

### **A3.40**

#### **PLASTICITÉ DE LA RÉGION HYPERVARIABLE ENTRE LES GÈNES DE LA MATRICE ET DE LA FUSION DU VIRUS DE LA MALADIE DE CARRÉ**

A Castan, D Anderson, V von Messling.

INRS- Institut Armand Frappier, Laval, QC.

Le virus de la maladie de Carré (CDV) et son proche parent, le virus de la rougeole, s'inscrivent dans le genre Morbillivirus qui fait partie de la famille des Paramyxoviridae. Les morbillivirus sont responsables de nombreuses maladies graves affectant les humains et les animaux. Le génome du CDV est un ARN simple brin de polarité négative constitué de six gènes séparés par des régions non-traduites (UTRs). L'UTR entre les gènes matrice (M) et fusion (F) est exceptionnellement longue ainsi que très variable entre les différentes souches de CDV. Dû à cette variabilité nous avons émis l'hypothèse selon laquelle l'UTR M-F n'est pas un déterminant de la pathogenèse du CDV. Pour vérifier cette hypothèse, nous avons échangé cette région entre deux souches virulentes dont le profil de pathogenèse est différent. De plus, nous avons remplacé l'UTR M-F d'une souche virulente du CDV par celle d'une souche vaccinale. Des expériences menées chez le furet ont démontré que le profil de pathogenèse n'est pas modifié par ces échanges. Il existe donc une plasticité permettant l'échange de l'UTR M-F entre les souches de CDV. Pour approfondir nos connaissances nous avons remplacé l'UTR M-F d'une souche virulente du CDV par celle du virus de la rougeole. Dans ce cas, le profil de pathogenèse n'a pas été conservé. Nous avons ainsi observé que la plasticité de l'UTR M-F s'applique au niveau de l'espèce et non du genre. Nos travaux permettront l'augmentation des connaissances sur les mécanismes de pathogenèse des morbillivirus.