

⑫

DEMANDE DE BREVET D'INVENTION

A1

②② Date de dépôt : 20.03.98.

③③ Priorité :

④③ Date de mise à la disposition du public de la demande : 24.09.99 Bulletin 99/38.

⑤⑥ Liste des documents cités dans le rapport de recherche préliminaire : *Se reporter à la fin du présent fascicule*

⑥⑥ Références à d'autres documents nationaux apparentés :

⑦① Demandeur(s) : MERAL Société par actions simplifiée — FR, THE QUEEN'S UNIVERSITY OF BELFAST — GB et UNIVERSITY OF SASKATCHEWAN — CA.

⑦② Inventeur(s) : ALLAN GORDON, MEEHAN BRIAN, CLARK EDWARD, ELLIS JOHN, HAINES DEBORAH, HASSARD LORI, HARDING JOHN, CHARREYRE CATHERINE ELISABETH et CHAPPUIS GILLES EMILE.

⑦③ Titulaire(s) :

⑦④ Mandataire(s) : CABINET LAVOIX.

⑤④ NOUVEAUX CIRCOVIRUS PORCINS; VACCINS ET REACTIFS DE DIAGNOSTIC.

⑤⑦ L'invention concerne de nouvelles souches de circovirus porcin isolées à partir de prélèvements pulmonaires ou ganglionnaires provenant d'élevage atteints par le syndrome de dépérissement généralisé de post-sevrage (en anglais PMWS). Elle concerne des préparations purifiées de ces souches, des vaccins classiques atténués ou inactivés, des vaccins vivants recombinants, des vaccins plasmidiques et des vaccins de sous-unités, ainsi que des réactifs et méthodes de diagnostic. Elle concerne aussi des fragments d'ADN pouvant être utilisés pour la production de sous-unités dans un vecteur d'expression in vitro ou comme séquences à intégrer dans un vecteur d'expression in vivo de type virus ou plasmide.



La présente invention est relative à de nouvelles souches de circovirus porcin (PCV pour *Porcine CircoVirus*) responsables du syndrome PMWS (*Porcine Multisystemic Wasting Syndrome* ou *Post-Weaning Multisystemic Wasting Syndrome* encore appelé syndrome de dépérissement généralisé de post-sevrage), à des réactifs et méthodes permettant leur détection, à des méthodes de vaccination et à des vaccins, ainsi qu'à des méthodes de production de ces réactifs et vaccins.

Le PCV a été à l'origine détecté comme contaminant non cytopathogène dans des lignées cellulaires de reins de porcs PK/15. Ce virus a été classé parmi les Circoviridae avec le virus de l'anémie du poulet (CAV pour *Chicken Anemia Virus*) et le virus PBFDV (*Pscittacine Beak and Feather Disease Virus*). Il s'agit de petits virus (de 15 à 24 nm) non enveloppés dont la caractéristique commune est de contenir un génome sous forme d'un ADN simple brin circulaire de 1,76 à 2,31 kb. On a d'abord pensé que ce génome codait pour un polypeptide d'environ 30 kDa (Todd et al., Arch Virol 1991, 117: 129-135). Des travaux récents ont toutefois montré une transcription plus complexe (Meehan B. M. et al., 1997, 78: 221-227). Par ailleurs, on ne connaît pas d'homologies significatives de séquence nucléotidique ni de déterminants antigéniques communs entre les trois types de circovirus connus.

Le PCV issu des cellules PK/15 est considéré comme n'étant pas pathogène. On en connaît la séquence d'après B. M. Meehan et al., J Gen Virol 1997 (78) 221-227. Ce n'est que très récemment que des auteurs ont pensé que des souches de PCV pourraient être pathogènes et associées au syndrome PMWS (Gupi P. S. Nayar et al., Can Vet J, vol. 38, 1997: 385-387 et Clark E. G., Proc Am Assoc Swine Prac 1997: 499-501). Nayar et al. ont détecté de l'ADN de PCV chez des porcs présentant le syndrome PMWS par des techniques de PCR. Aucune souche sauvage de PCV n'a toutefois été isolée et purifiée à ce jour.

