



HAL
open science

Analyse génétique comparée de 19 formes recombinantes VIH-1 inter-groupes M et O et impact évolutif

A Moisan, F de Oliveira, P Cappy, P A Ngoupo, A Vessiere, V Lemée, T.
Mourez, E Alessandri-Gradt, J C Plantier

► To cite this version:

A Moisan, F de Oliveira, P Cappy, P A Ngoupo, A Vessiere, et al.. Analyse génétique comparée de 19 formes recombinantes VIH-1 inter-groupes M et O et impact évolutif. Journée Normande de Recherche Biomédicale, Sep 2016, Rouen, France. hal-02265845

HAL Id: hal-02265845

<https://hal-normandie-univ.archives-ouvertes.fr/hal-02265845>

Submitted on 12 Aug 2019

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.

Analyse génétique comparée de 19 formes recombinantes VIH-1 inter-groupes M et O et impact évolutif

Moisan A^{1,2}, De Oliveira F¹, Cappy P^{2,3}, Ngoupo PA^{2,4}, Vessiere A⁵, Lemée V¹, Mourez T^{1,2}, Alessandri-Gradt E^{1,2}, Plantier JC^{1,2}

¹Laboratoire de Virologie, CHU Charles Nicolle, Rouen, France ; ²GRAM2.0 EA2656, UFR Pharmacie, Rouen, France ; ³CNRS-UPR9002, Institut de Biologie Moléculaire et Cellulaire, Strasbourg, France ; ⁴Service de Virologie, Centre Pasteur du Cameroun, Yaoundé, Cameroun ; ⁵Infectious Disease Data Observatory, Centre for Tropical Medicine and Global Health, Université d'Oxford, Oxford, Angleterre

Introduction

Les VIH sont caractérisés par une forte diversité génétique liée à leurs origines simiennes, leur mode de multiplication, et accentuée par le phénomène de recombinaison. Malgré leur divergence génétique, les VIH-1 groupes M et O peuvent générer des formes recombinantes inter-groupes MO. Seuls trois cas ont été décrits jusqu'en 2004 [1-3]. Les conséquences diagnostiques, thérapeutiques et sur l'émergence de ces recombinants ne sont actuellement pas connues. Entre 2006 et 2015, la mise en place d'un algorithme de dépistage séro-moléculaire au Cameroun par notre équipe et l'exploration de cas d'infections atypiques à Rouen ont permis la description de nouveaux cas [4-6].

Objectif

Analyser les profils de recombinaison et les particularités génétiques de tous les recombinants inter-groupes MO caractérisés actuellement.

Méthodologie

- Synthèse des données disponibles sur toutes les formes recombinantes caractérisées entre 1999 et 2015 : patients, échantillons, caractéristiques.
- Comparaison des fréquences de leurs caractéristiques : analyse phylogénétique, nombre de points de cassure par génome et localisation.

Résultats

- 19 formes recombinantes distinctes, partiellement ou complètement séquencées, ont été analysées, faisant apparaître une complexité de dépistage et de caractérisation moléculaire de ces formes.
- La diversité génétique des fragments parentaux VIH-1/M et VIH-1/O des 19 recombinants correspondait à l'épidémiologie moléculaire au Cameroun.
- L'étude de la fréquence des points de cassure a fait ressortir des points chauds de recombinaison dans les gènes accessoires "centraux" (*vif*, *vpr*, *vpu*), la TI et la gp41, et aucun événement de recombinaison dans la Protéase, la gp120 et *nef*.
- Un degré variable de complexité des profils a été mis en évidence, avec en moyenne deux à trois points de cassure par génome recombinant.

