

A91

Découverte de deux nouveaux Iteravirus (Densovirinae) et caractérisation de leur stratégie d'expression génique

Qian Yu et Peter Tijssen

INRS- Institut Armand-Frappier

Le genre Iteravirus fait partie de la sous-famille Densovirinae et de la famille Parvovirinae. Il contient 3 densovirus : *Casphalia extranea* Densovirus (CeDENV), *Dendrolimus punctatus* Densovirus (DpDENV) et *Bombyx mori* Densovirus (BmDENV). Nous avons utilisé une technique d'amplification indépendante de la séquence (SISPA : Sequence-Independent Single-Primer Amplification) afin de détecter la présence de pathogènes dans des échantillons de larves mortes de cause inconnue. Ces larves proviennent de deux insectes additionnels : les papillons *Papilio polyxenes* et *Sibine fusca*. Le séquençage des clones obtenus combiné à une analyse BLAST nous a permis d'identifier deux nouveaux densovirus que nous avons nommés provisoirement PpDENV et SfDENV. Les deux nouveaux virus démontrent une grande identité de séquence avec les virus CeDENV et BmDENV (incluant les ITRs). De plus, l'organisation de leur génome est identique, et ils devraient donc être classifiés comme membres du genre Iteravirus. Nous avons utilisé les clones infectieux des virus PpDENV, SfDENV, CeDENV et BmDENV pour caractériser la stratégie d'expression des membres du genre Iteravirus. Nous avons utilisé la lignée cellulaire LD afin de faire des expériences de transfection avec les clones infectieux. Nous avons ensuite isolé l'ARN des cellules transfectées en plus d'échantillons de larves infectées pour PpDENV et utilisé à la méthode RACE pour identifier l'initiation et la terminaison des différents gènes. Nous avons pu déterminer que les gènes non structuraux (NS) et structuraux (VP) sont situés sur le même brin d'ADN (monosense). Les gènes NS1 et NS2 se chevauchent. Le début des transcrits de NS2 sont situés seulement 7 nucléotides après le codon d'initiation de NS1. Nous avons aussi démontré qu'il n'y a pas de chevauchement entre les gènes NS et VP. La synthèse de l'ensemble des quatre protéines structurales se fait par traduction par balayage à partir d'un seul ARNm non épissé. La transcription des VPs débute seulement 2 nucléotides après le signal poly(A) des transcrits NS. Il est intéressant de noter que le signal poly(A) des transcrits VP chevauche les codons stop des protéines VP.