

# VIH-1 groupe N au Cameroun et virus apparentés chez le chimpanzé.

**P. Maucière**

Délégation générale au Réseau international des Instituts Pasteur et Instituts associés, Institut Pasteur, 28 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

3e colloque du réseau international des Instituts Pasteur et instituts associés. 14-15 octobre 1999, Institut Pasteur de Paris.

**Summary: HIV-1 N group in Cameroon and affiliated viruses in the chimpanzee.**

*The hypothesis of the recent origin of AIDS by way of one of several events of inter-species transmission has been widely accepted. Whilst the primate HIV-2 reservoir has been clearly identified, the origin of HIV-2 is still uncertain. Since 1994, collaborative studies on the variability of HIV-1 conducted at the Yaoundé Pasteur Centre have confirmed the very great diversity of circulating HIV-1 group M subtypes. This research has led to the identification of a further branch of HIV-1 phylogenesis, by the YBF30 strain, prototype for a new N group.*

*A study conducted on chimpanzees isolated the retrovirus in three of them. Complete sequencing for one of the primates showed an important similarity in the env gene with the YBF30 strain, whereas the pol gene is closer to the HIV-1 group M. These findings support the hypothesis that HIV-1 group N resulted from a recombinant event.*

*The origin of the HIV-1 group N pol fragment and more generally the origins of group M and O human viruses are still unclear. In order to complete the phylogenesis of human and non-human primate retrovirus as well as to identify two circumstances of more epidemiogenic variants, it is important to follow the variability of HIV-1 in central Africa and search for intermediary forms amongst simian species.*

HIV  
SIV  
phylogenesis  
Cameroon  
Sub-saharan Africa

VIH  
SIV  
phylogénèse  
Cameroun  
Afrique intertropicale

Depuis la mise en évidence de nombreux rétrovirus de primates, l'hypothèse d'une origine récente du sida à travers un ou plusieurs événements de transmission interspécies a été largement acceptée. Mais, bien que le réservoir primate de VIH-2 ait été clairement identifié chez l'espèce *Cercocebus atys*, l'origine de VIH-1 restait incertaine. Seuls trois virus plus proches de VIH-1, mais néanmoins distants des groupes M et O, avaient été isolés pour des infections documentées chez des chimpanzés.

Depuis 1994, les études collaboratives sur la variabilité de VIH-1 conduites au Centre Pasteur du Cameroun à Yaoundé ont confirmé la très grande diversité des sous-types du VIH-1 groupe M circulants. D'autre part, les caractéristiques épidémiologiques et virologiques de la diffusion du VIH-1 groupe O, limitée à cette région de l'Afrique centrale, ont été précisées. Ces études ont par ailleurs abouti à identifier une branche supplémentaire à la phylogénie de VIH-1, par la souche YBF 30, prototype d'un nouveau groupe N. Si cinq isolats ont à ce jour été identifiés au Cameroun, les virus de ce nouveau groupe ont, au vu des premières études épidémiologiques, une diffusion encore limitée. Il s'agit des premiers isolats humains qui se placent sur la même branche phylogénique que les souches SIV isolées antérieurement chez deux chimpanzés du Gabon et un d'origine géographique inconnue. Ces résultats nous ont conduit à mener, en collaboration avec plusieurs organisations de protection de primates africains, une étude chez des chimpanzés recueillis dans les provinces forestières du Cameroun qui a abouti à l'isolement de rétrovirus chez trois de ces primates. La réalisation de la séquence complète de l'un d'eux montre une similarité importante dans

le gène *env* avec la souche YBF 30, tandis que le gène *pol* reste plus proche de VIH-1 groupe M, supportant l'hypothèse que VIH-1 groupe N est le résultat d'un événement de recombinaison. Cette correspondance géographique de souches humaines et simiennes apporte de nouveaux arguments en faveur de l'origine de VIH-1 chez le chimpanzé. Pourtant, les questions sur l'origine du fragment *pol* de VIH-1 groupe N, et plus généralement sur l'origine des virus humains des groupes M et O, restent posées. La description récente de virus mosaïques isolés de primates du genre *Cercocebus* dans les mêmes régions d'Afrique centrale illustre l'importance des événements de recombinaison et de transmission interspécies dans la recherche de l'origine du VIH-1.

La poursuite d'une démarche de "veille microbiologique" par la suivi de la variabilité du VIH-1 en Afrique centrale, et par la recherche de formes intermédiaires parmi les espèces simiennes, reste importante pour compléter la phylogénie des rétrovirus de primates humains et non humains, mais aussi pour identifier les circonstances de diffusion de variants plus épidémiogènes.

#### Références bibliographiques

- CORBET S, MÜLLER-TRUTWIN M, VERSMISSE P, DELARUE S, AYOUBA A *et al.* - Simian immunodeficiency viruses from chimpanzees in Cameroon are strongly related in env to human immunodeficiency virus group N from the same geographic area. *J Virol*, sous presse.
- MAUCLÈRE P, LOUSSERT-AJAKA I, DAMOND F, FAGOT P, SOUQUIÈRES S *et al.* - Serological and virological characterisation of HIV-1 group O infection in Cameroon. *AIDS*, 1997, 11, 445-453.
- SIMON F, MAUCLÈRE P, ROQUES P, LOUSSERT-AJAKA I, MÜLLER-TRUTWIN M, SARAGOSTI S *et al.* - Identification of a new human immunodeficiency virus type I distinct from group M and group O. *Nature Medicine*, 1998, 4, 1032-1037.