Le syndrome PMWS détecté au Canada, aux Etats-Unis et en France se caractérise au plan clinique par une perte progressive de poids et par des

manifestations telles que tachypnée, dyspnée et jaunisse. Au plan pathologique, il se traduit par des infiltrations lymphocytaires ou granulomateuses, des lymphadénopathies et, plus rarement, par des hépatites et néphrites lymphocytaires ou granulomateuses (Clark E. G., Proc. Am. Assoc. Swine Prac. 1997: 499-501 ; La Semaine Vétérinaire n° 26, supplément à La Semaine Vétérinaire 1996 (834) ; La Semaine Vétérinaire 1997 (857): 54 ; Gupi P. S. Nayar et al., Can Vet J , vol. 38, 1997: 385-387).

La déposante a réussi à isoler cinq souches nouvelles sous de PCV à partir de prélèvements pulmonaires ou ganglionnaires provenant d'élevages situés au Canada, aux Etats-Unis (Californie) et en France (Bretagne), ci-après dénommés circovirus selon l'invention. Ces virus ont été mis en évidence dans des lésions de porcs atteints du syndrome PMWS, mais pas chez des porcs sains.

La déposante a en outre séquencé le génome de quatre de ces souches, à savoir les souches provenant du Canada et des Etats-Unis ainsi que deux souches française. Les souches présentent entre elles une très forte homologie au niveau nucléotidique dépassant 96 % et beaucoup plus faible avec la souche PK/15, environ 76 %. Les nouvelles souches peuvent donc être considérées comme représentatives d'un nouveau type de circovirus porcin, dénommé ici type II, le type I étant représenté par la PK/15.

La présente invention a donc pour objet le circovirus porcin de groupe II, tel que défini ci-dessus, isolé ou sous forme de préparation purifiée.

L'invention concerne tout circovirus porcin susceptible d'être isolé d'un échantillon physiologique ou d'un prélèvement tissulaire, notamment de lésions, d'un porc malade présentant le syndrome PMWS, notamment en suivant la méthode décrite dans les exemples, en particulier circovirus du type II.

La présente invention a plus particulièrement pour objet des préparations purifiées de cinq souches, qui ont été déposées auprès de l'ECACC (European

Collection of Cell Cultures, Centre for Applied Microbiology & Research, Porton Down, Salisbury, Wiltshire SP4 0JG, Royaume-Uni) le jeudi 2 octobre 1997:

- n° d'accès provisoire V97100219 (appelé ici Imp.1008PCV)

5 - n° d'accès provisoire V97100218 (appelé ici Imp.1010PCV)

- n° d'accès provisoire V97100217 (appelé ici Imp.999PCV).

et, le vendredi 16 janvier 1998 :

- n° d'accès provisoire V98 011608 (appelé ici Imp 1011-48285)

- n° d'accès provisoire V98 011609 (appelé ici Imp 1011-48121)

10 L'invention entend considérer les circovirus porcins isolés d'un porc malade et/ou les circovirus ayant une parenté sérologique significative avec les souches de l'invention et/ou les circovirus ayant une hybridation croisée avec les souches de l'invention dans des conditions de stringence telles qu'il n'y a pas d'hybridation avec la souche PCV PK/15.

15 Les souches virales isolées d'un échantillon physiologique ou d'un prélèvement tissulaire, notamment d'une lésion, d'un porc présentant le syndrome PMWS peuvent être avantageusement propagées sur des lignées cellulaires telles que notamment des lignées cellulaires de rein de porc, en particulier cellules PK/15 indemnes de contamination (en particulier pour PCV, ainsi que pour pestivirus, adénovirus porcin et parvovirus porcin) en vue de leur multiplication ou spécifiquement pour la production d'antigène, entier (e.g. virus) et/ou sous-unités (e.g. polypeptides).

20 De manière très remarquable et inattendue, ces isolats se sont révélés très productifs en culture sur cellules PK/15, ce qui présente des avantages indéniables pour la production de virus ou d'antigène, en particulier pour le production de vaccin inactivé.

25 La présente invention a aussi pour objet les préparations de circovirus isolés après passages sur cellules, notamment lignées cellulaires, e.g. cellules PK/15, cultivées in vitro en étant infectées par l'un au moins des circovirus selon l'invention ou de tout circovirus porcin susceptible d'être isolé d'un

30

échantillon physiologique ou d'un prélèvement tissulaire, notamment de lésions, d'un porc présentant le syndrome PMWS. Elle a aussi pour objet les surnageants ou extraits de culture, éventuellement purifiés par des techniques standards, et de manière générale toute préparation antigénique obtenue à partir des cultures in vitro.

