

Comment évolue le virus du sida

Autor(en): **Goubet, Fabien**

Objektyp: **Article**

Zeitschrift: **Horizons : le magazine suisse de la recherche scientifique**

Band (Jahr): **26 (2014)**

Heft 103

PDF erstellt am: **19.04.2024**

Persistenter Link: <https://doi.org/10.5169/seals-556231>

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern.

Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden.

Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

Haftungsausschluss

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

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*

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 recombinaisons 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.



Agée de 7 ans, la petite Chinoise Ma Ru est née avec le virus du sida.

Photo: Keystone/EPA/Michael Reynolds

A mesure que l'épidémie s'est étendue, un nombre croissant de recombinaisons 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 recombinaisons.

«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 recombinaisons», 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 recombinaison 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 recombinaisons. 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 recombinaisons les plus importants et adapter les thérapies en conséquence», conclut-elle.

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