

Patrice Bonny^{1,2,3}, Julien Schaeffer^{1*}, Alban Besnard¹, Marion Desdout¹, Jean Justin Essia Ngang², Soizick Le Guyader¹
¹Ifremer, Laboratoire de Microbiologie, LSEM/SG2M, Nantes France, ²Université de Yaoundé 1, Département de Microbiologie, ³IMPM, Centre de Recherche en Alimentation et Nutrition, Yaoundé Cameroun, * julien.schaeffer@ifremer.fr

Introduction

Des gisements naturels de palourdes du fleuve Sanaga sont exploités pour la valorisation des coquilles et pour la transformation de leur chair (1-2). Les palourdes, coquillages filtreurs, peuvent concentrer les microorganismes présents dans la colonne d'eau ou le sédiment (3).

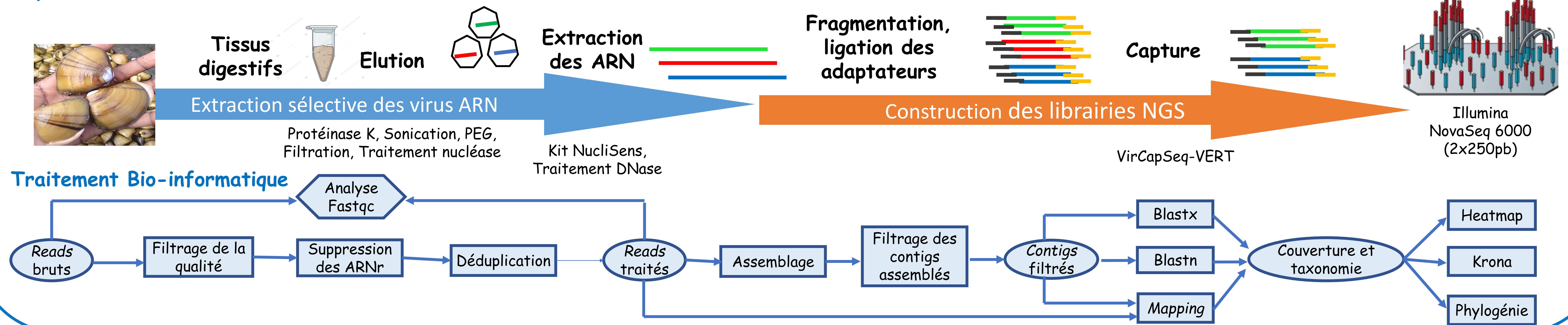
L'étude du virome de ces « sentinelles de l'environnement » avec des outils de métagenomique permettrait d'apporter des connaissances sur la diversité des virus entériques humains ou virus animaux présentant un potentiel zoonotiques dans le milieu aquatique.

