Disponible en ligne sur ScienceDirect www.sciencedirect.com

Elsevier Masson France EM|consulte www.em-consulte.com

TRANSFUSION CLINIQUE ET BIOLOGIQUE

Transfusion Clinique et Biologique 15 (2008) 406–415

Revue générale

Les anellovirus (TTV et variants) : données actuelles dix ans après leur découverte

Anelloviruses (TTV and variants): State of the art 10 years after their discovery

P. Biagini *, P. de Micco

CNRS UMR 6578 équipe « émergence et coévolution virale », établissement français du sang Alpes-Méditerranée, université de la Méditerranée, CTRS « infectiopôle sud », 27, boulevard Jean-Moulin, 13005 Marseille, France

Résumé

Identifiés pour la première fois il y a dix ans, les anellovirus combinent des caractéristiques les rendant particulièrement intrigants. À l'appui d'une extrême diversité génétique et d'une forte prévalence dans les populations, leur histoire naturelle reste fortement méconnue de même que leur implication en santé humaine. Présents dans le sang et les produits dérivés, ils sont très probablement de remarquables exemples de coexistence et de coévolution chez leurs différents hôtes. Cet article passe en revue les différentes données épidémiologiques et moléculaires caractérisant cette nouvelle famille virale.

© 2008 Elsevier Masson SAS. Tous droits réservés.

Abstract

Ten years after their discovery, anelloviruses combine some characteristics making them particularly intriguing. In support of their extreme genetic diversity and high prevalence in various populations, their natural history is still poorly understood along with their implication in human health. These viruses have been identified in blood and blood-derived products, and are probably remarkable examples of co-existence and co-evolution in their various hosts. This article presents epidemiological and molecular characterizing this new viral family.

© 2008 Elsevier Masson SAS. Tous droits réservés.

Mots clés : Anellovirus ; TTV ; Virus ; Émergence ; Sang

Keywords: Anelloviruses; TTV; Virus; Emergence; Blood

1. Introduction

À la fin de 1997, l'isolement d'un fragment d'ADN d'origine virale dans un échantillon de sang humain a initié l'étude d'un nouveau groupe de virus : les anellovirus. Dix ans après leur découverte, et à l'appui de près de 800 publications, les données collectées sur ces virus ont déjà souligné l'extrême diversité génétique les caractérisant, leur forte prévalence dans les populations, leur présence chez certaines espèces animales, des modes de transmission non encore clairement définis et une implication en santé humaine encore controversée.

Présents dans les produits sanguins, les anellovirus ne sont donc que très partiellement connus. La complexité de leur histoire naturelle et les nombreuses questions relatives à leurs présence et diversité chez leurs hôtes légitiment leur étude, à côté des virus habituellement dépistés en transfusion sanguine.

* Auteur correspondant.
Adresses e-mail : pbiagini-ets-ap@gulliver.fr, philippe.biagini@univmed.fr (P. Biagini).

1246-7820/$ – see front matter © 2008 Elsevier Masson SAS. Tous droits réservés.
doi:10.1016/j.tracli.2008.10.003

2. Historique des découvertes

2.1. Chez l'homme

Le *Torque teno virus* (TTV) est le premier virus possédant un génome à ADN circulaire simple brin identifié chez l'homme (Tableau 1). Il a été découvert en 1997 au Japon suite à l'application d'une technique de soustraction génique appelée *Representational difference analysis* (RDA) [1,2]. Le sérum témoin ayant servi à l'isolement provenait d'un patient (initiales T.T.) souffrant de troubles cardiaques et présentant une hépatite posttransfusionnelle non A-G. Par utilisation de la technique de RDA sur deux échantillons sanguins prélevés avant et après le pic de transaminases constaté chez le patient, un clone contenant un fragment de séquence ADN d'environ 500 nucléotides (nt) a été isolé. Ce clone (N22) ne présentait aucune homologie avec les séquences présentes dans les bases de données à cette date. Quelques mois plus tard, un enchaînement d'environ 3700 nt était obtenu par extension de séquence réalisée à l'aide de la technique de *polymerase chain reaction* (PCR) [3]. Enfin, au début de 1999, deux équipes indépendantes démontraient le caractère circulaire du génome viral (3853 nt/prototype TTV-1a) après la résolution d'une séquence additionnelle riche en G+C d'environ 120 nt [4,5].

