

Life & Health Medical Insights

Un nouveau sous-type L du VIH - Conséquences pour les patients ou les assureurs ?

Ce premier signalement en 19 ans d'une nouvelle souche de VIH, a suscité des commentaires dans les médias, mais les experts conviennent que le nouveau sous-type du VIH ne représente pas une menace. La souche fait partie du groupe M du VIH-1, la famille de sous-types de virus responsables de la pandémie mondiale du VIH. La souche nouvellement reconnue est classée comme sous-type L dans la famille du groupe M du VIH-1. Le «M» signifie «majeur» car il est responsable de plus de 90% des infections au VIH dans le monde.

Les laboratoires américains Abbott ont mené la recherche en collaboration avec l'Université du Missouri, Kansas City. Les résultats ont été publiés cette semaine dans le Journal of Acquired Immune Deficiency Syndromes. Pour se préparer à la prochaine pandémie, le groupe de surveillance des laboratoires Abbott séquence les virus depuis 25 ans. Les laboratoires Abbott testent plus de 60% de l'approvisionnement mondial en sang. Ces derniers recherchent en permanence de nouvelles souches et suivent celles en circulation. Ces tests et recherches assurent la non contamination par le VIH ou par l'hépatite B ou C, lors de la transfusion sanguine.

Questions et réponses:

Est-ce une souche du VIH nouvellement apparue ? La souche n'est pas nouvelle. La technologie utilisée pour étudier des séquences virales complètes s'est améliorée. La souche n'était pas reconnue comme un sous-type jusqu'à présent.

Pourquoi y a-t-il tant de souches du VIH ? Le VIH a plusieurs sous-types ou souches différents et, comme d'autres virus, il a la capacité de changer et de muter avec le temps. Il s'agit de la première nouvelle souche du VIH du groupe M identifiée depuis que des lignes directrices pour la classification des sous-types ont été établies en 2000. Il est important de savoir quelles souches du virus circulent pour garantir l'efficacité des tests utilisés pour détecter la maladie.

Quelle est la différence entre le VIH-1 et le VIH-2 ? Le VIH-1 est le type qui cause la grande majorité des infections dans le monde. Le VIH-2 est une cause importante d'infection en Afrique de l'Ouest ou dans des régions ayant des liens historiques avec l'Afrique de l'Ouest, comme le Portugal, l'Espagne, Goa, et l'Inde. L'histoire naturelle de l'infection par le VIH-2 est similaire à celle de l'infection par le VIH-1, mais se caractérise par des niveaux inférieurs de virus plasmatique, une baisse plus lente du nombre de cellules CD4 et une période asymptomatique plus longue d'infection chronique.

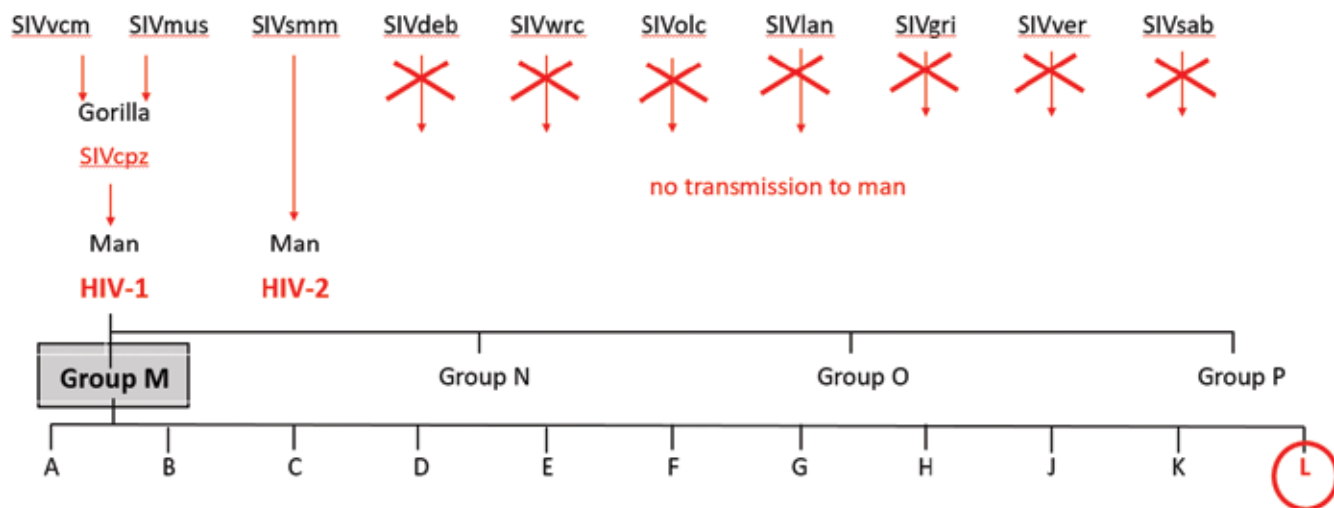
D'où vient le VIH ? Un type de chimpanzé en Afrique centrale a été identifié comme la source d'infection par le VIH chez l'homme.

