

A3.37

CARACTÉRISATION D'ISOLATS ANIMAUX H3N2 CHEZ LE FURET.

¹Eveline Somo, ²Carl Gagnon et ¹Véronika von Messling

¹INRS-Institut Armand-Frappier, université du Québec

²Faculté de médecine vétérinaire, université de Montréal

La grippe est une infection respiratoire sérieuse, associée à une forte morbidité et un potentiel de mortalité élevé chez des patients avec des conditions préexistantes. Une grande partie des épidémies annuelles et les précédentes pandémies sont causées par le virus d'influenza A. Ce virus se caractérise par un large spectre d'hôte constitué d'oiseaux aquatiques et des mammifères divers incluant, le porc, le vison, le furet et les humains. Les pandémies surviennent suite à l'introduction dans la population humaine d'un nouveau sous type, transmissible d'un individu à un autre contre lequel il n'existe pas d'immunité. Une préparation convenable à la prochaine pandémie nécessite une meilleure compréhension du processus de transmission interspèce et d'adaptation à l'hôte. Dans ce but notre étude vise à évaluer la virulence et la stabilité génétique de deux isolats animaux chez le furet. Le furet est susceptible à toutes les souches humaines du virus influenza et développe une maladie similaire à l'humain. Pour ces raisons, nous avons émis l'hypothèse selon laquelle le potentiel d'un isolat animal à induire une maladie sévère chez l'humain peut être prédit sur la base de sa pathogénèse et de sa stabilité génétique chez le furet. Nous avons utilisé 3 souches H3N2 : 2 isolats animaux provenant du porc et du vison, et un isolat humain. Un groupe de 8 furets a été infecté avec chacun des virus. Quotidiennement, les données nous permettant le suivi clinique tel que la température corporelle, le poids, les signes respiratoires, la morbidité sont enregistrés. Deux et quatre jours après l'infection 2 animaux sont sacrifiés, et les organes du tractus respiratoire sont prélevés. Afin de déterminer la stabilité génétique, une comparaison de séquence des segments codant pour l'hémagglutinine (HA), la neuraminidase (NA) et la protéine de matrice (M) du virus infectant versus celui isolé des organes prélevés 4 jours après l'infection a été réalisée. Nous avons observés que tous les virus induisent une maladie et se répliquent dans le tractus respiratoire. Les souches humaines et de vison ont une pathogénèse similaire, alors que la souche porcine est associée à une maladie plus rapide et des signes cliniques plus sévères. Au cours de l'infection, les segments M et NA des 3 virus restent stables. Par contre leurs segments HA accumulent à des degrés divers des mutations codantes. Cette étude nous permet de confirmer le caractère zoonotique des 2 isolats animaux. En plus, nos données supportent l'idée selon laquelle les souches d'origines porcines sans adaptation préalable peuvent induire une maladie sévère et transmissible chez l'humain.