

# GRIV - Cohorte sur la génomique de la résistance/susceptibilité face à l'infection par VIH-1

Responsable(s) :Zagury Jean-Francois, CHAIRE DE BIOINFORMATIQUE CNAMLaboratoire de physiologie cellulaire

Date de modification : 06/06/2013 | Version : 2 | ID : 60149

## Général

### Identification

Nom détaillé Cohorte sur la génomique de la résistance/susceptibilité face à l'infection par VIH-1

Sigle ou acronyme GRIV

Numéro d'enregistrement (ID-RCB ou EUDRACT, CNIL, CPP, etc.) Accord CNIL : 10/04/1995

### Thématiques générales

Domaine médical Biologie  
Maladies infectieuses

Déterminants de santé Génétique

Mots-clés taux de lymphocytes cd4+, non progresseurs, charge virale, évènements cliniques, déclenchement rapide, séroconversion documentée, évènements de santé, séropositivité, suivi

### Responsable(s) scientifique(s)

Nom du responsable Zagury

Prénom Jean-Francois

Adresse 75003 PARIS

Email zagury@cnam.fr

Laboratoire CHAIRE DE BIOINFORMATIQUE CNAMLaboratoire de physiologie cellulaire

Organisme CNAM

### Collaborations

Participation à des projets, des réseaux, des consortiums Oui

Précisions	Implication dans un réseau de cohorte : Cohortes SIDA liées à l'Agence Nationale de la Recherche sur le SIDA et les Hépatites (ANRS) dans le cadre du consortium de Génomique du SIDA de l'ANRS
<b>Financements</b>	
Financements	Publique
Précisions	SIDACTION, ANRS, Ministère de l'Education, de la Recherche et de la Technologie
<b>Gouvernance de la base de données</b>	
Organisation(s) responsable(s) ou promoteur	CHAIRE DE BIOINFORMATIQUE CNAM
Statut de l'organisation	Secteur Public
<b>Contact(s) supplémentaire(s)</b>	
<b>Caractéristiques</b>	
<b>Type de base de données</b>	
Type de base de données	Bases de données issues d'enquêtes
Base de données issues d'enquêtes, précisions	Etudes de cohortes
Origine du recrutement des participants	Via une sélection de services ou établissements de santé
Le recrutement dans la base de données s'effectue dans le cadre d'une étude interventionnelle	Non
Informations complémentaires concernant la constitution de l'échantillon	Rétrospectif
<b>Objectif de la base de données</b>	
Objectif principal	Objectif général : déterminer les polymorphismes (variations) génétiques qui favorisent/défavorisent l'infection et/ou la progression vers le Sida. Objectif secondaire : comprendre les mécanismes moléculaires de pathogenèse de l'infection par VIH-1 et en conséquence, développement rationnel de nouvelles stratégies thérapeutiques ou

diagnostiques.

Critères d'inclusion

Sujets non progressseurs : sujets séropositifs depuis plus de 8 ans sans signes cliniques, sans traitement, et avec des taux de lymphocytes cd4+ supérieurs à 500/mm<sup>3</sup>

Sujets progressseurs rapides : sujets dont le taux de lymphocytes cd4+ a chuté sous 300/mm<sup>3</sup> moins de 3 ans après la séroconversion

Type de population

Age

Adulte (19 à 24 ans)  
Adulte (25 à 44 ans)  
Adulte (45 à 64 ans)

Population concernée

Sujets malades

Sexe

Masculin  
Féminin

Champ géographique

National

Détail du champ géographique

Cohorte multicentrique française

Collecte

Dates

Année du premier recueil

09/1995

Taille de la base de données

Taille de la base de données (en nombre d'individus)

< 500 individus

Détail du nombre d'individus

400

Données

Activité de la base

Collecte des données terminée

Type de données recueillies

Données cliniques  
Données déclaratives  
Données biologiques

Données cliniques, précisions

Dossier clinique  
Examen médical

Détail des données cliniques recueillies

Examen clinique à l'inclusion Informations recueillies lors de l'examen clinique : symptômes liés au sida

Données déclaratives,  
précisions

Face à face

Détail des données déclaratives  
recueillies

Questionnaire par entretien à l'inclusion  
Informations recueillies lors de l'entretien : date de naissance, sexe, mode de contamination, date présumée, première date de séropositivité documentée, dernière date de séronégativité documentée, passé clinique, bilans biologiques notamment hématologiques

Données biologiques, précisions

Type de prélèvements réalisés : 4 tubes de sang

Existence d'une biothèque

Oui

Contenu de la biothèque

Sérum  
ADN

Détail des éléments conservés

Sérothèque, DNATHèque

Paramètres de santé étudiés

Evénements de santé/morbidité  
Evénements de santé/mortalité

## Modalités

Mode de recueil des données

Entretiens : saisie à partir d'un questionnaire papier (saisie manuelle) avec double saisie  
Examens cliniques : étape manuscrite avec double saisie  
Examens biologiques : étape manuscrite avec double saisie

Procédures qualité utilisées

Présence d'une requête de cohérence après la saisie des données informatiques  
Gestion des données manquantes par retour au dossier source et/ou retour vers un tiers  
Autre(s) procédure(s) qualité : contacts réguliers avec les médecins traitants sur la durée du suivi prévu  
Les patients sont informés de l'utilisation de leur données

Suivi des participants

Oui

Détail du suivi

Durée indéterminée

Appariement avec des sources administratives

Non

## Valorisation et accès

### Valorisation et accès

Lien vers le document

<http://tinyurl.com/HAL-GRIV>

Description

Liste des publications dans HAL

Lien vers le document

[http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/?term=GRIV+AND+Zagury\[Author\]](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/?term=GRIV+AND+Zagury[Author])

Description

Liste des publications dans Pubmed

## Accès

Charte d'accès aux données (convention de mise à disposition, format de données et délais de mise à disposition)

Utilisation possible des données par des équipes académiques  
Condition d'accès collaboration avec d'autres équipes travaillant sur le même thème de génomique du sida. Utilisation possible des données par des industriels : à déterminer

Accès aux données agrégées

Accès restreint sur projet spécifique

Accès aux données individuelles

Accès restreint sur projet spécifique