La version chimpanzé du virus de l'immunodéficience (appelé virus de l'immunodéficience simienne ou SIV) a probablement été transmise à l'homme et mutée en VIH lorsque les humains ont chassé ces chimpanzés pour la viande, et sont entrés en contact avec leur sang infecté. Des études de séquence montrent que le VIH est passé des singes aux humains dès la fin des années 1800. Pendant de nombreuses années, le virus s'est lentement propagé en Afrique et plus tard dans d'autres parties du monde.

Quelle est la puissance épidémiologique de la séquence d'ARN du virus ? Les séquences du VIH-1 observées avant la reconnaissance du SIDA ont joué un rôle essentiel dans la définition de l'heure d'origine et de l'échelle de temps de l'évolution du virus. Une séquence de flacons datant de 1959 (Zaire 59) est la plus ancienne infection à VIH-1 connue. La caractérisation des séquences virales à partir d'un échantillon de biopsie des ganglions lymphatiques inclus dans la paraffine obtenu en 1960 auprès d'une femelle adulte à Léopold, Congo belge (maintenant Kinshasa, République démocratique du Congo (DRC)), a rendu possible la première étude génétique évolutive comparative des premiers pré-SIDA virus épidémiques du groupe M du VIH-1. De même, le virus de la grippe récupéré du Pergélisol en Alaska a permis la reconstruction de la pandémie mortelle de grippe de 1918 et la comparaison des séquences du Virus Ebola a permis aussi d'identifier rétrospectivement le "patient zéro" du déclenchement de l'épidémie d'Afrique de l'Ouest.

Antirétroviral et PrEP sont-ils actifs dans le nouveau sous-type du VIH ? Oui. Alors que les génotypes du virus de l'hépatite C variaient en terme de taux de réponse aux premiers traitements antiviraux, nous n'avons pas besoin de connaître le génotype du VIH

pour initier le traitement anti rétroviral, lorsqu'il n'y a pas de résistance. Dans le passé, il y avait eu des discussions sur la transmission inégale de divers sous-types du VIH, mais cela n'a pas été confirmé.



Origines du VIH. Les singes de l'Ancien Monde chimpanzé sont naturellement infectés par plus de 40 différents virus d'immunodéficience Simian, SIV. Le suffixe pointe vers l'espèce de singe d'origine, par exemple SIVsmm pour sooty manabeys. Plusieurs SIV ont franchi la barrière des espèces pour les grands singes et les humains, générant de nouveaux virus pathogènes, comme SIVcpz, VIH-1 et VIH-2, étiquetés en rouge. Les transmissions inter-espèces sont mises en évidence par des flèches rouges. Le nouveau VIH-1 groupe de virus M, sous-type L est entouré d'un cercle rouge. Le groupe M est responsable de 90% des infections à VIH dans le monde.

Questions or feedback: Contact RnD_underwriting@swissre.com

References:

1. Yamaguchi, J., et al., Complete genome sequence of CG-0018a-01 establishes HIV-1 subtype L. Journal of acquired immune deficiency syndromes, 2019.
2. Worobey, M., et al., 1970s and 'Patient 0' HIV-1 genomes illuminate early HIV/AIDS history in North America. Nature, 2016. 539(7627): p. 98-101.
3. Reid, A.H., et al., Characterization of the 1918 "Spanish" influenza virus matrix gene segment. Journal of virology, 2002. 76(21): p. 10717-23.
4. Ladner, J.T., et al., Evolution and Spread of Ebola Virus in Liberia, 2014-2015. Cell host & microbe, 2015. 18(6): p. 659-69.

Key contributors:



Dr Urs Widmer
Senior Medical Officer, Swiss Re

©2019 Swiss Re. All rights reserved.

The entire content of this factsheet is subject to copyright with all rights reserved. The information may be used for private or internal purposes, provided that any copyright or other proprietary notices are not removed. Electronic reuse of the data published in this factsheet is prohibited. Reproduction in whole or in part or use for any public purpose is permitted only with the prior written approval of Swiss Re, and if the source reference is indicated. Courtesy copies are appreciated. Although all the information used in this factsheet was taken from reliable sources, Swiss Re does not accept any responsibility for the accuracy or comprehensiveness of the information given or forward-looking statements made. The information provided and forward-looking statements made are for informational purposes only and in no way constitute or should be taken to reflect Swiss Re's position, in particular in relation to any ongoing or future dispute. In no event shall Swiss Re be liable for any loss or damage arising in connection with the use of this information and readers are cautioned not to place undue reliance on forward-looking statements. Under no circumstances shall Swiss Re or its Group companies be liable for any financial and/or consequential loss relating to this factsheet. Swiss Re undertakes no obligation to publicly revise or update any forward-looking statements, whether as a result of new information, future events or otherwise. This factsheet does not constitute legal or regulatory advice and Swiss Re gives no advice and makes no investment recommendation to buy, sell or otherwise deal in securities or investments whatsoever. This document does not constitute an invitation to effect any transaction in securities or make investments.