Remerciements

La Société Française de Virologie remercie les 560 personnes assidues aux Journées Francophones de Virologie, et ce malgré son organisation en distanciel cette année. Ses remerciements vont aussi à l'équipe organisatrice des JFV-2021, Anne-Sophie Gosselin-Grenet, Mylène Ogliastro, Sébastien Nisole localement à Montpellier et Henri Gruffat, Aure Saulnier pour sa gestion du sponsoring, l'équipe de gestion dont l'activité a été alourdie cette année, Carine Lazert, Maria Dimitrova et Sandra Martin-Latil, l'équipe du site web, Gregory Caignard, Denis Gerlier et Etienne Decroly, la précieuse assistance de Delphine Dauga pour la diffusion des annonces des JFV depuis le site web de notre société dont elle peaufine parfaitement le fonctionnement, l'équipe de notre prestataire Alpha-Visa qui assure le support technique du déroulement des JFV-2021 en visio-conférence et l'Université de Montpellier pour son indéfectible soutien.

Partenaires et sponsors des JFV-2021

L'organisation des XXIIIèmes Jounées Francophones de Virologie a bénéficié des sponsors ci-dessous. La Société Française de Virologie et les organisateurs des JFV les remercient vivement.

XXIII^{emes} Journées Francophones de Virologie

26 & 27 Avril 2021

NB : *Les salles (et les e.posters) sont accessibles depuis leurs liens spécifiques de chaque horaire comme indiqués dans le courriel adressé par Alpha-Visa nominativement à chaque personne inscrite. Chaque lien n'est utilisable que sur un seul poste informatique (non transférable).*

Début	Fin	Salle	Evènement	Modérateurs
9:00	19:30	**Lundi 26 avril 2021**		
9:00	9:15	**Salle 1**	Bienvenue par Philippe Augé (Président de l'Université de Montpellier), Présentation des JFV-2021 (E. Decroly & G. Caignard)	
9:15	10:45	**Salle 1**	Plénière **Covid-19/SARS-CoV-2 : points de situation (C1-C3)** Astrid Vabret Olivier Schwartz Frédéric Rieux-laucat	Etienne Decroly Caroline Goujon
10:45	11:00	**Salle 3**	**Communication orale** *(pour cause de décalage horaire) :* **Epidémiologie/Virus & Environnement** **O17**. Catherine Inizan	Nicole Pavio Guillaume Castel
10:45	11:20	**e-posters (P1-P12, P78) + discussion avec les conférenciers en « pièce virtuelle, maxi 12 personnes en simultané)**		
11:20	12:20	**Salle 1**	Conférences A **Intra-hôte du moustique à l'humain. (C4,C5)** Alain Kohl Samuel Alizon	Réjane Rua Sébastien Nisole
11:20	12:20	**Salle 2**	Conférences B **Retrovirus et pathogénèse (C6,C7)** Franck Mortreux Michaela Muller-Trutwin	Chloé Journo Henri Gruffat
11:20	12:20	**Salle 3**	Conférences C **Virologie structurale (C8,C9)** Aurélie Albertini Louis-Marie Bloyet	Patrick Bron Sonia Longhi
12:20	14:00	**e-posters (P13-P50) + discussion avec les conférenciers en « pièce virtuelle, maxi 12 personnes en simultané)**		
14:00	15:30	**Salle 1**	**Virus & Cellule : Trafic et inhibition (O1-O6)** Lucifora Julie, Fernandez Juliette, Parissi Vincent, Gales Jón, Goulet Adeline, Pelissier Rodolphe	Maria-Isabel Thoulouze Maria Dimitrova
14:00	15:15	**Salle 2**	**Pathogénèse et virulence (O7,O9-O12)** Di Mattia Jérémy, Gosselin-Grenet Anne-Sophie, Bellott Lucie, Cubas Gaona Liliana Lilibeth, Decombe Alice	Hélène Dutatre Véronique Ziegler-Graff
14:00	15:15	**Salle 3**	**Epidémiologie/Virus & Environnement (O13-O16,O18)** Dheilly Nolwenn, Escoubas Jean-Michel, Poulicard Nils, Gonzalez Gaelle, Temmam Sarah	Nicole Pavio Guillaume Castel
15:30	16:00		**e-posters (P51-P62) en « pièce virtuelle, maxi 12 personnes en simultané)**	
16 :00	17:15	**Salle 1**	**Virus & Cellule : Altération de la cellule (O19-O23)** Marty Florent, Manet Evelyne, Naffakh Nadia, Gauthier Janelle, Glon Damien	Anne-Sophie Gosselin-Grenet Timothée Bruel
16 :00	17:15	**Salle 2**	**Structure, fonction et morphogenèse (O24-O28)** Jones Rhian, Ferron François, Quignon Erwan, Durand Stéphanie, Roche Stéphane	Aurélie Albertini Thibaut Crepin
16 :00	17:15	**Salle 3**	**Diagnostique en virologie (O29-033)** Regnault Beatrice, Mouna Lina, Gransagne Marion, Raulino Raisa, Grzelak Ludivine	Anne-Marie Afonso Nicolas Lévêque
17:15	18:15		**session e-posters (P63-P77, P79-P87) en « pièce virtuelle, maxi 12 personnes en simultané)**	
18h30	19h30	**Salle 1** *(Lien spécifique)*	Conférence Grand Public Hubert Laude « Coronavirus des animaux et des Hommes: faits et méfaits » *(animation Marc Gozlan)*	

Début	Fin	Salle	Evènement	Modérateurs
9:00	16:30	**Mardi 27 avril 2021**		
9:00	10:30	**Salle 1**	Plénière **Infections virales et bactériennes, entre terre et mer (C10-C12)** Delphine Destoumieux-Garzón Jean-Luc Gallois (*Sylvie German-Retana, empêchée*) Rob Lavigne	David Gilmer Mylène Ogliastro
10:30	10:45	**Salle 1**	Présentation du GDR RESAFLU Nadia Naffakh et Olivier Terrier	David Gilmer Mylène Ogliastro
10:45	11:15	**e-posters (P88-P98) + discussion avec les conférenciers en « pièce virtuelle, maxi 12 personnes en simultané)**		
11:15	12:15	**Salle 1**	Conférences A **Virus et évolution (C13-C14)** Clément Gilbert Gaël Thebaud	Lucie Etienne Samuel Alizon
11:15	12:15	**Salle 2**	Conférences B **Approches vaccinales contre les infections virales (C15-C16)** Rik de Swart Marie-Frédérique Le Potier	Cyrille Mathieu Astrid Vabret
11:15	12:15	**Salle 3**	Conférences C (SFM) **Des enzymes herpétiques aux antiviraux (C17, C18)** Sonia Burrel Sébatien Hantz	David Boutolleau Evelyne Manet
12:15	14:00	**e-posters (P99-P154) + discussion avec les conférenciers en « pièce virtuelle, maxi 12 personnes en simultané)**		
14:00	15:15	**Salle 1**	**Virus & Cellule: Réponse innée (O34-O38)** Martin Marie-France, Kuassivi Ohiniba Nadège, Bonaventure Boris, Maarifi Ghizlane, Sarango Gabriela	Julie Lucifora Grégory Caignard
14:00	15:15	**Salle 2**	**Antiviraux & vaccins (O39-O43)** Horvat Branka, Dias De Melo Guilherme, Bernheim Aude, Thieulent Côme, Dufloo Jérémy	Mathieu Mateo Pierre-Olivier Vidalain
15:30	16:30	**Salle 1**	***Table ronde*** **« Émergence virale »** Stephan Zientara, Dorothée Misse, Carole Caranta Stéphane Bertagnoli	
15:30	16:30	**Salle 2**	***Table Ronde*** **« Éthique et gain de fonction »** Frédérick Arnaud, Noël Tordo, Nadia Naffakh, Bruno Canard	
Fin	16 :30	*Fin des journées Francophones de Virologie*		