5

L'invention a aussi pour objet les principes actifs immunogènes et les vaccins contenant au moins un antigène tel que défini supra.

Il peut s'agir de principes actifs immunogènes à base de virus entiers vivants atténués, ou vaccins préparés avec ces principes actifs, l'atténuation étant effectuée selon les méthodes usuelles, e.g. par passage sur cellules, de préférence par passage sur des cellules de porc, notamment lignées, telles que cellules PK/15 (par exemple de 50 à 150, notamment de l'ordre de 100, passages). Ces vaccins comprennent en général un véhicule ou diluant acceptable sur le plan vétérinaire, éventuellement un adjuvant acceptable sur le plan vétérinaire ainsi qu'éventuellement un stabilisateur de lyophilisation.

10

15

Ces vaccins comprendront de préférence de 10^3 à 10^6 TCID₅₀.

Il peut aussi s'agir de principes actifs immunogènes ou de vaccins à base d'antigène de circovirus selon l'invention, à l'état inactivé. Le vaccin comprend en outre un véhicule ou diluant acceptable sur le plan vétérinaire, avec éventuellement en plus un adjuvant acceptable sur le plan vétérinaire.

20

Les circovirus selon l'invention, avec les fractions qui peuvent être présentes, sont inactivés selon les techniques connues de l'homme du métier. L'inactivation sera effectuée de préférence par voie chimique, e.g. par exposition de l'antigène à un agent chimique tel que formaldéhyde (formol), paraformaldéhyde, β -propiolactone ou éthylène imine ou ses dérivés. La méthode d'inactivation préférée sera ici l'exposition à un agent chimique et en particulier à l'éthylène imine ou à la β -propiolactone.

25

De préférence, les vaccins inactivés selon l'invention seront adjuvés, avantageusement en étant présentés sous forme d'émulsions, par exemple eau-dans-l'huile ou huile-dans-l'eau, selon les techniques bien connues de

30

l'homme du métier. Le caractère adjuvant pourra aussi provenir de l'incorporation au principe actif d'un composé adjuvant usuel.

5 Parmi les adjuvants qui peuvent être utilisés, on peut citer à titre d'exemple l'hydroxyde d'alumine, les saponines (e.g. Quillaja saponin ou Quil A ; voir Vaccine Design, The Subunit and Adjuvant Approach, 1995, édité par Michael F. Powel et Mark J. Newman, Plenum Press, New-York and London, p 210), l'Avridine[®] (Vaccine Design p 148), le DDA (Diméthylodioctadécylammonium bromide, Vaccine Design p 157), le Polyphosphazene (Vaccine Design p 204), ou encore des émulsions huile-dans-10 l'eau à base d'huile minérale, de squalane (e.g. émulsion SPT, Vaccine Design p 147), de squalène (e.g. MF59, Vaccine Design p 183), ou eau-dans-l'huile à base d'huile métabolisable (de préférence selon WO-A-94 20071) ainsi que les émulsions décrites dans US-A-5 422 109. On peut aussi choisir des associations d'adjuvants, par exemple Avridine[®] ou DDA associé à une15 émulsion.

Ces vaccins comprendront de préférence de 10^6 à 10^8 TCID₅₀.

Les adjuvants du vaccin vivant pourront être choisis parmi ceux donnés pour le vaccin inactivé. On préférera les émulsions. A celles indiquées pour le vaccin inactivé, on peut rajouter celles décrites dans WO-A-9416681.

20 Comme stabilisateur de lyophilisation, on peut citer à titre d'exemple le SPGA (Bovarnik et al., J. Bacteriology 59, 509, 950), des hydrates de carbone tels que sorbitol, mannitol, amidon, saccharose, dextran ou glucose, des protéines telles que albumine ou caséine, des dérivés de ces composés, ou des tampons tels que de phosphates de métaux alcalins.

25 Les vaccins selon l'invention pourront comprendre un ou des principes actifs (antigènes) d'un ou de plusieurs (2 ou 3) des circovirus selon l'invention.

