



HAL
open science

Diversité et Évolution Génétique des VIH-1 de Groupe O

Marie Leoz, Felix Feyertag, Jude Kfutwah, Philippe Mauclère, Florence
Damond, Fabienne de Oliveira, Francois Simon, David L Robertson,
Jean-Christophe Plantier

► **To cite this version:**

Marie Leoz, Felix Feyertag, Jude Kfutwah, Philippe Mauclère, Florence Damond, et al.. Diversité et Évolution Génétique des VIH-1 de Groupe O. Journées Francophone de Virologie, Mar 2014, Paris, France. hal-02265062

HAL Id: hal-02265062

<https://normandie-univ.hal.science/hal-02265062v1>

Submitted on 8 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.

Diversité et Évolution Génétique des VIH-1 de Groupe O

Marie Leoz^{1,2}, Felix Feyertag³, Jude Kfutwah⁴, Philippe Maucière⁵, Florence Damond⁶, Fabienne De Oliveira¹, François Simon⁷, David L. Robertson³, Jean-Christophe Plantier^{1,2}

¹CHU Charles Nicolle, Laboratoire de Virologie, Rouen, France; ²Faculté des Sciences et Techniques, GRAM EA2656, Rouen, France; ³Faculty of Life Science, Computational and Evolutionary Biology, Manchester, UK; ⁴Centre Pasteur du Cameroun, Service de Virologie, Yaoundé, Cameroun; ⁵Ministère de la Défense, Service de Santé Interarmées, Nouméa, Nouvelle Calédonie; ⁶APHP CHU Bichat Claude Bernard, Service de Virologie, Paris, France; ⁷APHP CHU St Louis, Service de Microbiologie, Paris, France

Contexte

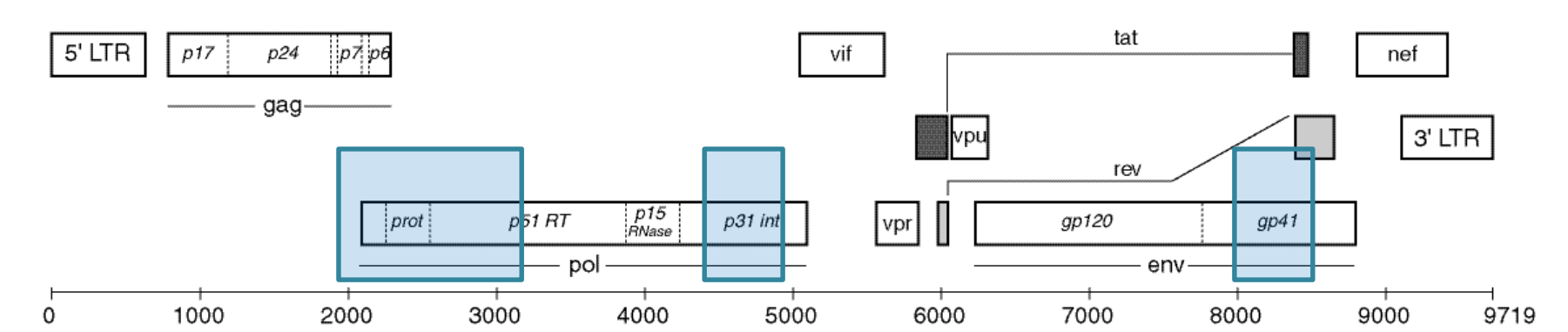
- Le VIH-1 est subdivisé en 4 groupes: M, O, N et P
- groupe M = pandémique, groupes N et P = quelques patients seulement
- **groupe O = endémique au Cameroun** (1% des infections VIH soit environ 10000 cas)
- 139 patients VIH-O identifiés en France depuis 1992
- Diversité et évolution génétique des VIH-O mal connues (peu de séquences disponibles)
- Topologie différente du VIH-M, différentes nomenclature proposées
- Introduction chez l'Homme proche du VIH-M (estimée entre 1900 et 1930)
- **Objectif** : harmoniser la nomenclature et étudier plus en détail l'évolution de ces souches grâce à la plus importante banque de séquences actuellement disponible.