Conférences plénières et parallèles

Salle 1 Plénière "Point COVID-19"

C 1 Infection à SARS-CoV2 et prise en charge thérapeutique, Astrid Vabret
C 2 Replication, fusion et sensibilité aux anticorps des variants SARS-CoV-2, Schwartz Olivier
C 3 Déficit de production et d'activité des Interférons de type-I dans les formes sévères de l'infection à SARS-COV2, Frédéric Rieux-Laucat

Salle 1 Conférence A "Intra-hôte du moustique à l'humain"

C 4 Towards better understanding of Dicer 2 functionality in the mosquito exogenous siRNA pathway., Alain Kohl
C 5 Écologie intra-hôte des infections génitales HPV, Carmen Lia Murall [et al.].

Salle 2 Conférence B "Retrovirus et Pathogénèse"

C 6 Rôle de la voie NF-kB dans les perturbations de l'épissage alternatif associées à l'infection par HTLV-1, Franck Mortreux
C 7 Contrôle du SIV selon le tissu : un modèle de résilience chez l'hôte naturel, Michaela Müller-Trutwin

Salle 3 Conférence C "Virologie Structurale"

C 8 Bases moléculaires de la reconnaissance des récepteurs au LDL par le virus de la stomatite vésiculaire, Aurélie Albertini [et al.]
C 9 Structure et fonction des complexes polymérases de mononegavirus., Louis-Marie Bloyet

Salle 1 Plénière "Infections Virales et Bactériennes: entre Terre et Mer"

C10 Mechanisms underlying bacterial hijacking in an oyster manipulated by the OsHV-1 virus, Daniel Oyanedel [et al.]
C11 Lutte génétique contre les virus de plantes : cas des résistances par perte de sensibilité, Jean-Luc Gallois *(remplace Sylvie German-Retana empêchée par la COVID-19)*
C12 Novel antibacterial design strategies, inspired by bacteriophages, driven by biotechnology Rob lavigne

Salle 1 GDR ResaFLU

Présentation du Groupement de Recherche sur les virus influenza RESAFLU, Olivier Terrier [et al.]

Salle 1 Conférence A "Virus et Evolution"

C13 Les virus peuvent-ils être des vecteurs de transfert horizontal d'éléments transposables entre animaux?, Clément Gilbert
C14 Propagation et gestion des virus de plantes, Gaël Thébaud

Salle 2 Conférence B "Vaccins: Développement et Efficacité"

C15 Measles virus-specific immune responses to natural infection or measles vaccination, Rick De Swart
C16 Avancées et freins dans le développement d'un vaccin contre la peste porcine africaine, Marie-Frédérique Le Potier.

Salle 3 Conférence SFM "Des enzymes herpétiques aux antiviraux"

C17 Complexe hélicase-primase (HP) : exemple du virus herpes simplex (HSV), Sonia Burrel
C18 Modèles des complexes enzymatiques de réplication des herpèsvirus : vers de nouveaux antiviraux ? Complexe terminase : exemple du cytomégalovirus humain (CMVH), Sébastien Hantz [et al.]

Présentations orales

Salle 1 Virus & cellule: Trafic et inhibition

O1 Mechanistic insights into the interference of hepatitis delta virus (HDV) on hepatitis B virus (HBV), Julie Lucifora [et al.]
O2 Quantification de l'entrée du VIH dans le noyau par complémentation protéique, Juliette Fernandez [et al.].
O3 Retroviral Intasomes and Human nucleosome interfaces Structure-function studies and new therapeutical approaches, Delphine Lapaillerie [et al.]
O4Importance de la région 5' UTR dans l'export nucléaire de l'ARN 35S du virus de la mosaïque du chou-fleur, Jón Gales [et al.].
O5 La revanche des phages : inhibition allostérique de CRISPR-Cas9 par la protéine anti-CRISPR AcrIIA6, Olivier Fuchsbauer [et al.]
O6 La protéine W du virus Nipah inhibe et translocalise la protéine p65 de la voie NF-kB via répression médiée par 14-3-3, Rodolphe Pelissier [et al.]

Salle 2 Pathogenèse & Virulence

O 7 Rôle du vecteur dans le maintien de l'intégrité du génome multipartite des nanovirus, Jérémy Di Mattia [et al.].
O 9 'Open the door' ou comment de tout petits virus franchissent la matrice péritrophique intestinale lors de l'infection orale de l'insecte, Malvina Schatz [et al.]
O10 L'interaction entre un VSR viral et la protéine DRB4 pour supprimer l'interférence par l'ARN est modulée par un ARN viral non codant, Lucie Bellott [et al.]
O11 Apparition et sélection de variants d'un avibirnavirus soumis à diverses pressions de sélection lors de culture ex vivo basée sur des lymphocytes B aviaires, Liliana Lilibeth Cubas Gaona [et al.]
O12 Effets des 2'-O-méthylations des ARN sur la transcription inverse du VIH-1, Alice Decombe [et al.]

Salle 3 Epidémiologie/Virus & Environnement

O13 Diversité et Ecologie des virus de vers plats parasites, Nolwenn Dheilly [et al.]
O14 Phylogéographie, diversité génétique et connectivité des populations d'OsHV-1 (Ostreid Herpesvirus 1) en France, Jean Delmotte [et al.].
O15 Dispersion and evolutionary history of the Rice yellow mottle virus in West-Central Africa: tales of rice and men, Nils Poulicard [et al.]
O16 Premiers cas humains d'infection à TBEV en France suite à la consommation de fromage de chèvre au lait cru, Gaelle Gonzalez [et al.]
O17 Une évolution génétique virale favorise le développement d'une épidémie de dengue de sévérité accrue, Catherine Inizan [et al.].
O18 Une infection antérieure par des coronavirus saisonniers n'empêche pas la COVID-19 chez les enfants., Isabelle Sermet-Gaudelus [et al.].