Matériel et Méthodes

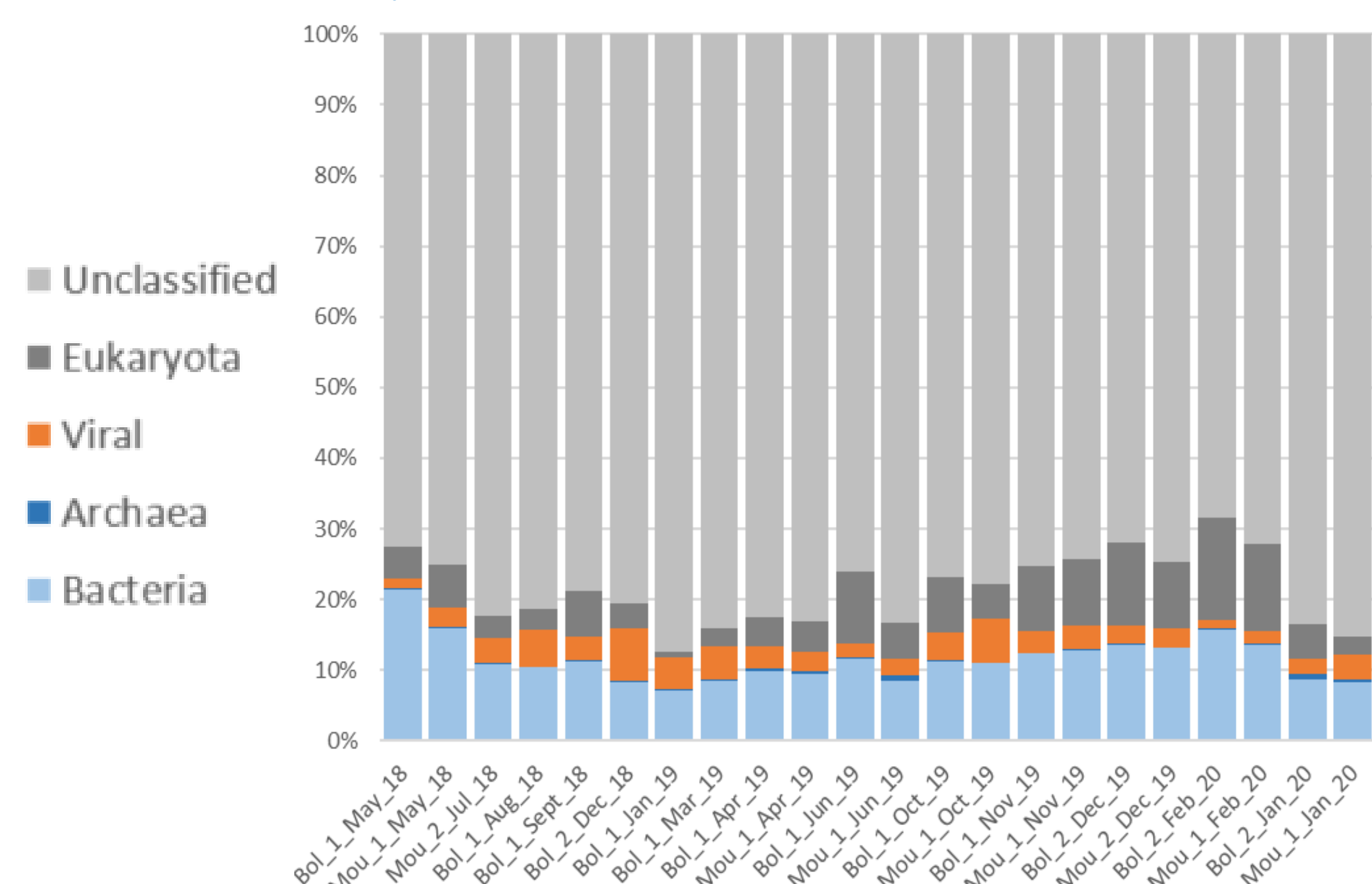
Echantillonnage

22 lots de palourdes (*Galatea paradoxa*) ont été collectés sur 2 sites (Mou et Bol) entre février 2018 et février 2020, congelés à -20°C, puis acheminés à l'Ifremer (Nantes).

