

EVOLUTIONS GENETIQUES DU GENE VP1 DE PARVOVIRUS DU CANARD DE BARBARIE : ETUDE COMPARATIVE ENTRE SOUCHES TERRAIN (2018-2023) ET SOUCHES DE REFERENCES

Perreul Guillaume¹, Delquigny Thomas¹, Lemiere Stéphane¹, Pingret Jean-Luc²

¹BOEHRINGER INGELHEIM ANIMAL HEALTH - 29 Avenue Tony Garnier – 69000 LYON,

²CERBA – VET - SCANELIS – 9, Allée Charles Gros – 31771 COLOMIERS

guillaume.perreul@boehringer-ingelheim.com

RÉSUMÉ

Le canard de Barbarie est sensible aux parvovirus. Lors d'observations de cas cliniques atypiques, de par leur sévérité ou persistance en élevage, la question d'une éventuelle évolution génomique pouvant conduire à des modifications de caractéristiques du virus est posée.

L'objectif de l'étude est de séquencer le gène de la VP1 du parvovirus du canard de Barbarie, issu de souches de terrain, afin de mettre en évidence d'éventuelles évolutions de ces souches. Pour chaque échantillon d'acide nucléique, la séquence du gène VP1 a été comparée à la souche de référence 89384-France et aux souches de références caractérisées lors des précédentes études (cas historiques 2005-2006 (Groupe1), isolats 2011 (Groupe2) et isolats 2011-2014 (Groupe3)).

Une grande proximité génétique est observée pour 13 des 15 isolats de parvovirus du canard de Barbarie, qui montrent une remarquable conservation de la séquence génomique de la VP1, ce qui est un résultat attendu compte tenu de la stabilité génétique des parvovirus.

Au vu de ces résultats, l'hypothèse de mutations sur la VP1 pouvant expliquer des modifications d'expressions cliniques est à écarter.

ABSTRACT

Genetic evolutions of the Parvovirus VP1 gene in Muscovy Ducks: field strains comparative study between 2018 and 2023

Muscovy ducks are susceptible to parvoviruses. In the case of atypical clinical cases, due to their severity or persistence in breeding, the question of a possible genomic evolution which may lead to modifications of the characteristics of the virus is raised.

The objective of the study is to sequence the VP1 gene of Muscovy duck parvovirus from field strains in order to demonstrate possible changes in these strains. For each nucleic acid sample, the sequence of the VP1 gene was compared with the reference strain 89384-France and with the reference strains characterized in previous studies (historical cases 2005-2006 (Group1), isolates 2011 (Group2) and isolates 2011-2014 (Group3)).

High genetic proximity is observed for 13 of the 15 Muscovy duck parvovirus isolates, which show remarkable conservation of the VP1 genomic sequence, which is an expected result given the genetic stability of the parvoviruses.

In view of these results, the possibility of mutations in VP1 that could explain changes in clinical expression should be ruled out.

INTRODUCTION

Le canard de Barbarie est sensible aux parvovirus : le parvovirus de l'oie (Goose Parvovirus ou GPV) responsable de la maladie de Derzsy, et le parvovirus spécifique du canard de Barbarie (Muscovy Duck Parvovirus ou MDPV).

Apparue en Bretagne en 1989, la parvovirose du canard de Barbarie a déstabilisé la filière. Encore aujourd'hui, cette maladie reste une menace permanente pour la rentabilité des élevages de canard : 5 à 13 % des lots mis en place entre 2015 et 2018 sont toujours affectés par la parvovirose.

Lors d'observations de cas cliniques atypiques, du fait de leur sévérité ou persistance en élevage, la question d'une éventuelle évolution génomique pouvant conduire à des modifications de caractéristiques du virus est posée.

L'objectif de l'étude est de séquencer le gène de la VP1 du parvovirus du canard de Barbarie, issu de souches de terrain, afin de mettre en évidence d'éventuelles évolutions de ces souches. Pour chaque échantillon d'acide nucléique, la séquence du gène VP1 a été comparée à la souche de référence 89384-France et aux souches de références caractérisées lors des précédentes études (cas historiques 2005-2006 (Groupe1), isolats 2011 (Groupe2) et isolats 2011-2014 (Groupe3)).