Salle 1 Virus & cellule: Altération de la cellule

O19 Rôle du Bornavirus sur la réponse aux cassures double-brin dans l'ADN des neurones : un mécanisme de dysfonctionnement neuronal viro-induit ?, Florent Marty [et al.]
O20 Modulation de l'épissage alternatif au cours des étapes précoces de l'infection de lymphocytes B primaires humains par le virus d'Epstein-Barr virus (EBV) - caractérisation d'une nouvelle fonction pour la protéine virale EBNALP, Evelyne Manet [et al.]
O21 L'infection par les virus influenza induit une perturbation massive de l'épissage des ARN messagers cellulaires, Usama Ashraf [et al.]
O22 Implication de la protéine Cep63 dans les altérations centrosomales induites par le rétrovirus HTLV-1 au cours de la leucémogenèse., Janelle Gauthier [et al.]
O23 Une nouvelle stratégie d'échappement à l'immunité innée pour le virus Epstein-Barr : induction d'une mitophagie pro-virale via l'hyperacétylation de la tubuline., Damien Glon [et al.].

Salle 2 Structure & Morphogénèse

O24 Structure des complexes nsP1 de CHIKV par cryo-EM, Rhian Jones [et al.].
O25 Observation de polymère de nucléoprotéine d'Arenaviridae et proposition d'un mécanisme universel d'assemblage des ribonucléoprotéines de Bunyavirales., Nicolas Papageorgiou [et al.]
O26 Etude structurale du génome des virus influenza A, Erwan Quignon [et al.].
O27 Imaging HIV-1 assembly by the study of Gag colocalization with genomic RNA in both the cytoplasm and plasma membrane using transmission electron microscopy, Stéphanie Durand [et al.].
O28 Structure du complexe gp6-gp15-gp16 du bactériophage SPP1, Igor Orlov [et al.]

Salle 3 Diagnostic en Virologie

O29 Impact profond des méthodes d'amplification aléatoire et de construction de banques NGS sur les résultats de métagénomique virale, Béatrice Régnault [et al.]
O30 Analytical and clinical performance of Abbott Alinity m HR HPV test for primary screening of cervical cancer, Lina Mouna [et al.]
O31 Recognition of the SARS-CoV-2 nucleoprotein by VHHs and development of a sandwich immunoassay, Marion Gransagne [et al.].
O32 Séroprévalence des anticorps contre différents arbovirus chez les chauvessouris frugivores et insectivores du Cameroun, Guinée, et République Démocratique du Congo, Raisa Raulino [et al.]
O33 Le déclin des anticorps neutralisants anti-SARS-CoV-2 diffère entre les hommes et les femmes, Ludivine Grzelak [et al.]

Salle 1 Virus & cellule: Réponse innée

O34 Caractérisation de la réponse immunitaire innée suite à l'infection par les arbovirus Usutu et West Nile, Marie-France Martin [et al.].
O35 Mécanismes moléculaires de la persistance virale dans le testicule humain: rôle de la réponse immunitaire innée, Ohiniba Nadège Kuassivi [et al.]
O36 Un crible CRISPR-Cas9 à l'échelle du génome humain identifie DDX42 comme inhibiteur viral à large spectre, Boris Bonaventure [et al.].
O37 L'alarmine S100A9 restreint l'infection des cellules de Langerhans par le VIH-1, Ghizlane Maarifi [et al.].
O38 The Autophagy Receptor TAX1BP1 (T6BP) is a novel player in viral antigen presentation by MHC-II molecules., Mathias Pereira [et al.]

Salle 2 Antiviraux & Vaccins

O39 Des peptides inhibiteurs de la fusion virale bloquent l'infection à SARS-CoV-2 chez des souris transgéniques ACE2, Magalie Mazelier [et al.] Branka Horvat.
O40 Efficacité anti-COVID-19 de l'ivermectine chez le hamster doré, Guilherme Dias De Melo [et al.]
O41 Prokaryotic viperins produce diverse antiviral molecules, Aude Bernheim
O42 Intérêt du valganciclovir dans le traitement des infections à herpèsvirus équin 1 chez les équidés., Côme Thieulent [et al.]
O43 Les anticorps neutralisants à large spectre anti-VIH-1 séquestrent les particules virales à la surface des cellules infectées, Jérémy Dufloo [et al.]

e-posters

chaque e.poster a sa salle (12 personnes à la fois)