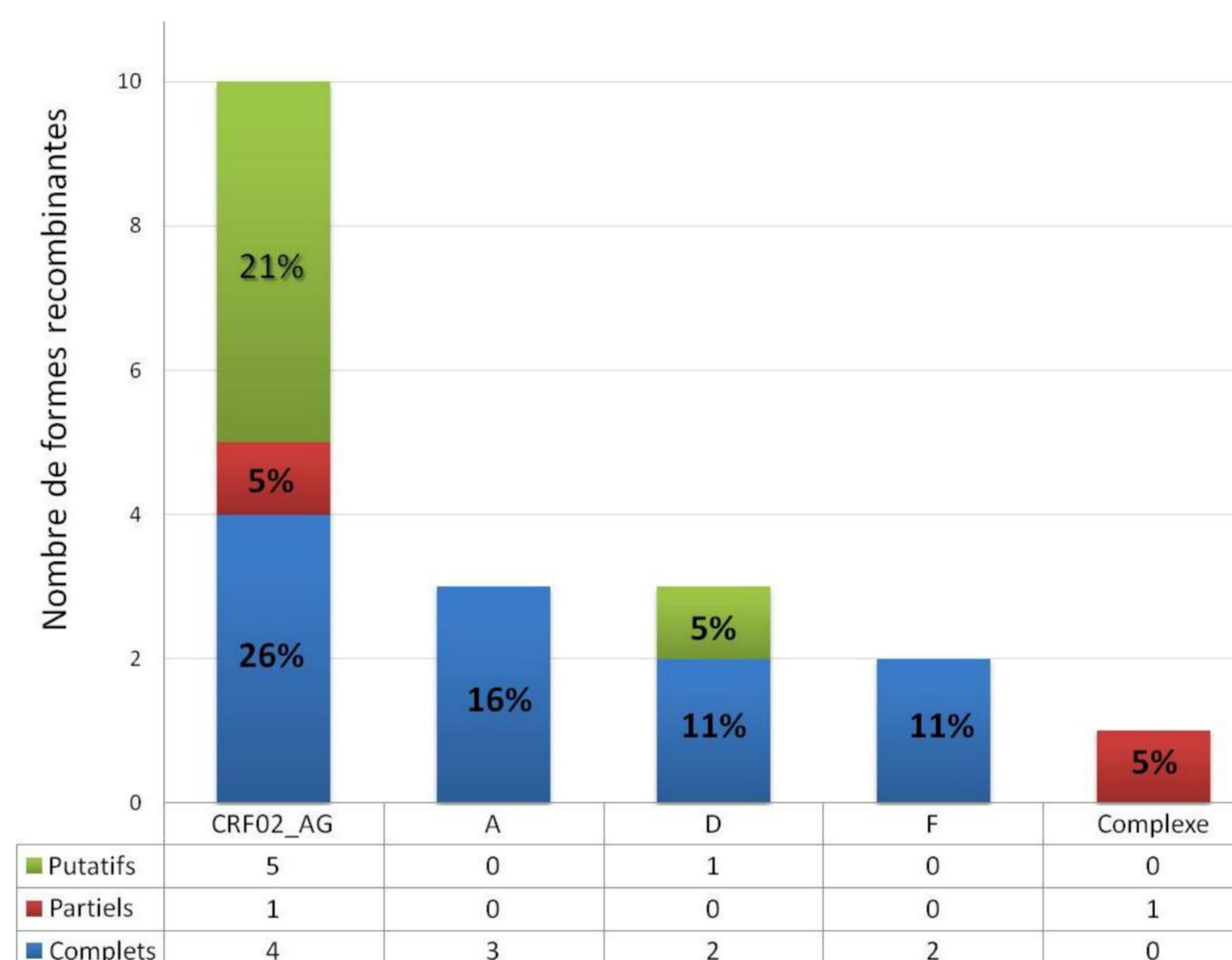


Fig. 1a : Répartition des sous-types de VIH-1/M des 19 recombinants décrits

