

LE BOCAVIRUS HUMAIN (HBoV) : UN NOUVEAU PATHOGÈNE RESPIRATOIRE ?

Vincent Foulongne ^{a,*}, Michel Segondy ^a

Résumé

Un nouveau virus a été très récemment identifié par biologie moléculaire dans des prélèvements respiratoires chez de jeunes enfants. Ce virus est un nouveau représentant de la famille des *Parvoviridae* et a été classé dans le genre *Bocavirus* aux côtés du parvovirus bovin (BPV) et du virus minute canin (MCV). Quelques études ont depuis été conduites sur ce virus qui est désormais appelé le bocavirus humain (HboV). Les premières conclusions sur l'épidémiologie de ce nouveau virus révèlent une prévalence assez importante, comprise entre 3 à 10 % des infections respiratoires de l'enfant, une association fréquente avec d'autres virus respiratoires, une répartition mondiale et l'absence de réelle distribution saisonnière. Un seul type viral semble circuler dans la population cible qui apparaît être essentiellement les jeunes enfants. Les données cliniques disponibles ne permettent pas la mise en évidence de spécificité par rapport aux autres viroses respiratoires. A ce jour, les liens de causalité entre la présence de ce nouveau virus découvert par génie moléculaire et une pathologie respiratoire sont loin d'être établis. Le rôle exact du HBoV en pathologie humaine reste donc à confirmer.

Bocavirus humain – HboV – *Parvoviridae* 6 – infection respiratoire.

Summary: Human bocavirus (HboV): a new respiratory pathogen?

A new virus has been recently identified by molecular biology technics in respiratory samples collected from young children with respiratory disease. This virus is a new member of the Parvoviridae family and has been classified in the Bocavirus genus. This virus named human bocavirus (HboV) is genetically related to the bovine parvovirus and the canine minus virus that belong to the

Bocavirus genus. Recent studies conducted in different countries showed that this virus is found in 3 to 10 % of children with respiratory disease worldwide with no real seasonal distribution and that it is frequently associated with other respiratory pathogens. Genetic analysis indicated that this virus probably includes only one type. The clinical signs are not different from those caused by other respiratory viruses. The exact role played by this virus in human diseases needs to be further investigated.

Human bocavirus – HboV – *Parvoviridae* – respiratory tract infection.

1. Introduction

Les infections virales aiguës du tractus respiratoire représentent une des premières causes de morbidité à l'échelle mondiale. Si ces infections sont souvent sans conséquences délétères majeures pour les sujets sains, elles génèrent un coût important en termes de prise en charge mais également en termes de perte de productivité. Néanmoins, certaines populations sont particulièrement sensibles à ces infections virales comme les très jeunes enfants, les vieillards et les patients immunodéprimés.

Les agents étiologiques les plus fréquemment retrouvés sont le virus respiratoire syncytial (VRS) et les virus influenzae (grippe A et B), mais également les adénovirus, les virus parainfluenzae (PIV1-3), les rhinovirus et les coronavirus humains [11]. Toutefois en dépit de réels progrès dans les tests diagnostiques, une proportion importante, estimée entre 12 et 40 % d'infections respiratoires, ne peut être reliée à aucun agent pathogène connu [10]. Ces dernières années, de nouveaux virus à tropisme respiratoire ont été décrits grâce notamment aux performances des approches moléculaires. En 2001, un nouveau *Pneumovirus* proche du VRS, le metapneumovirus humain (HMPV) a été isolé pour la première fois par une équipe hollandaise [15]. La liste déjà longue s'est encore étoffée par la caractérisation en 2004 et 2005 de deux nouveaux coronavirus humains (HCoV), le HCoV-NL63 et le HCoV-HKU1, identifiés respectivement en Hollande [6] et à Hong Kong [17]. Aux côtés de ces « anciens » virus découverts par de « nouvelles » techniques, il faut également signaler la menace permanente d'émergence de nouveaux virus respiratoires pathogènes pour l'homme, à partir de souches animales comme en témoignent les épisodes récents liés aux virus influenza aviaires ou au coronavirus (SARS-CoV) responsable du syndrome respiratoire aigu sévère

^a Laboratoire de virologie
Centre hospitalier universitaire – Hôpital Saint-Eloi
80, av. A. Fliche
34295 Montpellier cedex

* Correspondance
v-foulongne@chu-montpellier.fr

article reçu le 7 septembre, accepté le 5 octobre 2006.

© 2006 - Elsevier Masson SAS - Tous droits réservés.

(SRAS). Enfin, encore plus récemment, une équipe suédoise, a mis en évidence un nouveau virus respiratoire grâce à une approche moléculaire originale. Les analyses de séquence ainsi que l'organisation génomique de ce nouveau virus révèlent une proximité phylogénétique avec deux virus animaux : le parvovirus bovin (BPV) et le virus minute canin (MVC). Ces virus sont des membres du genre *Bocavirus* de la sous-famille des *Parvovirinae*, famille des *Parvoviridae*. Les auteurs ont donc proposé le nom de bocavirus humain (HBoV) [1].

HBoV a été isolé pour la première fois dans des prélèvements respiratoires d'enfants présentant des infections respiratoires basses suggérant que ce nouveau virus soit l'agent étiologique de ces pathologies.