Interaction Virus-Cellule

P001 Toscana virus induces apoptosis in human cells via extrinsic pathway, Felix Streicher [et al.].
P002 Mayaro Virus Infects Human Chondrocytes and Induces the Expression of Arthritis- Related Genes Associated with Joint Degradation, Michèle Bengue [et al.]
P003 Le contrôle viral par adénovirus de la réponse aux dommages membranaires de la cellule, Coralie Daussy [et al.].
P004 Implication de TBK1 dans l'activation de l'autophagie dirigée contre les adénovirus, Noémie Pied [et al.].
P005 Recent insights into mutualistic endogenous viruses of parasitoid ichneumonid wasps, Hugo Bellet.
P006 Étude de la diversité génomique de 20 prasinovirus spécifiques de l'algue marine Ostreococcus tauri, Julie Thomy.
P007 La protéine non structurale 2 (nsP2) de l'alphavirus de salmonidés bloque la réponse interféron induite par RIG-I, Raphaël Jami [et al.].
P008 Goat cellular immune responses to infection vary with Morbillivirus virulence, Roger- Junior Eloiflin
P009 Caractérisation d'un système d'infection persistante par le virus de l'hépatite E dans les cellules hépatiques humaines HepaRG, Marie Pellerin [et al.].
P010 Vers la caractérisation d'une nouvelle plateforme de virothérapie oncolytique : un pari sur la protéine Bet des Foamy virus, Elisa Guillon [et al.].
P011 Calcitonin gene-related peptide inhibits herpes simplex virus infection of human Langerhans cells, Emmanuel Cohen [et al.]
P012 In silico, in vitro and in cellulo models for monitoring SARS-CoV-2 spike/human ACE2 complex, viral entry and cell fusion, Delphine Lapaillerie [et al.]
P013 Réponse cellulaire à l'infection par le VIH-1 : Implication de la voie BRCA1/2/RAD51, Mélanie Pénouty [et al.]
P014 Impact of retroviral HIV-1 and HTLV-1 infection on Nonsense Mediated Decay (NMD), Léa Prochasson [et al.]
P015 Visualisation du transport des ribonucléocapsides du virus respiratoire syncytial sur le réseau de microtubules avec les vésicules de l'endosome de recyclage., Gina Cosentino [et al.]
P016 La protéine 1A du grapevine fanleaf virus (GFLV) interagit avec la protéine cellulaire de l'autophagie ATG8, Maïlys Piau [et al.]
P017 Etude de la réponse immunitaire innée associée à l'infection par le virus Nipah, Mathieu Iampietro [et al.]
P018 Le contrôle de la désaturation des acides gras polyinsaturés par STING module la réponse inflammatoire, Isabelle Vila [et al.]
P019 Le domaine N-terminal de la sous-unité PB2 de l'ARN-polymérase des virus influenza est critique pour la transcription virale, Jessica Morel [et al.].
P020 Acteur de l'invisibilité : comment le rétrovirus HTLV-1 altère la capacité de réponse des cellules dendritiques, Auriane Carcone [et al.].
P021 Virus émergents : conséquences de l'infection au niveau du testicule, Dominique Mahe [et al.].
P022 Viro-fluidics, a new strategy to study HIV release in real time at the single cell and single particle scales, M. Socol* [et al.].
P023 SARS-CoV-2 infection induces the dedifferentiation of multiciliated cells and impairs mucociliary clearance, Remy Robinot [et al.]
P024 Implication des Proprotéines Convertases humaine sur l'activation de la Spike protein du Sars-CoV-2., Adrien Delpal [et al.]
P025 SRAS-CoV-2 induit une réponse interféron dépendante de MDA-5 et incapable de contrôler la réplication virale dans les cellules épithéliales pulmonaires, Antoine Rebendenne [et al.].
P026 Machinerie de fusion des variants neuropathogènes du virus de la rougeole, Cyrille Mathieu [et al.].
P027 Identification de la protéine VP3 du virus de la fièvre catarrhale ovine comme nouvel antagoniste de la synthèse d'interféron, Marie Pourcelot [et al.]
P028 Etude transcriptomique de cellules primaires bovines après infection par un BVDV cytopathogène ou non-cytopathogène, Rémi La Polla [et al.]
P029 Les PU-boxes intragéniques contrôlent la transcription et la réplication du VIH-1 dans les lignées myéloïdes., Olivier Hernalsteens [et al.].
P030 New insights into Bovine Leukemia Virus (BLV) transcriptional regulation, Mathilde Galais [et al.]
P031 Inhibition of HIV-1 gene transcription by KAP1 in myeloid lineage, Ait-Ammar Amina [et al.]
P032 The SARS-CoV-2 Nsp3 Unique Domain (SUD) interacts with Guanine quadruplexes and this interaction is a potential antiviral target., Marc Lavigne [et al.].
P033 Les cellules dendritiques capturent SARS-CoV-2 via DC-SIGN, Delphine Planas [et al.]
P034 Diversification évolutive et fonctionnelle d'un facteur de restriction à large spectre antiviral chez les chauves-souris, Stéphanie Jacquet [et al.].
P035 Comprendre l'interaction entre la capside du VIH-1 et la Transportine 1 à l'échelle moléculaire pour le développement d'une nouvelle classe de molécules antivirales, Aude Boulay [et al.].
P036 Mécanismes moléculaires régissant la reconnaissance et l'encapsidation du génome du bactériophage SPP1, Mehdi El Sadek Fadel [et al.].
P037 Etude de l'influence du Zinc sur l'infection par le VIH-1, Olivia Guillin [et al.]
P039 Identification of a new regulator of Bovine Leukemia Virus transcription, Estelle Plant [et al.].
P040 The XPB Subunit of the TFIIH Complex Plays a Critical Role in HIV-1 Transcription, and XPB Inhibition by Spironolactone Prevents HIV-1 Reactivation from Latency, Luisa Mori [et al.].
P042 Impact du facteur de restriction APOBEC3G sur les virus de l'Immunodéficience Humaine de groupe O (VIH-1/O), Maria-Alexandra Stoica [et al.].
P043 Déchiffrer le rôle de la protéine Gag du Prototype Foamy Virus lors de l'interaction et intégration du génome viral dans la chromatine, Floriane Lagadec [et al.].
P044 Le domaine N-terminal des protéines MX1 est essentiel à leurs activités antivirales, Joe Mckellar [et al.].
P045 Le Cytomégalovirus humain modifie la sécrétion et la composition des petites vésicules extracellulaires trophoblastiques, facilitant la dissémination virale, Mathilde Bergamelli [et al.]
P047 Le VIH surmonte un blocage de transcription virale en modifiant l'efficacité de certains microARNs, Owen Dunkley [et al.].
P048 Evolution de Nazo, un nouveau facteur antiviral régulé par STING, Léna Hédelin [et al.]

Pathogénèse et Virulence

P049 La région non codante du Polyomavirus BK dans les urines de patients en hématologie au CHU de Bordeaux, Jordi Pacaud [et al.].
P050 Autoantigens expression in murine thymus and thymic epithelial cells following in utero infection by Coxsackievirus B4, Aymen Halouani [et al.].
P051 Zika virus differentially infects human neural progenitor cells according to their state of differentiation and dysregulates neurogenesis through the Notch pathway, Pauline Ferraris [et al.]
P052 Une infection par le virus du syndrome dysgénésique et respiratoire porcin atténue l'impact, chez le porc, d'une infection subséquente par un virus influenza porcin, Juliette Bougon [et al.]

P053 Infection chronique par HTLV-1 des neurones d'échantillons de moelle épinière de primates non humains, Brenda Rocamonde [et al.].
P054 Meningeal macrophages prevent viral neuroinvasion and fatal meningitis, Elisa Eme-Scolan [et al.].
P055 Analyse du transcriptome du virus Epstein-Barr (EBV) dans les lymphomes T angioimmunoblastiques comparativement à d'autres lymphomes, Nader Bayda [et al.]
P056 Modélisation organotypique de l'infection pulmonaire et du tronc cérébral du SARS-CoV-2 chez le hamster, Marion Ferren [et al.]
P057 Caractérisation des facteurs de virulence de deux souches de terrain du virus de la fièvre de la vallée du Rift, Mehdi Chabert Ben Cherifa [et al.]
P058 Aggravation d'une pathologie respiratoire bovine : co-infection entre le virus influenza D et Mycoplasma bovis., Adrien Lion [et al.]
P059 Pathological modeling of EEEV infection using neuronal/glial cells derived from human fetal neural progenitor cells, Anne Huard De Verneuil [et al.].
P060 Etude des interactions entre Nipah virus avec son hôte naturel, les chauves-souris du genre Pteropus, Said Mougari.
P061 Study of the HA-segment RNA structure impact on the Highly Pathogenic Avian Influenza Virus Emergence, Gabriel Dupré [et al.]
P062 Cartographie, par mutagénèse dirigée à haut débit, des mutations de la protéine d'enveloppe du virus Zika affectant sa réplication et l'échappement aux anticorps., Marion Sourisseau [et al.].
P063 Différences dans la neurovirulence des lignées de virus Usutu chez la souris et dans des cellules neuronales, Orianne Constant [et al.]
P064 Etude des interactions entre le virus Influenza D et Mycoplasma bovis dans le cadre des bronchopneumonies infectieuses chez les jeunes bovins, Maria Gaudino [et al.]
P065 Le projet BILL (BioInformatics Learning Lab) au service de l'innovation pédagogique en virologie, Etudiants Master Imhe [et al.].