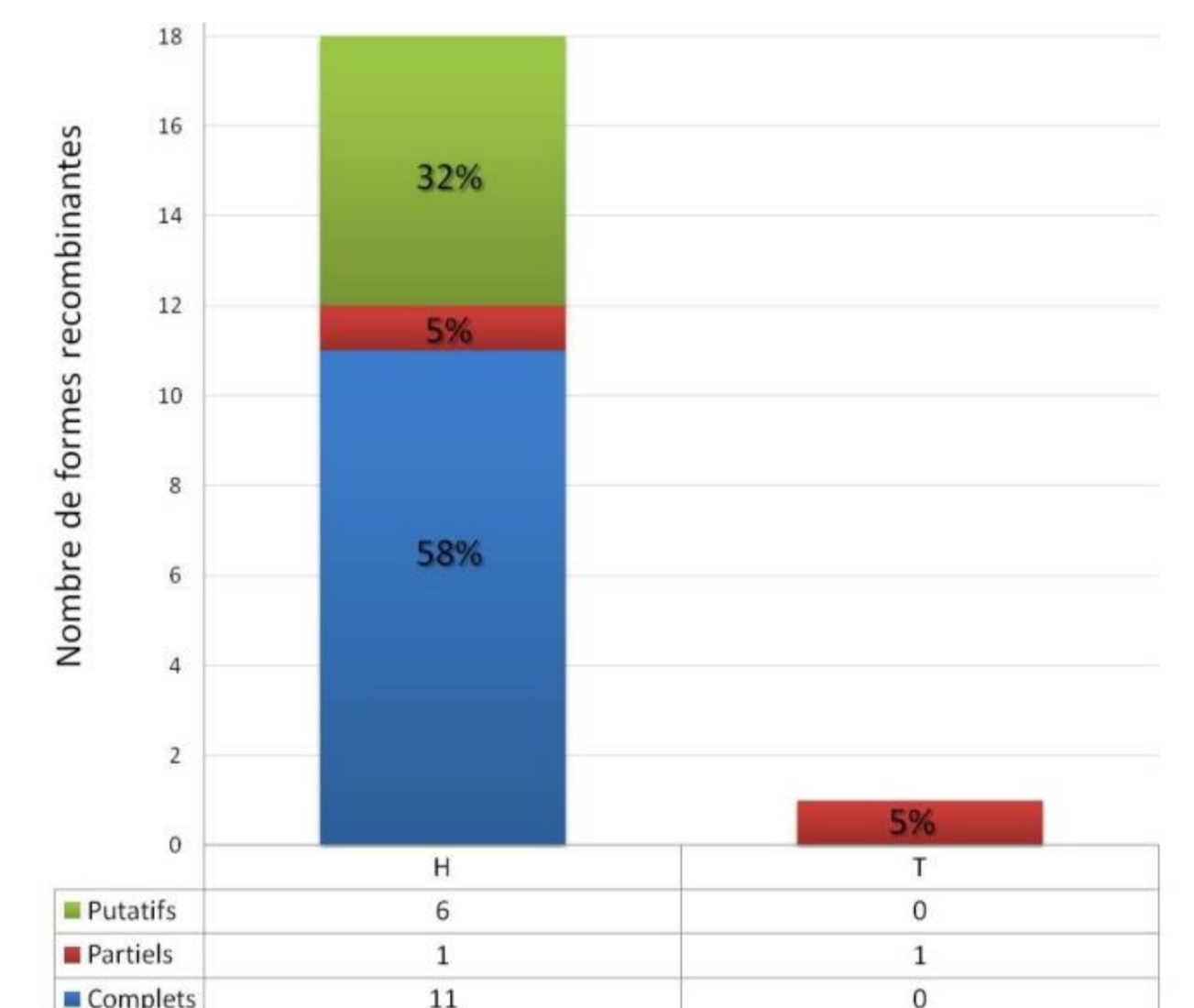


Fig. 1b : Répartition des sous-groupes de VIH-1/O des 19 recombinants décrits [7]