Matériel et Méthodes

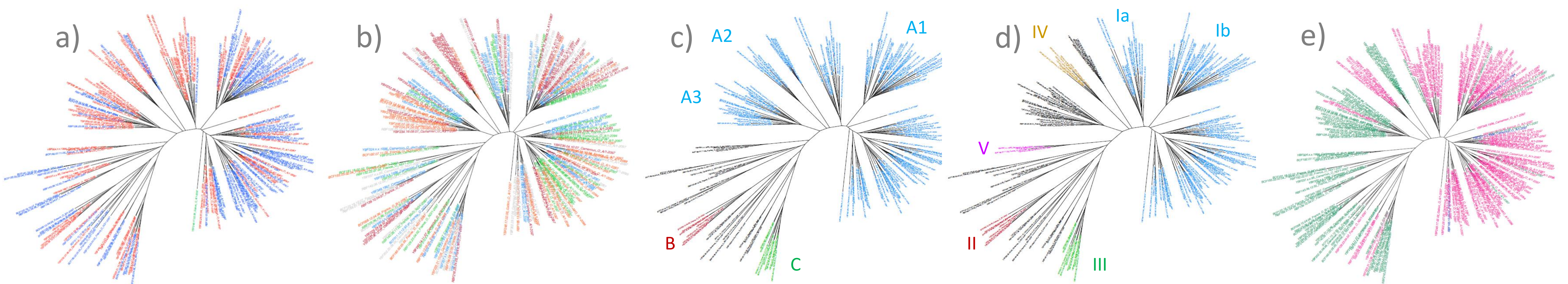
- 190 patients (102 France + 87 Cameroun + 1 Gabon)



- Prélèvements datant de 1987 à 2012
- 3 régions séquencées, concaténées et analysées