Préparation des échantillons et construction des librairies

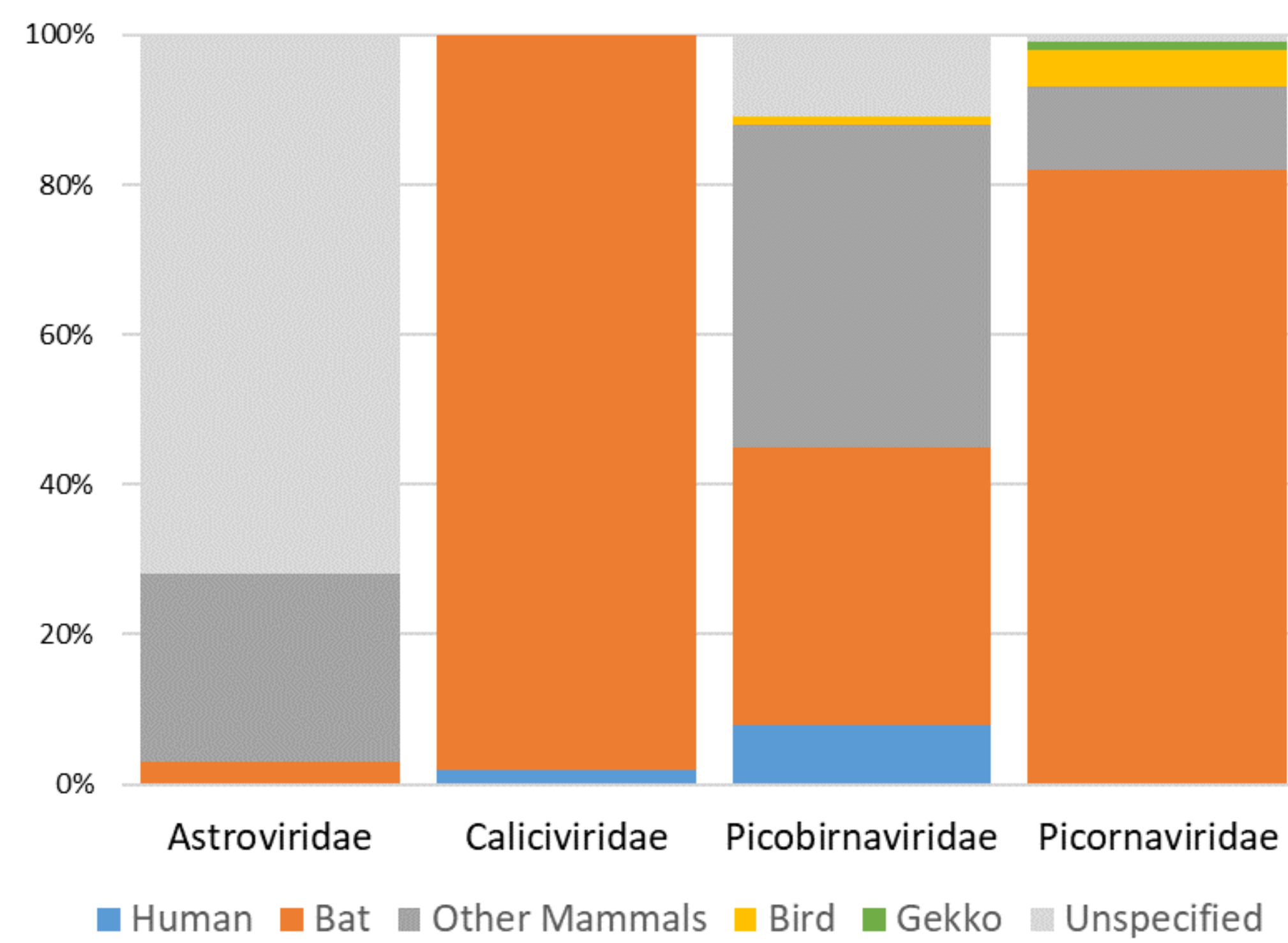


Résultats



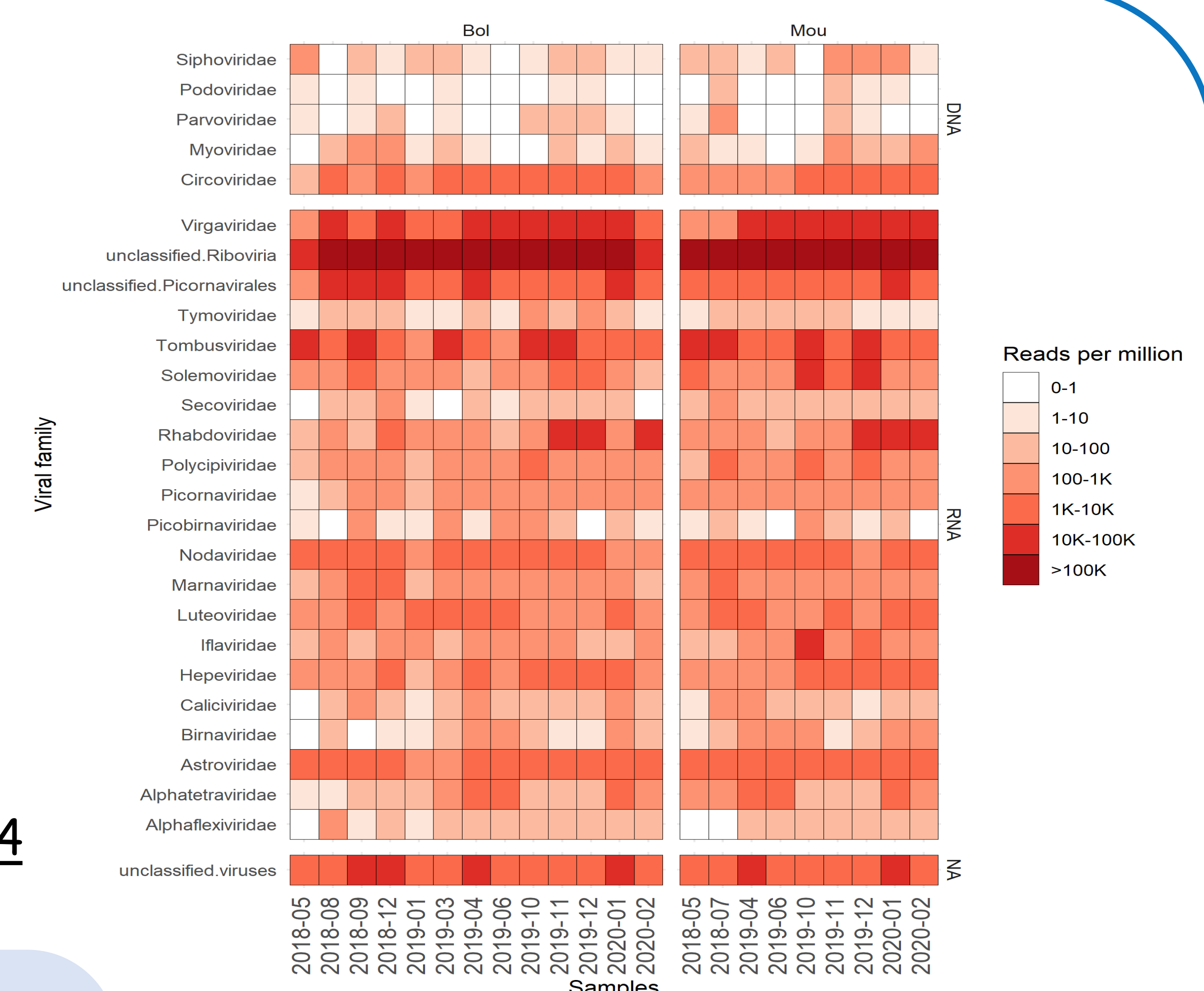
Assignation taxonomique des reads filtrés (Kaiju).

- Déduplication réduit jusqu'à 85% des données, facilitant l'assemblage.
- 68% à 87% des reads non assignés : « black matter ».
- Fraction virale représente de 0,8 à 15 % des reads.



Focus sur la diversité des hôtes identifiés pour 4 familles virales

- Origine des séquences : proximité avec les virus de chauves-souris
- 2 séquences de norovirus humain, génogroupe II (*Caliciviridae*)
- 1 séquence proche du virus de l'hépatite A génogroupe V (*Picornaviridae*)



Heatmap de la diversité virale

- Peu de reads appartenait à des familles de phages (0,03 %) ou à des virus à ADN (0,6 %).
- Grande majorité des reads identifiés appartient à la famille des *Astroviridae*.

Discussion

Cette étude a permis de décrire une grande diversité de virus à ARN à partir d'échantillons de palourdes en confirmant le potentiel des coquillages comme sentinelles de la qualité microbienne de l'environnement. La sensibilité de la méthode reste cependant perfectible pour mieux caractériser les souches virales présentes à très faibles concentrations. La présence de virus animaux dans ces palourdes, pourrait favoriser les événements zoonotiques.