Le *Torque teno mini virus* (TTMV) a été identifié à la fin de 1999 au cours d'une étude de prévalence du TTV chez des donneurs de sang. L'analyse de produits d'amplification de taille différente à celle attendue a, dans un premier temps, permis d'identifier des séquences hautement divergentes par rapport au TTV, puis, à l'aide de techniques de PCR inversées, plusieurs génomes circulaires d'environ 2900 nt ont été caractérisés [6,7]. Initialement désigné *TTV-like mini virus* (TLMV) par analogie avec le TTV, le virus a été officiellement nommé TTMV après une réévaluation taxonomique par le Comité international pour la taxonomie des virus (ICTV) [8].

En 2005, un troisième variant provisoirement appelé *small anellovirus* a été identifié chez des patients présentant une sérologie positive pour le VIH [9]. L'équipe à l'origine de la découverte a, dans ce cas, employé une approche séquence-indépendante appelée *sequence-independent single primer amplification* (SISPA), déjà utilisée dans l'identification de nouvelles espèces de parvovirus bovins [10]. Deux séquences d'environ 2200 nt et 2600 nt, fortement divergentes par rapport aux TTV et TTMV, ont ainsi été caractérisées.

2.2. Chez l'animal

Dès 1999, suite à l'identification de nouvelles séquences virales chez plusieurs espèces animales il est devenu évident que l'infection à anellovirus n'était pas restreinte à l'homme. Ainsi, des séquences complètes, généralement hautement divergentes, ont pu être caractérisées chez certains primates non humains (chimpanzé, 2785 nt ; macaque, 3763 nt), rongeurs (tupaïa, 2200 nt ; tamarin, 3371 nt), animaux domestiques (chat, 2019 nt ; chien, 2797 nt) ou de ferme (porc, 2878 nt) [11–16].

3. Le virus

3.1. Particules virales

Les anellovirus sont des virus non enveloppés, d'un diamètre voisin de 30 nm [3]. Leur densité en cholure de césium a été estimée à 1,32 g/cm^3 pour le TTV et 1,28 g/cm^3 pour le TTMV [3,6]. Leur génome est à ADN circulaire simple brin, et de polarité négative comme démontré par des études d'hybridation utilisant des sondes nucléotidiques sens ou antisens [3]. Ces génomes sont hydrolysables par l'action de la DNase I ou de la nucléase Mung Bean [3].

3.2. Organisation génomique

L'étude des différentes séquences complètes révèle une organisation génomique fortement conservée [13–15]. Ainsi on

Tableau 1
Classification des virus à ADN circulaire simple brin.

Famille	Genre	Espèce-type	Hôte
Anellovirus		Torque teno virus	Homme, animaux
Circoviridae	*Circovirus*	Porcine circovirus	Animaux
	Gyrovirus	Chicken anemia virus	Animaux
Geminiviridae	*Mastrevirus*	Maize streak virus	Plantes
	Curtovirus	Beet curly top virus	Plantes
	Topocuvirus	Tomato pseudo-curly top virus	Plantes
	Begomovirus	Bean golden mosaic virus	Plantes
Inoviridae	*Inovirus*	Enterobacteria phage M13	Bactéries
	Plectrovirus	Archoleplasma phage MV-L51	Bactéries
Microviridae	*Microvirus*	Coliphage PhiX174	Bactéries
	Spiromicrovirus	Spiroplasma phage 4	Spiroplasmes
	Bdellomicrovirus	Bdello vibrio phage MAC1	Bactéries
	Chlamidyamicrovirus	Chlamydia phage 1	Bactéries
Nanoviridae	*Nanovirus*	Subterranean clover stunt virus	Plantes
	Babuvirus	Banana bunchy top virus	Plantes

Download English Version:

https://daneshyari.com/en/article/1105890

Download Persian Version:

https://daneshyari.com/article/1105890

Daneshyari.com