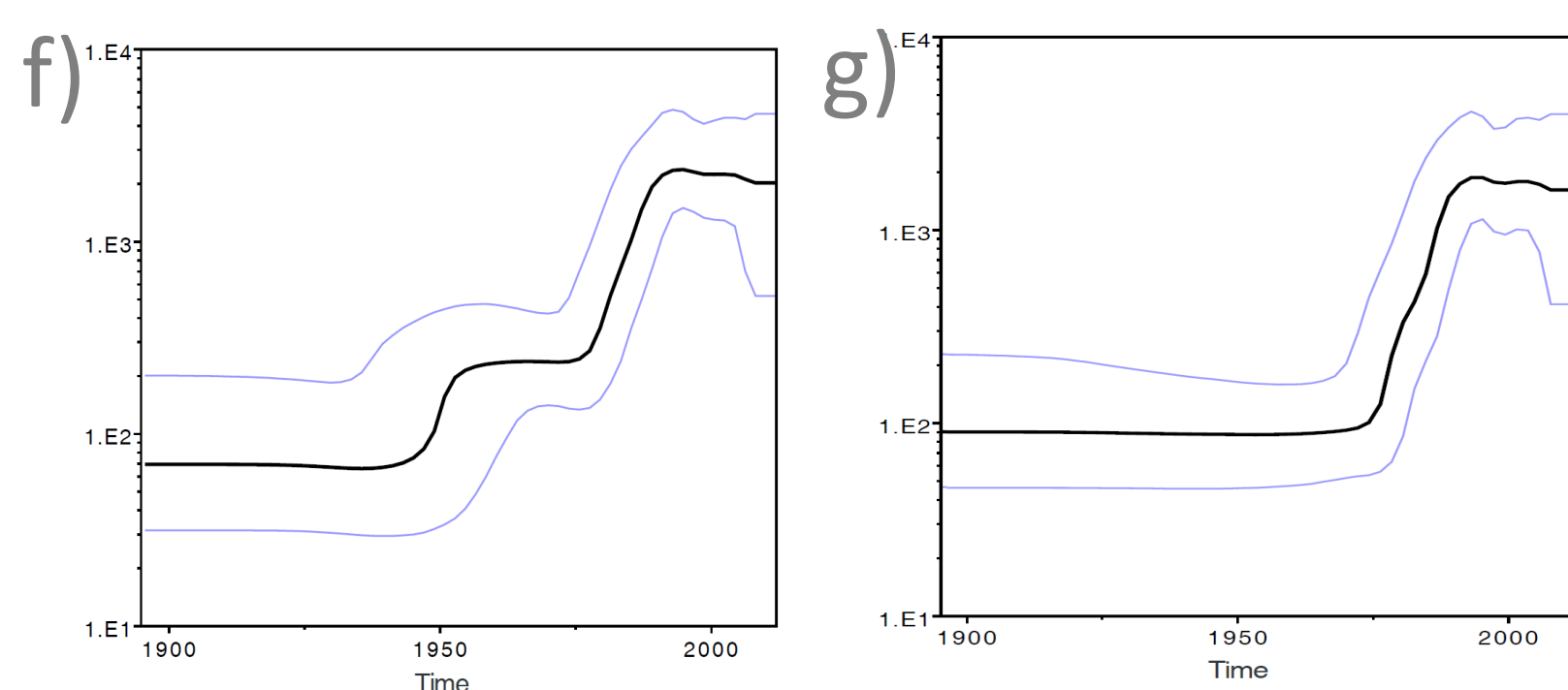


Résultats



Etude phylogénétique des VIH-O par la méthode de Maximum Likelihood:

- Les souches prélevées en France (bleu) sont dispersées parmi celles provenant du Cameroun (rouge) dans l'arbre
- La distribution des séquences ne dépend pas de la période de prélèvement (bleu: 1987-1997, N=39; vert: 1997- 2002, N=38; orange: 2003-2007, N=38, rouge: 2007-2012, N=39)
- La nomenclature proposée par Roques et al. [1] montre une population majoritaire (clade A) mais ne décrit pas toute la diversité des VIH-O
- La nomenclature proposée par Yamaguchi et al. [2] est partiellement redondante et partiellement discordante avec la précédente
- La présence de la mutation Y181C conférant la résistance aux Inhibiteurs Non Nucleosidiques de la Transcriptase Inverse est associée à la clade majoritaire, sans en être une signature (résidu en position 181: Y=vert ; C=rose ; C+Y=bleu)



Etude de l'évolution des VIH-O par inférence Bayésienne:

- Le dernier ancêtre commun des VIH-O a été ré-estimé à **1928** (95%HPD: 1913 – 1943)
- Deux vagues de croissance exponentielle de la diversité génétique sont observées: la première dans les années 50, puis la seconde dans les années 80 (f)
- En n'incluant que les séquences de la population majoritaire (clade A), seule la deuxième vague est observée (g), suggérant un développement tardif de cette population devenue majoritaire

Conclusions

- L'introduction des VIH-O chez l'Homme est bien **aussi ancienne** que celle des VIH-M
- Près d'un siècle plus tard, une **diversité génétique importante** s'est accumulée; on observe peu de clusters, du fait d'une diversification **continue et locale** au Cameroun, et une topologie en « comète » différente de la « double étoile » des sous-types VIH-M (dus à des effets fondateurs lors d'évènements d'exportation)
- **Deux populations** se distinguent:
 - Population minoritaire, à longues branches (queue de la comète / souches non-A de Roques et al. [1]): population **ancestrale**, qui s'est développée dans les **années 1950**
 - Population majoritaire, à courtes branches (tête de la comète / souches A de Roques et al. [1]): population qui a **émergé** de la première et s'est développée dans les **années 1980**
- L'existence de facteurs d'adaptation ou d'opportunités épidémiologiques différentes, ayant permis à la population émergente de devenir majoritaire, reste à explorer.

[1] Roques et al., Phylogenetic analysis of 49 newly derived HIV-1 group O strains: high viral diversity but no group M-like subtype structure. *Virology* 2002

[2] Yamaguchi et al., Evaluation of HIV type 1 group O isolates: identification of five phylogenetic clusters. *AIDS Res Hum Retroviruses* 2002