Epidémiologie/Virus & Environnement

P066 L' "évolution figée" du BTV-8 (virus de la fièvre catarrhale du mouton) suggère une libération accidentelle comme cause potentielle de réémergence de l'arbovirus en 2015 en France, Stephan Zientara [et al.].
P067 Validation des procédés de décontamination des surfaces par voie aérienne par vaporisation de peroxyde d'hydrogène, Cécile Khou-Bouvattier [et al.]
P068 La lignée 2 du virus West Nile émerge en France en 2018, Cécile Beck [et al.]
P069 Characterization of SARS-CoV-2 ORF6 deletion variants detected in a nosocomial cluster during routine genomic surveillance, Lyon, France, Grégory Queromes [et al.]
P070 Flux de carbone dérivé du méthane à travers les réseaux trophiques hôte-virus, Sungeun Lee [et al.]
P071 Identification d'un nouvel arbovirus neurotrope en France : le virus Umbre, Philippe Pérot Et Al. (+29 Co-Auteurs)
P072 New (+) RNA viruses: Identification, and structure-function characterization of RNA editing enzymes associated with the evolution and genetic stability of large RNA genomes, Bhawna Sama [et al.].
P073 Les densovirus : le renouveau d'un agent de lutte biologique contre les Aedes urbains vecteurs d'arboviroses, Aurelie Perrin
P074 Faune sauvage et SARS-CoV-2 : exposition des animaux de zoo pendant la circulation du virus en France en 2020., Sarah Temmam [et al.].
P075 Prevalence and genetic diversity of Coronaviruses circulating in insectivorous bat colonies in Mashonaland West Province, Zimbabwe., Vimbiso Chidoti [et al.].
P076 Caractérisation des communautés virales dans des tiques de Roumanie : nouveaux virus a potentiel zoonotique ?, Bianca Bratuleanu [et al.].
P077 Description of the epidemiological cycles of animal rabies in Zimbabwe, Lambert Fadzai Gwenhure [et al.]
P078 Rôle potentiel de la sélection naturelle dans le remplacement du génotype du virus de la dengue en Nouvelle-Calédonie, Olivia O'connor [et al.]
P079 Étude de la circulation du virus Ebola chez les chiroptères pendant les épidémies en République Démocratique du Congo entre 2018 et 2020, Audrey Lacroix [et al.]
P080 Novel bat vesiculovirus in the Mediterranean region, Dongsheng Luo [et al.].
P081 Evolution du virus influenza A/H9N2 en Afrique sub-saharienne : vers une augmentation du risque pour les santés humaine et animale, Maxime Fusade-Boyer [et al.]
P082 Analyses de données Illumina issues d'huîtres creuses Crassostrea gigas infectées par OsHV-1 : quid de l'intégration ?, Pelletier Camille [et al.].
P083 Recrudescence des infections à entérovirus D68 clade D1 chez les adultes : étude rétrospective, observationnelle et épidémiologique, France, 2014-2018, Maxime Duval [et al.]
P084 Détection de SARS-CoV-2 dans les eaux usées de la région de Monastir, Tunisie : Un outil prometteur pour confronter la pandémie de COVID-19, Habib Jmii [et al.]
P085 Virus de la Fièvre Jaune : Risques entomologiques pour la Caraïbe, Gaëlle Gabiane [et al.]
P086 Biobanking as a preparedness tool against a viral emergence, Christine Prat.
P087 Cartographie du risque d'occurrence des virus de l'influenza aviaire chez la volaille domestique au Mali, Idrissa Nonmon Sanogo [et al.].
P088 Impact of host age on microbial communities in the wild: insights from a waterbird population, Sarah Francois [et al.].
P089 Exploration pionnière du métavirome des thons tropicaux, Elsa Gadoin [et al.]
P090 Suivi longitudinal d'une colonie de chauves souris frugivores au Cameroun pour documenter leur rôle dans l'écologie du virus Ebola., Martine Peeters.
P091 Hepatitis B virus genetic variability in The Gambia and Senegal: expanding subgenotype diversity of genotype A, Rayana Toyé [et al.].

Structure et Morphogénèse

P092 Molecular insights into TAR RNA recognition by HIV-1 Integrase: a big deal for a small tail., Cecilia Rocchi [et al.]
P093 Séparations et transitions de phase chez les protéines V et W du Hénipavirus, Giulia Pesce [et al.].
P094 Caractérisation de l'interaction NNuc-P de hMPV, cible pour le développement de nouveaux antiviraux, Hortense Decool [et al.].
P095 Caractérisation des motifs et structures des télomères des Parvovirus, Marianne Laugel [et al.]
P096 Formation et nature des usines virales du virus respiratoire syncytial, Marie Galloux [et al.].
P097 Analyse structurale et fonctionnelle des mécanismes moléculaires responsables de l'encapsidation spécifique de l'ARNg du VIH-1 dans les particules virales, Charlotte Bussienne [et al.].
P098 Découverte d'une nouvelle conformation de la capside du virus de l'hépatite B, Lauriane Lecoq [et al.].
P099 Structural and functional characterization of the replication and transcription activities of Hantaan virus polymerase., Sergio Barata García [et al.]
P100 Analyse fonctionnelle et structurale des interactions entre le précurseur myristoylé Pr55Gag du VIH-1 et l'ARN génomique en vue de l'assemblage de la particule virale, Lisa Welker [et al.].
P101 Analyse structurale de la nouvelle N7 guanine-MTase du virus de la Brème bordelière, Pierre Gauffre [et al.].
P102 Caractérisation de virus infectieux par Microscopie à Force Atomique BSL3, Sébastien Lyonnais [et al.].
P103 Structures de l'ARN génomique du VIH-1 et réarrangements induits par Gag, Orian Gilmer [et al.]
P104 Functional and structural study of T5 bacteriophage immunity protein Llp, Séraphine Degroux [et al.].

