

Wie entwickelt sich das Aids-Virus?

Autor(en): **Goubet, Fabien**

Objektyp: **Article**

Zeitschrift: **Horizonte : Schweizer Forschungsmagazin**

Band (Jahr): **26 (2014)**

Heft 103

PDF erstellt am: **15.08.2024**

Persistenter Link: <https://doi.org/10.5169/seals-968048>

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern.

Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden.

Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

Haftungsausschluss

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

Wie entwickelt sich das Aids-Virus?

Durch seine Rekombinationsfähigkeit sorgt das HIV in der Aids-Forschung für Kopfzerbrechen. Wertvolle Hinweise zu diesem Phänomen liefert nun die Analyse von Virengenomen, die aus breiten Bevölkerungsgruppen isoliert wurden.

Von Fabien Goubet

Das HIV ist ein Virus mit vielen Gesichtern: Es gibt verschiedene Subtypen, die jeweils charakteristische Gensequenzen aufweisen. Anzutreffen sind diese Subtypen nicht ausschliesslich, aber meistens in spezifischen Weltregionen wie Asien oder Südamerika oder in bestimmten Risikogruppen, beispielsweise bei Personen, die injizierbare Drogen konsumieren oder im Sexgewerbe tätig sind. Um das Ganze noch komplizierter zu machen, kann aus zwei dieser Subtypen ein völlig neuer Subtyp entstehen, genau wie beim Grippevirus. Dies wird als Rekombination bezeichnet, ein Phänomen, das beim HIV erstmals 1996 beobachtet wurde. Seither entdecken die Virologen jährlich mehrere neue Rekombinationen.

Noch ist nicht genau bekannt, in welchem Ausmass die Rekombination die weltweite Entwicklung des Virus beeinflusst. Trägt sie zur Diversifizierung des Genoms bei - oder im Gegenteil zu einer Homogenisierung? Ohne eine breit angelegte Analyse ist diese Frage schwierig zu beantworten. Das Forschungsteam um Séverine Vuilleumier, das an der Universität Lausanne und am Universitätsspital Lausanne tätig ist, hat ein mathematisches Werkzeug entwickelt, um die demografische Geschichte der HIV-Subtypen besser beschreiben und daraus Trends für seine zukünftige Entwicklung ableiten zu können.

Keine Regel ist in Stein gemeisselt

Die Forschenden begannen zuerst damit, die genetischen Sequenzen von in China isolierten Subtypen zu analysieren. Mit ihrer Methode gelang es ihnen, die Geschichte mehrerer Infektionswellen in diesem Land nachzuzeichnen. So konnten die Autoren nachweisen, dass in China die Subtypen B und C, die thailändischen bzw. indischen Ursprungs sind, in den 1980er Jahren zuerst eine Epidemie unter den Drogenkonsumierenden verursachten. «Diese Epidemie fällt mit der Explosion des Drogenhandels in dieser Weltregion zusammen», sagt Séverine Vuilleumier.



Ma Ru aus Shanghai in China, sieben Jahre alt, wurde mit Aids geboren.

Bild: Keystone/EPA/Michael Reynolds

Mit der Ausbreitung der Epidemie nahm die Zahl der Rekombinationen zu. In den 1990er Jahren brach dann eine zweite Epidemie mit dem Subtyp CRF01-AE unter den männlichen Homosexuellen aus. Diese Welle war für die stärkste Zunahme der Infektionen in China verantwortlich. Auch heute noch dominieren diese drei Subtypen und zahlreiche Rekombinationen.

«In China scheint also ein enger Zusammenhang zwischen den dominierenden Subtypen und den Risikogruppen und ihren Interaktionen zu bestehen», stellt Séverine Vuilleumier fest. «Diese Regel ist aber keineswegs in Stein gemeisselt. In Südamerika sind es, wie wir zeigen konnten, aufeinanderfolgende Migrationswellen.»

Als Fortsetzung ihrer Analysen untersuchten die Forschenden die Virengenome auf weltweiter Ebene. «Es lässt sich eine zunehmende Homogenisierung der Rekombinationen feststellen», erklärt Séverine Vuilleumier. «Daraus kann man

jedoch nicht schliessen, dass es bald nur noch einen einzigen HIV-Typus geben wird. Eine aus dem Nichts auftauchende neue Rekombination kann alles wieder auf den Kopf stellen.» Gegenwärtig beteiligen sich auch der Virologe Amalio Telenti vom Universitätsspital Lausanne und der Populationsgenetiker Jeffrey Jensen von der ETH Lausanne an den Arbeiten. «Die meisten Forschungsarbeiten befassen sich nicht mit den Rekombinationen. Wir konnten nun auch Schnittstellen zu diesen Wissenschaftsteams schaffen. Vielleicht tragen unsere Ergebnisse dazu bei, die wichtigsten Subtypen und Rekombinationen genauer ins Visier gezielter Therapien zu rücken», schliesst die Forscherin.

Fabien Goubet ist Wissenschaftsjournalist bei «Le Temps».