1
		Faux-	1	L90M	CQ1
LOEV	RT	Faux+	1	V90VI	CQ1
HUXW	RT	Faux+	1	M230G	CQ1
		Faux+	1	M230K	CQ4

Faux- / Faux+: France (2)

CodeA	type	typefaux	NbMutError	MutError	Echantillon
MQJH	Protease	Faux+	2	G48E;Q58G	CQ2
FDUP	Intégrase	Faux-	2	E157Q;S230N	CQ2
		Faux+	4	;R263P;S230R	CQ2
		Faux+	1	L74P	CQ4
	RT	Faux+	1	Y188F	CQ4
UDNJ	Intégrase	Faux+	1	P145S	CQ2
VCVJ	RT	Faux+	1	V90I	CQ1
BMWA	Intégrase	Faux+	1	R263E	CQ2
LGCW	RT	Faux+	1	V90VI	CQ1
TPHY	RT	Faux+	1	V90VI	CQ1

Faux- / Faux+: France (3)

CodeA	type	typefaux	NbMutError	MutError	Echantillon
DJ VX					
	Protease				
		Faux-	2	L89V;L90M	CQ1
		Faux+	4	I93L;L89*;L90*;N88M	CQ1
		Faux+	15	D60E;E35D;G73S;I13V;I15V;I54L;I62V;K20T;L33F;L63P;L89V;L90M;Q58E;V11I;V82I	CQ4
		Faux-	6	H69K;I13A;K20I;L76V;L89I;M46I	CQ4

* : codon stop

Faux- / Faux+: Suisse

CodeA	type	typefaux	NbMutError	MutError	Echantillon
BFSK					
	RT				
		Faux+	1	V90VI	CQ1