Zeitschrift: Horizons : le magazine suisse de la recherche scientifique
Herausgeber: Fonds National Suisse de la Recherche Scientifique
Band: 26 (2014)
Heft: 103

Artikel: Comment évolue le virus du sida
Autor: Goubet, Fabien
DOI: https://doi.org/10.5169/seals-556231

Nutzungsbedingungen
Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Mehr erfahren

Conditions d'utilisation
L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. En savoir plus

Terms of use
The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. Find out more

Download PDF: 09.12.2025

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, https://www.e-periodica.ch

Comment évolue le virus du sida

Capable de se recombiner, le VIH demeure un casse-tête pour la recherche thérapeutique. De précieux renseignements sur ce phénomène viennent d'être découverts grâce à l'analyse de génomes viraux détectés dans de larges populations. *Par Fabien Goubet*

Agée de 7 ans, la petite Chinoise Ma Ru est née avec le virus du sida.
Photo: Keystone/EPA/Michael Reynolds

Le VIH est un virus aux multiples visages. Il en existe plusieurs sous-types, chacun avec sa propre séquence génétique. Ces sous-types sont souvent, mais pas systématiquement, associés à des zones géographiques, notamment en Asie et en Amérique du Sud, ou à des groupes à risque, par exemple les consommateurs de drogues injectables ou les professionnels du sexe. Pour compliquer le tout, deux sous-types différents sont capables d'en engendrer un nouveau jamais observé jusqu'alors, comme le fait le virus de la grippe. On parle de recombinaison, un phénomène constaté pour la première fois pour le VIH en 1996. Depuis, les virologues détectent plusieurs nouveaux recombinants chaque année.

Aujourd'hui, on ne sait pas exactement dans quelle mesure la recombinaison affecte l'évolution globale du virus. Est-ce qu'elle contribue à diversifier le génome du VIH ou bien, au contraire, à l'homogénéiser? Difficile à dire sans une analyse à grande échelle. Le groupe de recherche de Séverine Vuilleumier, de l'Université de Lausanne et du CHUV, a développé un outil mathématique «destiné à mieux décrire l'histoire démographique des sous-types de virus pour dégager des tendances sur son évolution future».

Consommateurs de drogue

Dans un premier temps, les chercheurs ont analysé les séquences génétiques des sous-types de virus VIH détectés en Chine. Grâce à leur méthode, ils ont retracé l'historique des vagues successives d'infections virales dans ce pays. Ainsi, les auteurs ont mis en évidence qu'en Chine, les sous-types B puis C (respectivement d'origine thaïlandaise et indienne) ont initialement généré une épidémie parmi les consommateurs de drogue dans les années 1980, «ce qui est concomitant avec l'explosion du trafic dans cette partie du globe à cette époque», note Séverine Vuilleumier.

A mesure que l'épidémie s'est étendue, un nombre croissant de recombinants sont apparus. Puis, dans les années 1990, une seconde épidémie due au sous-type CRF01-AE s'est répandue au sein de la population homosexuelle masculine. Ce dernier a par la suite été responsable de la plus forte augmentation des infections en Chine. Actuellement, l'épidémie demeure composée de ces trois sous-types, ainsi que d'un grand nombre de recombinants.

«En Chine, les sous-types dominants semblent donc liés aux groupes à risques et à leurs interactions, estime-t-elle. Mais ce n'est pas une règle d'or. En Amérique du Sud, ce sont les vagues de migration successives, comme nous l'avons ensuite démontré.»

Poursuivant l'analyse, les chercheurs ont étudié les génomes viraux au niveau mondial. Résultat, «le génome du VIH tend vers une homogénéisation des recombinants», relève Séverine Vuilleumier. Avant d'avertir: «Il ne faut pas pour autant en déduire qu'il n'y aura plus qu'un seul type de VIH. Un nouveau recombinant peut surgir n'importe quand et bouleverser la donne.» Son équipe collabore actuellement avec le virologue du CHUV Amalio Telenti et avec Jeffrey Jensen, généticien des populations à l'EPFL. «La plupart des recherches ne se font pas sur les recombinants. Grâce à nos travaux, nous sommes parvenus à créer des passerelles avec ces scientifiques. Peut-être que nos résultats seront de nature à contribuer à mieux cibler les sous-types et recombinants les plus importants et adapter les thérapies en conséquence», conclut-elle.

Fabien Goubet est rédacteur scientifique au quotidien *Le Temps*.