

Génotypage des souches de norovirus circulant dans des populations symptomatiques et asymptomatiques au Burkina Faso



HUYNEN P (1, 3), MAUROY A (2, 3), MARTIN C, BOREUX R (1), THIRY E (2), DE MOL P (1), MELIN P (1)

- 1 Centre Hospitalier Universitaire de Liège, Service de Microbiologie Médicale, B-4000 Liège, Belgique.
- 2 Université de Liège, Faculté de Médecine Vétérinaire, Département des maladies infectieuses et parasitaires, Virologie vétérinaire et maladies virales animales, B-4000 Liège, Belgique.
- 3 Les deux auteurs ont contribué pour part égale à ce travail

Introduction

Les norovirus (NoV), famille Calciviridae genre Norovirus, infectent l'homme chez qui ils sont des agents majeurs de gastroentérites épidémiques, d'origine souvent alimentaire, mais aussi sporadiques, et ce, toutes classes d'âges confondues. Les souches humaines sont classées génétiquement dans différents génotypes au sein des génotypes I, II et IV parmi les cinq composant le genre Norovirus. Une grande diversité de souches appartenant notamment aux génotypes I et II co-circulent, toutefois le génotype Lordsdale (GI-4) est prédominant dans les épidémies actuelles, notamment lorsqu'une transmission de personne à personne est suspectée, alors que les souches du génotype I semblent plus fréquemment rapportées au cours des épidémies d'origine alimentaire, comme celles liées à la consommation de fruits de mer. Si de nombreuses études d'épidémiologie moléculaire concernant ces virus ont été réalisées dans les pays industrialisés, les données sont par contre manquantes ou peu nombreuses pour bien des pays non industrialisés. Au cours de ce travail, les souches circulant chez des patients burkinabés symptomatiques et asymptomatiques ont été génotypées.

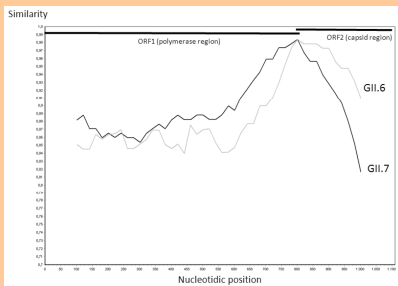


Localisation des échantillonnages à Bobo-Dioulasso. 1: CMA de Dô ; 2: CSPS de Coma ; 3: CSPS d'Accartville ; 4: CSPS de Colsama ; 5: CSPS de Belleville.

Résultats

Patients	NoV: détection		Génotypage		
	total	negative	positive	GI/IV	GI/II
Symptomatic	319	252	67	23	34
Asymptomatic	134	67	31	15	14
Total	453	355	98	38	48

Les résultats de RT-PCR en temps réel ont permis de mettre en évidence que les prévalences apparentes de l'infection par les NoV sont similaires dans les populations symptomatique (A) et asymptomatique (B) : une détection moléculaire de NoV chez 67 patients présentant de la diarrhée (21,0 %) et chez 31 des sujets témoins (23,1 %) a pu être observée. Les génotypes circulant détectés sont très variés dans les deux génotypes, avec une proportion assez surprenante de NoV appartenant au G. I. Une souche recombinante GI.7/GII.6 a également été détectée.



Conclusion

Cette étude a permis de préciser l'épidémiologie moléculaire des souches de NoV circulantes dans un pays représentatif de l'Afrique de l'Ouest. Elle permet également de conclure que des individus asymptomatiques pourraient jouer un rôle assez important de réservoir du virus. Elle souligne enfin que malgré que les souches de génotype GI.4 soient à l'heure actuelle majoritairement détectées mondialement dans les épidémies de gastroentérites à NoV impliquant des contacts de personnes à personnes, les souches de génotype I doivent être excrétées en égale proportion dans l'environnement. L'origine de cette différence épidémiologique, bien que partiellement expliquée par les différences de susceptibilité génétique et d'immunité de population, reste donc à élucider.

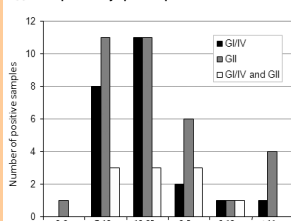
Remerciements

Fondation A. Seghers, Centre de Coopération au Développement de l'Université de Liège. Docteur Léon G. Blaise (Université polytechnique de Bobo-Dioulasso, Institut Supérieur de la Santé), Kinda Maurice. Laboratoire du CMA de Dô (Burkina Faso). Les recherches du laboratoire de virologie vétérinaire sont soutenues par des fonds de la Région Wallonne (projet FIRST), de la Politique fédérale belge pour un développement durable (TRAVIFOOD), du SPF Santé Publique et Sécurité de la Chaîne Alimentaire (INDEVIREQ, HEVEA), et les Fonds spéciaux de la recherche de l'Université de Liège.

N= 453. Diagnostic moléculaire discriminatif (GI, IV/GII) par RT-PCR en temps réel (Stals *et al.*, 2009). Génotypage par RT-PCR conventionnelle visant les régions de la polymérase (ORF1 du virus) ou de la capsid (ORF2).

Primer/Probes	Sequence (5'-3')	Polarity	Final conc.	Fluorescence (5')
NAV GI/IV				
QNIIF	CGCTGGATGGTTCAT	+	500 nM	
NIIVLCR	CCTAGAGCCATCATCATTAC	+	900 nM	
NIIVGCP	TGGACAGGAGAAACGCAATCT	+	100 nM	4-FAM
NAV GII				
QNIIF	ATGTCACAGTGAATGAGTCTCTGGA	+	500 nM	
COGCR	TCGAGCCATCTCATCACA	+	900 nM	
QNIIF	AGCAGTGGGGGGGGGATGTC	+	100 nM	JOE

A Population symptomatique



B Population asymptomatique