Diagnostic en Virologie

P105 Les micro-ARNs du Polyomavirus BK : cinétique et intérêt diagnostique chez les patients transplantés de rein, Baptiste Demey
P106 Encéphalite mortelle et séropositivité au Borna Disease Virus-1 chez un patient immunodéprimé vivant en zone non-endémique, Karine Bourgade [et al.].
P107 Développement d'une RT-PCR triplex en temps reel en une étape pour la detection des virus de la fievre aphteuse, Cindy Bernelin-Cottet [et al.].
P108 Développement et évaluation d'un test de RT-PCR en temps réel pour la caractérisation du lignage A/AFRICA/G-IV du virus de la Fièvre Aphteuse, Corentin Le Floc'h [et al.]
P109 Evaluation d'une méthode automatisée sur Liaison XL (DiaSorin) de détection de l'Ag du SARS-CoV-2 sur prélèvement nasopharyngé, Cedric Hartard [et al.].
P110 Intérêt de la détermination de la charge virale du SARS-CoV-2 : étude d'une cohorte de patients lors de la première vague de Covid19, Maxime Roubinet [et al.]
P111 Evaluation de la méthode QIAPrep&amp (Qiagen) pour la détection du génome du SARS –CoV-2 dans des prélèvements naso-pharyngés, Honorine Fenaux [et al.]

P112 Circulation des virus respiratoires durant octobre-décembre 2020 à Sfax, Tunisie : Il n'y a pas que le SARS-CoV-2 !, Amel Chtourou [et al.].
P113 Cinétique de la concentration en antigène nucléocapsidique du SARS-CoV-2 dans différentes matrices : nasopharyngés, plasmas et urines., Annelise Maucotel [et al.]
P114 Evaluation du test rapide antigénique STANDARDTM Q COVID-19Ag Test SD BIOSENSOR pour la détection du SARS-CoV-2, Amel Chtourou [et al.].

Antiviraux et vaccins

P115 Rapid incorporation of Favipiravir by the fast and permissive viral RNA polymerase complex results in SARS-CoV-2 lethal mutagenesis, Shannon Ashleigh [et al.]
P116 Iden1ification d'un nouvel inhibiteur d'entrée des coronavirus humains, Thomas Meunier [et al.].
P117 La modification épi-transcriptomique 2'O methylation des ARN viraux limitent l'activité ribonucléase d'ISG20, Priscila El Kazzi [et al.]
P118 Un test cellulaire à rapporteur luciférase pour le criblage à haut-débit d'inhibiteurs de protéases – application à la protéase 3CLPro (Nsp5) du SARS-Cov2., Kuang-Yu Chen [et al.].
P119 Sensibilité phénotypique des VIH-1/non-M aux nouveaux inhibiteurs d'intégrase (bictégravir, cabotégravir), Charlène Martin [et al.].
P120 Activité antivirale d'inhibiteurs de cyclophilines innovants sur un coronavirus félin, Manon Delaplace [et al.].
P121 VEEV nsP1 capping: 5' RNA length, structure and sequence requirements, Oney Ortega [et al.]
P122 Systèmes de criblage pour la recherche de molécules antivirales contre les virus émergents disponibles sur la plateforme CEMIPAI, Nathalie Gros [et al.].
P123 Etudes Biophysiques et structurales de l'inhibition de l'endonucléase du virus de La Crosse pour le développement de nouvelles options antivirales., Mikael Feracci [et al.]
P124 Development of a High throughput screening method based on fluorescence to discover inhibitors of viral exoribonucleases., Sergio Hernandez [et al.]
P126 New insights in pUL52, a fourth component of the HCMV terminase complex, Clotilde Muller [et al.]
P127 Les inhibiteurs de la biosynthèse des purines et des pyrimidines bloquent la réplication du virus de l'artérite équine, José Carlos Valle-Casuso [et al.]
P128 Identification de molécules antivirales contre le virus de la fièvre du Nil par une approche combinant l'imagerie cellulaire et les cellules neurales équines dérivées de cellules souches pluripotentes induites., Marielle Cochet [et al.].

e.posters tardifs

P129 Identification de nouvelles molécules inhibitrices de la transmission du rétrovirus HTLV-1. Samuel Martial [et al.]
P130 Viral Host Range database (VHRdb), an online resource to collect, browse and analyse the host range of viruses Quentin Lamy-Besnier [et al.]
P131 Identification des cibles ARN cellulaires de la protéine Vif du VIH-1 et étude de leur impact sur la réplication virale Benjamin Stupfler [et al.]
P132 Identification des partenaires cellulaires impliqués dans la régulation traductionnelle du facteur de restriction APOBEC3G par la protéine Vif du VIH-1 Cédric Verriez [et al.]
P133 Etude des petites vésicules extracellulaires issues d'histocultures placentaires infectées par le cytomégalovirus: comment combiner les exigences de virologie, physiologie et biologie cellulaire? Hélène Martin [et al.]… Cécile Malnou
P134 Rapid characterization of human viruses in a droplet using Interferometric Light Microscopy in a BSL3 Kaushik Inamdar [et al.] D. Muriaux
P135 La numération des lymphocytes B sanguins prédit plus précisément que la réplication ex vivo le potentiel immunodépresseur des souches vaccinales du virus de la bursite infectieuse aviaire. Céline Courtillon [et al.]…Sébastien Soubies
P136 Identification of a host immunoregulatory metabolite that protects against influenza A and B pneumonia Adeline Cezard [et al.]
P137 Développement d'un nouveau candidat vaccin vivant atténué contre la fièvre jaune : évaluation de son innocuité et de son immuno-efficacité pré-clinique in vivo. Fabienne Piras-Douce …/… Alix Raquin [et al.]
P138 Etude structurale à haute résolution spatio-temporelle des effets des modulateurs d'assemblage de capside du virus de l'hépatite B. Kalouna Kra [et al.]
P139 Maladie de Gumboro : Impact du pathotype viral sur le profil leucocytaire. Annonciade Molinet [et al.]
P140 Role of the C19MC miRNAs during viral congenital infections. Yamileth Chin [et al.]
P141 Utiliser les coquillages pour surveiller la contamination du littoral par SARS-CoV-2 ? Marion Desdouits [et al.]
P142 Impact de l'interaction entre les protéines virale de nucléocapside (NCp7) et humaine hNoL12 sur la réplication du VIH-1. Sarwat Zgheib, Manon Zeiger [et al.]
P143 Rôle des microARN dans l'infection à SARS-CoV-2/COVID-19 grave Sonia Menasria1, Julien Poissy…/… Ilka Engelmann
P144 Reprogrammation du succinylome de l'épithélium pulmonaire lors de l'infection grippale Alan Wacquiez [et al.]
P145 Molecular epidemiology of Rice yellow mottle virus at local scale : incidence, diversity and dynamics in western Burkina Faso. Nils Poulicard …/…Charlotte Tollenaer
P146 La polyprotéine de réplication des norovirus humains : production, purification et caractérisation structurale Adrien Royet [et al.]
P148 Étude du rôle moléculaire de l'exoribonucléase DIS3L2 en contexte d'infection par le virus Sindbis Yasmine Amrani [et al.]
P149 Étude des propriétés dynamiques et des interactions du domaine effecteur (dimère) de la protéine NS1 du virus de l'influenza A. Sarah Naceri [et al.]
P150 Des formes ARN génomiques du virus Coxsackie B-3/28 tronquées en région 5'terminale modulent la réponse interféron-β et la production d'insuline par les cellules B des îlots de Langerhans chez la souris DBA/2J, Domitille Callon [et al.]
P151 De la plante à l'extrait à activité antivirale dans les infections virales respiratoires: l'exemple du kuwanon G et le coronavirus humain.. Inès Thabti, …/…, Mihayl Varbanov
P152 Comparaison par BioID du réseau d'interaction des protéines Tax, E7 et BNRF1 des virus oncogènes HTLV-1, HPV-16 et EBV : focus sur les altérations du centrosome. Julien Beltramini [et al.]
P153 Co-evolution de la syncytine-A, protéine fusogène d'origine rétrovirale, et de son récepteur, Ly6e. Ngoc Huong Giang Tran…/…, Anne Dupressoir
P154 Caractérisation de poches druggable et étude bioinformatique de l'interaction entre la protéine Spike du SARS-CoV-2 et le récepteur humain ACE2. Mariem Ghoula [et al.]

