

20.01.2011 - 08:00 Uhr

## FNS: La diversité génétique du virus VIH comme méthode de datation

Bern (ots) -

Dater le moment de la contamination par le VIH

Des chercheurs de l'Etude suisse de cohorte VIH ont mis au point une méthode simple, permettant d'estimer à quel moment un patient a été infecté par le virus du sida. Le fait de connaître ce moment peut s'avérer important pour le traitement. Cela permet également de mieux comprendre l'évolution de l'épidémie.

Souvent, les médecins ignorent à quel moment leur patient a été contaminé par le VIH. En effet, ils ne sont en mesure de déterminer cette date que dans les huit semaines qui suivent l'infection - pendant la phase aiguë. Jusqu'à présent, lorsque quelqu'un faisait le test du sida après cette phase, on était dans l'incapacité de dire si la contamination avait eu lieu il y a trois mois ou il y a dix ans. Des chercheurs soutenus par le Fonds national suisse (FNS) ont maintenant découvert une méthode simple, qui permet au moins de circonscrire la période pendant laquelle la contamination s'est produite.

Important pour les études sur la propagation de la maladie  
D'après Huldrych Günthard de l'Hôpital universitaire de Zurich, il y a différents avantages à disposer d'indications quant au moment où a eu lieu la contamination. Cela permet par exemple au médecin d'estimer plus facilement la vitesse à laquelle la maladie progresse - et d'adapter le traitement en fonction. Dans le cadre des études épidémiologiques, cela permet également de prédire de manière plus fiable le moment où les contaminations se sont produites, et ainsi la façon dont la maladie s'est propagée.

En collaboration avec leurs collègues de l'EPFZ, les chercheurs de l'Etude suisse de cohorte VIH utilisent des données tirées du test de résistance, un examen de routine auquel on procède systématiquement avec les patients séropositifs. Le patrimoine génétique des virus est examiné afin de déterminer à quels médicaments ils sont résistants. Si le patient est porteur de différentes souches de VIH, le test ne fournit pas de résultat clair à certaines positions du patrimoine génétique des virus.

Un résidu du test de résistance

«Pendant longtemps, on a considéré ces ambiguïtés au niveau du bagage génétique viral comme un résidu du test, explique Günthard. Mais nous nous sommes demandé si l'on pouvait s'en servir pour mesurer la diversité des virus dans le sang.» Cette diversité résulte de la multiplication et de l'évolution des agents infectieux dans l'organisme. Or elle augmente avec le temps. De fait, les ambiguïtés au niveau du patrimoine génétique viral sont susceptibles de contenir des informations sur l'ancienneté de l'infection. Günthard et son équipe ont vérifié cette hypothèse, en comparant les données issues du test de résistance avec une autre méthode de datation de la contamination, plus ancienne et plus rudimentaire. Par ailleurs, pour certains groupes de patients, on dispose de données plus précises sur le moment où ils ont été infectés: il s'agit des patients qui se sont fait tester pendant la phase aiguë, ou de ceux qui ont fait deux fois le test du VIH, avant et après l'infection.

Dans leur étude publiée dans la revue spécialisée «Clinical Infectious Diseases» (\*), les chercheurs montrent que les ambiguïtés dans les séquences génétiques des virus augmentent effectivement de manière régulière, environ pendant les huit premières années après l'infection; ensuite, la courbe s'aplatit. Pour pouvoir prédire

exactement le moment de l'infection, cette nouvelle méthode est encore trop inexacte. Mais les chercheurs ont réussi à définir une valeur de seuil, à partir de laquelle on est certain à 99% que l'infection ne remonte pas à plus d'un an.

(\* Roger D. Kouyos, Viktor von Wyl, Sabine Yerly, Jürg Böni, Philip Rieder, Beda Joos, Patrick Taffé, Cyril Shah, Philippe Bürgisser, Thomas Klimkait, Rainer Weber, Bernard Hirschel, Matthias Cavassini, Andri Rauch, Manuel Battegay, Pietro L. Vernazza, Enos Bernasconi, Bruno Ledergerber, Sebastian Bonhoeffer, Huldrych F. Günthard and the Swiss HIV Cohort Study (2011). Ambiguous Nucleotide Calls From Population-based Sequencing of HIV-1 are a Marker for Viral Diversity and the Age of Infection. *Clinical Infectious Diseases* online. doi: 10.1093/cid/ciq164 (disponible au format PDF auprès du FNS; e-mail: pri@snf.ch)

#### L'Étude suisse de cohorte VIH

L'objectif de cette étude démarrée en 1998 est de mieux comprendre la maladie du sida, ainsi que d'améliorer la prise en charge des patients. Toutes les cliniques de Suisse spécialisées VIH (Bâle, Berne, Genève, Lausanne, Lugano, Saint-Gall et Zurich) ont jusqu'ici collecté et dépouillé des données concernant l'évolution de la maladie chez plus de 16'000 personnes infectées par le VIH. Actuellement, plus de 7'500 personnes participent à l'Étude suisse de cohorte VIH. Près d'un tiers des participants sont des femmes. [www.shcs.ch](http://www.shcs.ch)

Le texte de ce communiqué est disponible sur le site internet du Fonds national suisse: [www.fns.ch](http://www.fns.ch) > Médias > Communiqués de presse

#### Contact:

Prof Huldrych Günthard  
Clinique des maladies infectieuses et d'hygiène hospitalière  
Hôpital universitaire de Zurich  
Rämistrasse 100  
8091 Zurich  
Tél.: +41 (0)44 255 34 50  
e-mail: [huldrych.guenthard@usz.ch](mailto:huldrych.guenthard@usz.ch)

Diese Meldung kann unter <https://www.presseportal.ch/fr/pm/100002863/100617632> abgerufen werden.