

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 progressseurs, charge virale, évènements cliniques, déclenchement rapide, séroconversion documentée, événements 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
Financements	
Financements	Publique
Précisions	SIDACTION, ANRS, Ministère de l'Education, de la Recherche et de la Technologie
Gouvernance de la base de données	
Organisation(s) responsable(s) ou promoteur	CHAIRE DE BIOINFORMATIQUE CNAM
Statut de l'organisation	Secteur Public
Contact(s) supplémentaire(s)	
Caractéristiques	
Type de base de données	
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
Objectif de la base de données	
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/mm3 Sujets progressseurs rapides : sujets dont le taux de lymphocytes cd4+ a chuté sous 300/mm3 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, DNAtèque
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