[2] Centre collaborateur de l'OIE pour la détection et l'identification chez l'homme des agents pathogènes animaux émergents (ccOIE), Institut Pasteur de Paris, France
[3] Parc Zoologique de Paris (PZP), Muséum National d'Histoire Naturelle (MNHN), France
[4] ZooParc de Beauval Beauval Nature, ZooParc de Beauval, France
[5] Laboratoire de Découverte de Pathogènes, Département de Virologie, Institut Pasteur de Paris, France
[6] Génétique Moléculaire des virus à ARN, Département de Virologie (GMVR), Institut Pasteur de Paris, CNRS : UMR3569, Université de Paris, France
[7] Centre National de Référence des virus respiratoires, Institut Pasteur de Paris, France
[8] Unité Environnement et Risques Infectieux, Cellule d'Intervention Biologique d'Urgence (CIBU), Institut Pasteur de Paris, France
[9] Centre collaborateur de l'OIE pour la détection et l'identification chez l'homme des agents pathogènes animaux émergents (ccOIE), Institut Pasteur de Paris, France
[10] Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort, France
Contexte : Le virus SARS-CoV-2 responsable de la pandémie de COVID-19 a causé à ce jour plus de 88 millions d'infections et 1,9 millions de décès. Comme pour les autres coronavirus, l'infection chez l'homme provient probablement d'une transgression de barrière d'espèce depuis un réservoir animal, vraisemblablement une chauve-souris, peut-être via un hôte intermédiaire. Au fur et à mesure de la diffusion du virus dans le monde, des infections anthropozoonotiques occasionnelles d'animaux ont été signalées, chez des animaux domestiques (chats, chiens) et d'élevage (visons) puis dans la faune sauvage captive des zoos (gorilles, tigres, lions, pumas, panthères des neige) via des contacts étroits avec des humains a- ou pauci-symptomatiques. Des infections expérimentales et modélisations bio-informatiques ont également démontré ou suggéré la sensibilité d'autres espèces à l'infection par SARS-CoV-2, notamment des primates non-humains. L'objectif du travail était d'identifier des cas d'infection à SARS-CoV-2 chez des animaux sauvages en captivité.
Méthodes : D'avril à novembre 2020, des prélèvements sanguins et des écouvillons nasauxpharyngés et rectaux ont été effectués sur 177 animaux sauvages provenant de zoos et d'élevages français, dont des chiroptères, des félins et des primates. Le critère principal d'inclusion était la confirmation d'au moins un cas de SARS-CoV-2 dans le personnel animalier des établissements. La recherche du génome de SARS-CoV-2 a été effectuée par une RT-PCR en temps réel en duplex ciblant le gène de la polymérase selon la méthode développée par le CNR des virus respiratoires ; et le séquençage des génomes complets a été réalisé avec le séquenceur MinION selon le protocole ARTIC. Le statut sérologique des animaux a été évalué par la technique de LIPS (Luciférase Immuno-Precipitation System) ciblant les domaines S1, S2, S, et RBD de la protéine de spicule, et le domaine C-terminal de la nucléoprotéine N.
Résultats : Le génome de SARS-CoV-2 a été détecté dans 3 écouvillons nasaux-pharyngés provenant de 2 lions vivant dans le même enclos au sein du zoo A. Ces animaux étaient asymptomatiques avant et après le prélèvement. Le séquençage complet de ces virus a révélé que ces souches appartenaient au lignage B.1.202, qui a circulé de mars à mai 2020 principalement en Australie et aux USA. Sur 145 sérums analysés (comprenant des Canidae, des chiroptères, des félins, des Herpestidae, des Mustelidae, des Périssodactyles, des primates et prosimiens, et un Ursidae), la séroconversion de 3 tigres et de 3 lions provenant du site B a été détectée entre avril et octobre 2020. Ces félidés n'ont jamais présenté de signe clinique. En revanche, un babouin du zoo C a également été testé transitoirement séropositif, mais négatif en séroneutralisation. Lors de son anesthésie 3 mois après, l'animal présentait des images radiographiques compatibles avec une pneumopathie mais un résultat sérologique devenu négatif et une absence de détection antigénique ou PCR sur les prélèvements bronchiques effectués.
Conclusion : L'infection d'animaux sauvages par un SARS-CoV-2 d'origine humaine est peu fréquente mais possible ; le maintien constant de précautions sanitaires est donc indispensable afin de protéger ces espèces à haute valeur de conservation.
Correspondance : marc.eloit@pasteur.fr

P075 Prevalence and genetic diversity of Coronaviruses circulating in insectivorous bat colonies in Mashonaland West Province, Zimbabwe.