1. MATERIELS ET METHODES

1.1. Nature des échantillons et stockage

Quinze échantillons d'acides nucléiques ont été sélectionnés, sur la base de cas cliniques atypiques, en France entre 2018 et 2023. Cinq proviennent d'élevages avec de la parvovirose précoce (Groupe5), six avec de la parvovirose tardive (Groupe6) et enfin quatre avec de la parvovirose récurrente entre les lots (Groupe4).

Les acides nucléiques extraits ont été stockés à -15°C.

1.2. Méthode expérimentale

Afin de séquencer la VP1, quatre PCR chevauchantes ont été dessinées par Scanelis. Pour chaque échantillon, chacun des produits de PCR a été séquençé en double brin afin d'obtenir une fiabilité maximale. La construction d'une séquence nucléique consensus pour chaque échantillon a permis de déduire la séquence du gène de la VP1.

L'analyse des séquences a été réalisée à l'aide du logiciel Geneious.

Les contigs sont réalisés, pour les 15 échantillons, à partir des 8 séquences correspondantes, sens et reverse. La construction de la séquence consensus permet de déduire, pour chaque échantillon, la séquence du gène VP1.

Pour chaque échantillon :

- la séquence du gène VP1 a été analysée, en comparaison à la souche de référence 89384-France, afin d'identifier les éventuels polymorphismes nucléotidiques (Single Nucléotide Polymorphisme SNP). La séquence a aussi été comparée aux séquences des cas historiques caractérisés lors des précédentes études.
- la séquence protéique déduite a ensuite été analysée, en comparaison à celle de la souche de référence 89384-France, afin d'identifier d'éventuelles modifications protéiques du virus. La séquence protéique est aussi comparée aux séquences protéiques des cas historiques caractérisés lors de précédentes études.

L'analyse phylogénétique est réalisée pour l'ensemble des échantillons.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

Les séquences obtenues ont permis de réaliser une étude phylogénétique dans laquelle la séquence de la VP1 de la souche de référence 89384 ainsi que les séquences VP1 des souches historiques ont été incluses.

L'analyse illustre la très grande proximité des différents isolats de parvovirus du canard de Barbarie caractérisés, ainsi que celle des 3 isolats recombinants MDPV/Derzsy.

Les distances génétiques ont été estimées par la méthode « Juke & Cantor » et l'arbre phylogénétique a été construit grâce à la méthode « Neighbor-joining » (échelle = substitution par site).

Une grande proximité génétique (figure 1) est observée pour 13 des 15 isolats de parvovirus du canard de Barbarie, qui montrent une remarquable conservation

de la séquence génomique de la VP1, ce qui est un résultat attendu compte tenu de la stabilité génétique des parvovirus [1].

Deux isolats (un dans le Groupe4 et un dans le Groupe5) présentent un nombre élevé de polymorphismes nucléotidiques (Single Nucleotide Polymorphism ou SNP), par rapport à la souche de référence 89384-France. La zone de 100 nucléotides qui regroupe ces SNP est quasiment identique à la séquence correspondante du gène VP du virus de la maladie de Derzsy, ce qui laisse supposer une recombinaison possible, déjà décrite en 2014 [2].

CONCLUSION

La stabilité génétique des parvovirus est à nouveau mise en avant avec la remarquable conservation de la séquence génomique de la VP1.

Aussi, l'hypothèse d'un lien entre la gravité de la parvovirose (sous ses formes : récurrente ou précoce ou tardive) et une éventuelle mutation de la VP1 est à écarter.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- [1] Lemièrre et Fournier, 2015, Parvovirose du canard de Barbarie, Manuel de pathologie aviaire, p593-595
- [2] Zhu et al., 2014, Vet. Microbiol, <http://dx.doi.org/10.1016/j.vetmic.2014.10.032>

Figure 1. Analyse phylogénétique avec représentation des 6 groupes (G1 G2 G3 G4 G5 G6)