2. Aspects virologiques

Étymologiquement, le terme parvovirus évoque des virus de petites tailles. Les *Parvoviridae* sont en effet des virus à ADN non enveloppés parmi les plus petits caractérisés. Ils présentent un génome constitué d'un ADN simple brin d'environ 5 Kb. La famille des *Parvoviridae* regroupe deux sous-familles, les *Densovirinae* dont les représentants infectent essentiellement les arthropodes et les *Parvovirinae* qui infectent les mammifères et certains oiseaux. La sous-famille des *Parvovirinae* est elle-même subdivisée en de nombreux genres. Le genre *Parvovirus* comprend de nombreuses espèces pathogènes chez les animaux notamment les porcs, les carnivores domestiques mais également certains rongeurs et palmipèdes (parvovirus porcin, virus de la panleucopénie féline, parvovirus canin 1 et 2, parvovirus du canard, virus entérique du vison...) (figure 1). Le genre *Erythrovirus* comprend des espèces qui ont un tropisme pour les lignées érythrocytaires tel le parvovirus B19 qui infecte l'homme. Le genre *Dependovirus* regroupe essentiellement les *adeno-associated virus* (AAV) qui sont des virus défectifs. Enfin, le genre *Bocavirus* qui ne comptait jusqu'à présent que deux représentants avec le virus minute canin (MVC) et le parvovirus bovin (BPV).

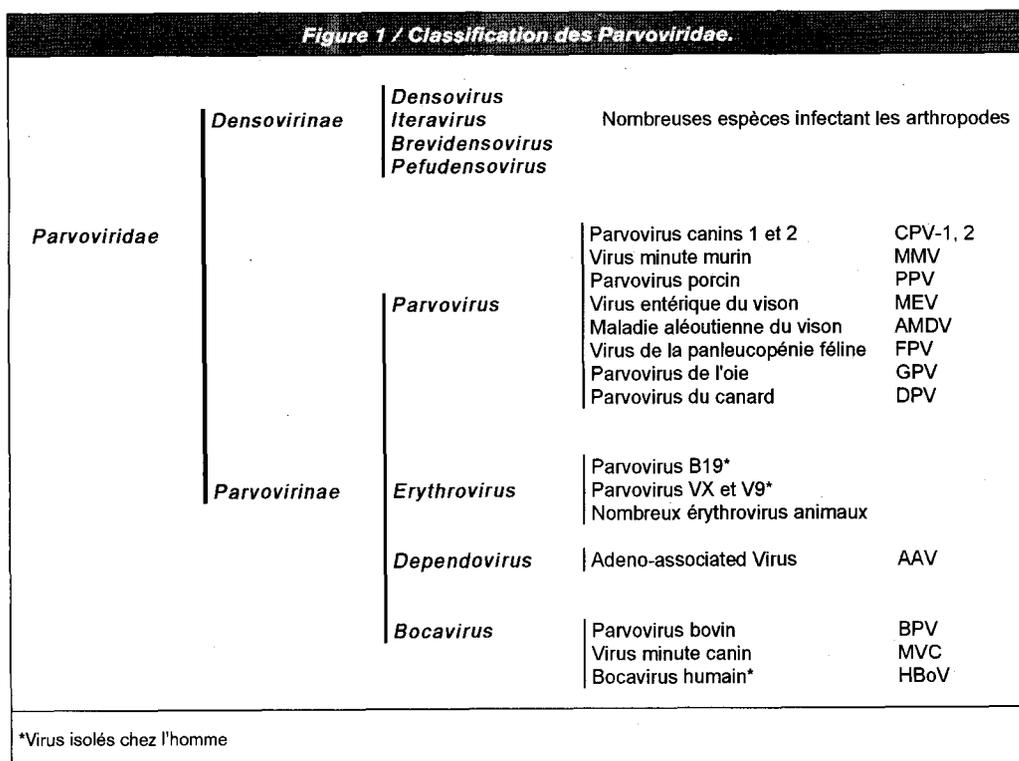
L'organisation génomique de ces virus comprend des séquences codant pour des protéines non structurales en 5' du génome (gènes *NS*, *NP*...) et une succession de cadres ouverts de lecture chevauchants en 3' qui codent pour 2 à 3 protéines de capsid (gènes *VP1*, *VP2* et *VP3*). Ces protéines de capsides s'organisent en une capsid icosaédrique.

Le génome du HBoV possède un gène codant pour des protéines non structurales *NS1* et deux gènes codant pour les protéines de capsid *VP1* et *VP2*. Il existe un troisième cadre ouvert de lecture dénommé *NP1*, dont la fonction est inconnue (figure 2). La capsid est constituée des deux protéines *VP1* et *VP2* dans des proportions différentes, la protéine *VP2* étant la protéine majeure de la capsid des *Parvoviridae*.

La majorité des virus respiratoires sont des virus à ARN pour lesquels on observe généralement une hétérogénéité génétique assez importante. Celle-ci est illustrée avec la grande variabilité des virus influenza, les différents génotypes de VRS, ou encore les groupes et sous-groupes de metapneumovirus humain [7]. Chez le virus HBoV, virus à ADN, les séquences actuellement disponibles ont au contraire une grande homogénéité parmi les souches isolées dans les différents pays, les séquences déposées dans GenBank lors de nos études [8, 9] ne montrent que des variations mineures, et cela aussi bien dans les gènes codant pour la protéine de capsid *VP2* que dans le gène codant pour la protéine *NP1*. Il semble donc qu'il ne circule actuellement dans la population qu'un seul type de HBoV.

3. Aspects épidémiologiques

Dans l'étude initiale suédoise, le HBoV fut détecté dans une proportion de 3,1 % des prélèvements respiratoires d'enfants ayant une infection respiratoire basse. Dans cette étude, deux cas de co-infections avec le VRS et un cas avec un adénovirus ont été mis en évidence [1]. Peu de temps après, une équipe australienne rapporta une prévalence de 5,6 % chez des enfants de moins de 3 ans, faisant ainsi



Download English Version:

<https://daneshyari.com/en/article/7665542>

Download Persian Version:

<https://daneshyari.com/article/7665542>

[Daneshyari.com](https://daneshyari.com)