Vimbiso Chidoti [1], Hélène De Nys [2], Elizabeth Gori [1], Valérie Pinarello [2], Ngoni Chiweshe [3], Ahidjo Ayouba [4], Dorothée Missé [5], Gift Matope [1], Florian Liegeois[1,5]
[1] University of Zimbabwe, Faculty of Veterinary Science, Harare, Zimbabwe
[2] Animal, Santé, Territoires, Risques et Ecosystèmes (UMR ASTRE), INRAe, Centre de Coopération Internationale en
Recherche Agronomique pour le Développement : UMR117, TA A-117 / E, Campus international de Baillarguet 34398 Montpellier Cedex 5, France, France
[3] CIRAD, Harare, Zimbabwe
[4] Recherches Translationnelles sur le VIH et les maladies infectieuses (TransVIHMI), INSERM : U1175, Institut de Recherche pour le Développement : UMI233, Université Cheikh Anta Diop [Dakar, Sénégal], Universtié Yaoundé 1 [Cameroun], Université de Montpellier, Centre IRD France Sud 911, avenue Agropolis BP 64501 F-34394 Montpellier cedex 5, France
[5] Maladies infectieuses et vecteurs : écologie, génétique, évolution et contrôle (MIVEGEC), Université de Montpellier : UMR5290, CNRS: UMR5290, Institut de Recherche pour le Développement, 911 Avenue Agropolis BP 64501 34394 Montpellier cedex 5, France
Introduction

This study aims to establish prevalence and genetic diversity of Coronaviruses circulating in two insectivorous bat colonies in Zimbabwe. More than 60 bat species have been recorded in Zimbabwe. The country is thus a potential at risk area for the emergence of zoonotic infections from bats. Previous studies carried out in Zimbabwe included the characterisation of Dicistrovirus, Coronavirus and Paramyxovirus in insectivorous bats (*Hipposideros Caffer*) at one of the sites. Coronaviruses belong to the order Nidoviridae, divided into 4 genera where Alpha and Beta coronaviruses cause pathogenesis in mammals whereas the Gamma and Delta infect avian species. To date studies have linked bats to the seven human related coronaviruses including SARS-CoV-1 and -2 and MERS-CoV. The study sites represent an anthropogenic interface where human populations are directly or indirectly exposed to viral pathogens hosted by bats, thus it is of importance, to know the prevalence and genetic diversity and of coronaviruses in these sites to better monitor and establish surveillance tools that can be used to predict and eventually prevent future emergences. Materials and Methods

The study was carried out in Hurungwe district, Mashonaland West province in Zimbabwe at two different sites: Magweto cave (1034 bat fecal samples collected) and Chirundu Safari (852 bat faecal samples collected). The sites were chosen due to their large bat communities and species diversity and due to the existence of bat-human interfaces. At least 4 species per site were discovered after capture and release. The two sites were sampled once a month for 6 consecutive months on an average of 3 days per site. Non-invasive sampling was carried out, individual bat faeces were collected and placed in RNAlater before laboratory analysis. After DNA/RNA extraction from the faeces, Reverse transcription was carried out on the nucleic acids using Random Primers following by classical nested PCR PCR that amplifies a 440bp fragment in the polymerase gene of coronaviruses. Positive samples were sequenced by sanger method and partial nucleic acid sequences were then compared to existing CoV sequences. Phylogenetic analyses were done by using Maximum likelihood method (PhyML).

Results and Discussion

Preliminary results from the Chirundu bat community showed a prevalence of 5-10% (obtained from 25% of our sampling) in two prominent insectivorous bat species, *Hipposideros caffer* and *Rhinolophus spp*. Preliminary results for the Magweto cave showed a prevalence of 2-7% (obtained from 40% of our sampling) in the bat community of small sized Hipposideridae and

Rhinolophidae, which is low compared to the other site. For the larger *Hipposideros gigas* from Magweto cave, prevalence of coronaviruses was between 40-50%. The sequencing of the positive samples showed a high genetic diversity of coronaviruses with both Alpha and Beta coronaviruses represented in both sites. The positive samples were closely related to HKU2, HKU4, HKU10 and 229-E, SARS-CoV and MERS-CoV coronaviruses.

Corresponce: florian.liegeois@ird.fr

P076 Caractérisation des communautés virales dans des tiques de Roumanie : nouveaux virus a potentiel zoonotique ?

Bianca Bratuleanu[1], Sarah Temmam [1], Delphine Chrétien [1], Béatrice Régnault [1], Philippe Pérot [1], Christiane Bouchier [2], Thomas Bigot [1,3], Gheorghe Savuta [3], Marc Eloit[1,4]

[1] Laboratoire de Découverte de Pathogènes, Département de Virologie (LDP), Institut Pasteur, Paris, France

[2] Hub Bioinformatique et Biostatistique (C3BI), Institut Pasteur de Paris, France

[3] Faculté de Médicine Vétérinaire, Université des Sciences Agricoles et de la Médecine Vétérinaire Ion Ionescu de la Brad, Iaşi, Roumanie

[4] Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort (ENVA), 94700 Maisons Alfort, France

Contexte et objectifs

Les tiques sont considérées, après les moustiques, comme le deuxième arthropode vecteur de maladies infectieuses humaines dans le monde, telles que l'encéphalite à tiques ou la fièvre hémorragique de Crimée-Congo.La technologie de séquençage de nouvelle génération NGS (NextGeneration-Sequencing) fournit un moyen puissant pour étudier les communautés virales des vecteurs et leur dynamique, et pour découvrir des virus inconnus. Le présent projet vise à caractériser le virome de tiques Dermacentor sp., Haemaphysalis sp., Rhipicephalus sp, collectées sur des moutons et chèvres, gorgées ou non, et récoltées dans deux zones géographiques différentes du sud-est de la Roumanie.

Méthodes

506 tiques appartenant aux genres Dermacentor sp., Haemaphysalis sp., Rhipicephalus sp., ont été récoltées sur des moutons et des chèvres, et dans la végétation, correspondant à 2 zones géographiques distinctes : des sites périurbains à l'est du pays (zone 1, Iaşi) et des sites situés au sud du pays, comprenant une région boisée et une région aride (zone 2, delta du Danube). Les ARNs ont été extraits des broyats de tiques puis utilisés pour produire 8 librairies de séquençage à haut débit qui ont été séquencées en single read 150 pb sur un NextSeq500. Un pipeline de bio-informatique (Microseek) comprenant des étapes de contrôle de qualité, de trimming, de normalisation, d'assemblage de novo et de prédiction d'ORFs a été appliqué. Il inclut une assignation taxonomique qui utilise une approche BlastP contre une base de données virales (RVDB) suivie d'une validation par BlastP puis BlastN contre les bases de données généraliste NCBI.

Résultats

De nombreuses familles virales ont été identifiées, notamment des virus infectant des plantes, des invertébrés, des bactéries, mais aussi des familles connues pour contenir des arbovirus (Flaviviridae, Phenuiviridae, et Nairoviridae). Certaines familles virales n'ont été identifiées que chez Rhipicephalus (Nairoviridae) alors que d'autres ont été trouvées conjointement chez Dermacentor et Rhipicephalus (Flaviviridae). Récemment de nouveaux virus apparentés aux Phenuiviridae, Tacheng tick virus 2 (TATV2), ont été décrits : pour la première fois en Chine chez Dermacentor