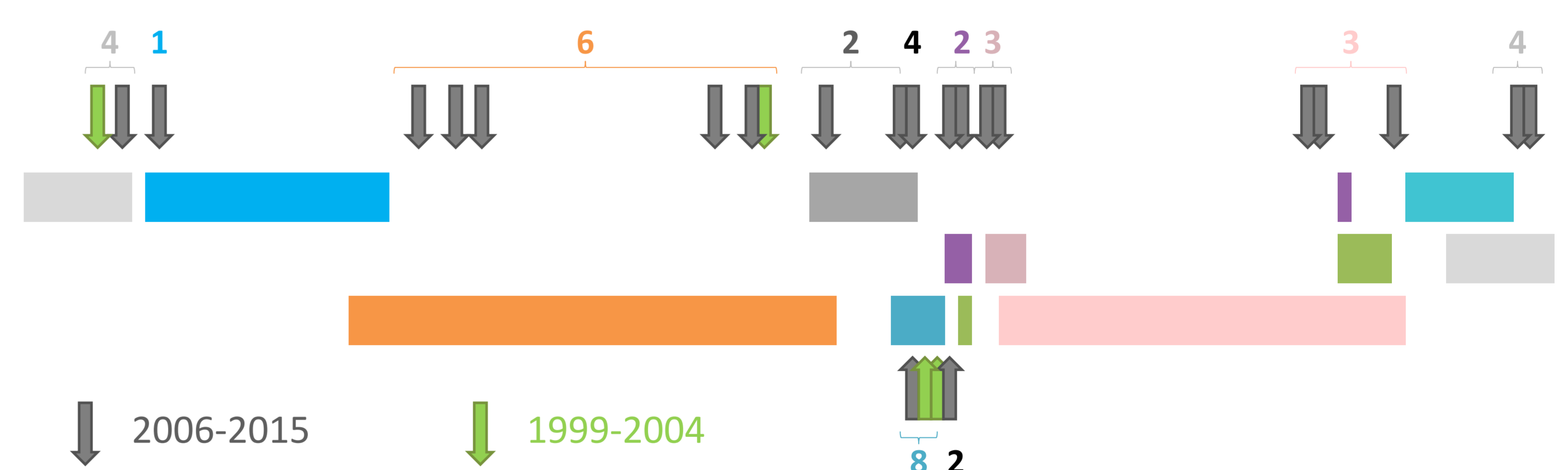


Fig. 2 : Localisation des points de cassure identifiés dans le génome des 19 recombinants décrits. Les flèches symbolisent la localisation des points de cassure dans les gènes, et les chiffres au-dessus indiquent le nombre de points de cassure identifiés dans une même région. Les flèches vertes représentent la répartition des points de cassure le long des génomes des trois formes recombinantes décrites entre 1999 et 2004 [1-3]. Les flèches grises représentent la répartition de points de cassure le long des génomes des formes recombinantes décrites entre 2006 et 2015 au Cameroun et en France.

Conclusion

Ce travail a permis de décrire et d'analyser toutes les formes recombinantes identifiées à ce jour, mettant en lumière une diversité et une complexité plus importante que supposé initialement, et offrant de nouvelles perspectives de recherche sur les conditions d'émergence et les propriétés virologiques de ces formes recombinantes inter-groupes MO.

Références

1. Peeters M, Liegeois F, Torimiro N, Bourgeois A, Mpoudi E, Vergne L, et al. Characterization of a highly replicative intergroup M/O human immunodeficiency virus type 1 recombinant isolated from a Cameroonian patient. *J Virol* 1999, **73**:7368-7375.
2. Takehisa J, Zekeng L, Ido E, Yamaguchi-Kabata Y, Mboudjeka I, Harada Y, et al. Human immunodeficiency virus type 1 intergroup (M/O) recombination in Cameroon. *J Virol* 1999, **73**:6810-6820.
3. Yamaguchi J, Bodelle P, Vallari AS, Coffey R, McArthur CP, Schochetman G, et al. HIV infections in northwestern Cameroon: identification of HIV type 1 group O and dual HIV type 1 group M and group O infections. *AIDS Res Hum Retroviruses* 2004, **20**:944-957.
4. Ngoupo PA, Sadeuh-Mba SA, De Oliveira F, Ngono V, Ngono L, Tchendjou P, et al. First evidence of transmission of an HIV-1 M/O intergroup recombinant virus. *AIDS* 2016, **30**:1-8.
5. Vessiere A, Leoz M, Brodard V, Strady C, Lemee V, Depatureaux A, et al. First evidence of a HIV-1 M/O recombinant form circulating outside Cameroon. *AIDS* 2010, **24**:1079-1082.
6. Données personnelles
7. Leoz M, Feyertag F, Kfutwah A, Mauclere P, Lachenal G, Damond F, et al. The Two-Phase Emergence of Non Pandemic HIV-1 Group O in Cameroon. *PLoS Pathog* 2015, **11**:e1005029.