Evolution du virus des ailes déformées (Deformed wing virus, DWV)

Anne Dalmon, Cecile Desbiez, Marianne Coulon, Maxime Thomasson, Yves Le Conte, Cédric Alaux, Julien Vallon, Benoît Moury

▶ **To cite this version:**

Anne Dalmon, Cecile Desbiez, Marianne Coulon, Maxime Thomasson, Yves Le Conte, et al.. Evolution du virus des ailes déformées (Deformed wing virus, DWV). 5. Journées de la Recherche Apicole, Feb 2017, Paris, France. 2017. hal-02788667

HAL Id: hal-02788667
https://hal.inrae.fr/hal-02788667

Submitted on 5 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - ShareAlike 4.0 International License

Evolution du virus des ailes déformées (*Deformed wing virus*, DWV)

A. Dalmon[1,2], C. Desbiez[3], M. Coulon[1], M. Thomasson[1], Y. Le Conte[1,2], C. Alaux[1,2], J. Vallon[2], and B. Moury[3]

1 INRA, Unité Abeilles et Environnement, F-84000 Avignon, France
2 UMT PRADE, ITSAP, F-84000 Avignon, France
3 INRA, Unité Pathologie végétale, F-84000 Avignon, France

Objectifs :
Le virus des ailes déformées est fréquemment associé à des pertes dans les colonies d'abeilles (Genersch et al., 2010; vanEngelsdorp et al., 2013). Des souches plus ou moins virulentes ont été décrites (McMahon et al., 2016; Mordecai et al., 2015; Ryabov et al., 2014). Nous avons étudié la diversité des souches présentes en France, dans des colonies tolérantes à varroa ou dans des colonies traitées, en comparaison à d'autres origines géographiques. A partir des séquences génomiques obtenues, nous avons recherché la présence d'évènements de recombinaison impliqués dans l'évolution du virus. Par ailleurs, nous avons recherché les portions du génome préservées au cours de l'évolution, qui pourraient être importantes pour la survie du virus.

Méthodes :
Quarante-trois colonies d'abeilles ont été échantillonnées dans 6 régions françaises (collectes par les ADAs, auprès des apiculteurs) ainsi qu'en Italie, Canada et Argentine. Le séquençage complet de 2 isolats a été réalisé. Les séquences partielles de 22 isolats ont été comparées dans une région génomique conservée (impliquée dans la réplication du virus) et dans une région plus variable (non codante). Les séquences ont été comparées à celles disponibles dans les banques de données internationales (Genbank). Par ailleurs nous avons étudié les mutations dans les régions codantes du génome pour déterminer quelles régions subissent une pression de sélection.

Résultats :
Un des génomes complètement séquencé (issu de la colonie traitée) est très proche des souches de DWV déjà décrites. En revanche le génome complet de l'isolat issu d'une colonie tolérante à varroa est un génome chimère qui associe des fragments du DWV et du virus proche VDV-1 (*Varroa destructor virus -1*). Cette souche est différente des autres recombinants décrits à ce jour. Sur l'ensemble des séquences disponibles, neuf points de recombinaison indépendants ont été identifiés. Les séquences partielles suggèrent que les isolats français sont majoritairement recombinants (85%). En comparant les taux de substitutions synonymes (dS) et non synonymes (dN) dans les régions codantes du génome nous avons identifié 4 positions sous sélection positive, dont 3 dans la protéine Leader, ce qui suggère que cette protéine est importante pour la survie du virus.

Conclusion :
La fréquence observée des évènements de recombinaison montre que ces évènements sont fréquents. La recombinaison participe à l'adaptation du virus à son hôte (abeille) et à son vecteur (varroa). Les rôles potentiels de la recombinaison et des mutations du virus dans la virulence seront discutés, ainsi que l'association potentielle avec la tolérance à varroa.

Genersch, E., Ohe, W.v.d., Kaatz, H., Schroeder, A., Otten, C., Buchler, R., Berg, S., Ritter, W., Muhlen, W., Gisder, S., Meixner, M., Liebig, G., Rosenkranz, P., 2010. The German bee monitoring project: a long term study to understand periodically high winter losses of honey bee colonies. Apidologie 41, 332-352.
McMahon, D.P., Natsopoulou, M.E., Doublet, V., Fürst, M., Weging, S., Brown, M.J.F., Gogol-Döring, A., Paxton, R.J., 2016. Elevated virulence of an emerging viral genotype as a driver of honeybee loss. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences 283.
Mordecai, G.J., Brettell, L.E., Martin, S.J., Dixon, D., Jones, I.M., Schroeder, D.C., 2015. Superinfection exclusion and the long-term survival of honey bees in Varroa-infested colonies. The ISME journal.
Ryabov, E.V., Wood, G.R., Fannon, J.M., Moore, J.D., Bull, J.C., Chandler, D., Mead, A., Burroughs, N., Evans, D.J., 2014. A Virulent Strain of Deformed Wing Virus (DWV) of Honeybees (Apis mellifera) Prevails after Varroa destructor-Mediated, or In Vitro, Transmission. PLoS Pathog. 10.
vanEngelsdorp, D., Tarpy, D.R., Lengerich, E.J., Pettis, J.S., 2013. Idiopathic brood disease syndrome and queen events as precursors of colony mortality in migratory beekeeping operations in the eastern United States. Preventive Veterinary Medicine 108, 225-233.