Zeitschrift: Horizonte : Schweizer Forschungsmagazin

Herausgeber: Schweizerischer Nationalfonds zur Förderung der Wissenschaftlichen Forschung

Band: 26 (2014)

Heft: 103

Artikel: Wie entwickelt sich das Aids-Virus?

Autor: Goubet, Fabien

DOI: https://doi.org/10.5169/seals-968048

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Mehr erfahren

Conditions d'utilisation

L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. En savoir plus

Terms of use

The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. Find out more

Download PDF: 13.07.2025

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, https://www.e-periodica.ch

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

Ma Ru aus Shangcai in China, sieben Jahre alt, wurde mit Aids geboren.
Bild: Keystone/EPA/Michael Reynolds

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.

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».