

Le séquençage du génome entier du virus du syndrome reproducteur et respiratoire porcine (VSRRP) à améliorer la classification des souches virales

Christian Lalonde^{1,2}, Chantale Provost^{1,2}, Carl A Gagnon^{1,2}

¹Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole

²Laboratoire de diagnostic moléculaire (LDM), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Le VSRRP est un problème économique majeur, qui coûte plus de 150 millions de dollars annuellement au Canada.

Des banques de données existent pour le gène ORF5 et contiennent des milliers de souches virales, mais peu de donnée est disponible sur le génome entier du VSRRP. De plus, l'ORF5 représente seulement 4% du génome entier alors que la virulence du VSRRP est multigénique.

Nous croyons que le séquençage à haut débit (SHD) du génome entier du VSRRP apporterait une meilleure compréhension de la pathogénicité des souches virales et permettrait un meilleur suivi des cas cliniques comparé au séquençage de l'ORF5.

Des échantillons cliniques soumis au Laboratoire de diagnostic moléculaire (LDM) de salive, de sérum et de tissu pulmonaire ont été sélectionnés afin de séquencer des génomes entiers du VSRRP. Quarante-et-un génomes entiers ont été obtenus à partir de 111 échantillons.

Trois importantes délétions (totalisant 522 nucléotides) ont été découvertes dans la plupart des souches non-vaccinales. L'importance pathologique de ces délétions reste à déterminer.

Le SHD a permis de découvrir la présence de deux souches virales différentes de VSRRP (homologie de 81.83% à 92.36%) dans le même échantillon (phénomène de co-infection) dans 4.60% des cas analysés. De plus, le SHD a permis d'améliorer la classification erronée de 6 souches virales (6.59% des cas) comparativement à la méthode de séquençage du gène ORF5

Nos résultats confirment que le séquençage du génome entier permet une meilleure classification du VSRRP et la détection des co-infections dans 11.19% des cas, comparativement au séquençage de l'ORF5.