30 L'invention prévoit aussi d'associer la vaccination contre le circovirus porcine à une vaccination contre d'autres pathogènes du porc, en particulier ceux pouvant être associés au syndrome PMWS. Le vaccin selon l'invention pourra donc comprendre une autre valence correspondant à un autre pathogène du porc.

La déposante a en outre obtenu le génome de quatre des isolats, identifiés SEQ ID NO: 1 à 4 et éventuellement 6.

5 La présente invention a donc pour objet un fragment d'ADN contenant tout ou partie de l'une de ces séquences. Il va de soi que l'invention recouvre automatiquement les séquences équivalentes, c'est-à-dire les séquences ne changeant pas la fonctionnalité ni la spécificité de souche de la séquence décrite ni des polypeptides codés par cette séquence. Seront bien entendu incluses les séquences différant par dégénérescence du code.

10 L'invention recouvre également les séquences équivalentes en ce sens qu'elles sont capables de s'hybrider à la séquence supra dans des conditions de stringence élevées et/ou ont une forte homologie avec les souches de l'invention et appartiennent au groupe II défini plus haut.

15 Ces séquences et leurs fragments pourront avantageusement être utilisés pour l'expression in vitro ou in vivo de polypeptides à l'aide de vecteurs appropriés.

20 En particulier, des cadres ouverts de lecture utilisables à cet effet ont été identifiés sur la séquence génomique des circovirus de type II. L'invention concerne tout polypeptide contenant au moins un de ces cadres ouverts de lecture. De préférence, l'invention concerne une protéine formée essentiellement par les COL4, COL7, COL10 ou COL13.

25 Pour l'expression de sous-unités in vitro, comme moyen d'expression on aura de préférence recours à E. coli ou au baculovirus (US-A-4 745 051). On intègre la ou les séquences codantes ou leurs fragments dans le génome du baculovirus (e.g. le baculovirus Autographa californica Nuclear Polyhedrosis Virus AcNPV) et ce dernier est ensuite propagé sur cellules d'insectes, e.g. Spodoptera frugiperda Sf9 (dépôt ATCC CRL 1711). On peut encore produire les sous-unités dans des cellules eucaryotes telles que levures (e.g. Saccharomyces cerevisiae) ou cellules de mammifères (e.g. CHO, BHK).

30 L'invention a aussi pour objet les polypeptides qui seront produits in vitro par ces moyens d'expression, puis éventuellement purifiés selon les techniques classiques. Elle a aussi pour objet un vaccin de sous-unité comprenant au moins un polypeptide tel qu'ainsi obtenu, ou fragment, dans un véhicule ou diluant

acceptable sur le plan vétérinaire et éventuellement un adjuvant acceptable sur le plan vétérinaire.

5 Pour l'expression in vivo en vue de la réalisation de vaccins vivants recombinants, on insère la ou les séquences codantes ou leurs fragments dans un vecteur d'expression approprié dans des conditions permettant l'expression du ou des polypeptides. Comme vecteurs appropriés, on peut utiliser des virus vivants, de préférence capables de se multiplier chez le porc, non pathogènes pour le porc (naturellement non pathogène ou rendu tel), selon les techniques bien connues de l'homme du métier. On pourra notamment utiliser des herpèsvirus du porc tels que 10 le virus de la maladie d'Aujeszky, l'adénovirus porcin, des poxvirus, notamment virus de la vaccine, avipox, canarypox, swinepox. On peut aussi utiliser comme vecteurs des ADN plasmidiques (WO-A-90 11092, WO-A-93 19813, WO-A-94 21797, WO-A-95 20660).

15 L'invention a donc aussi pour objet les vecteurs et les vaccins vivants recombinants ou plasmidiques (vaccins polynucléotidiques ou ADN) ainsi réalisés, les vaccins comprenant en outre un véhicule ou diluant acceptable sur le plan vétérinaire.

20 La présente invention a aussi pour objet une méthode permettant d'induire une réponse immunitaire chez le porc vis-à-vis des circovirus selon l'invention. Elle a en particulier pour objet une méthode de vaccination efficace chez le porc.

Cette méthode prévoit l'administration au porc, en une ou plusieurs fois, d'un vaccin supra. Il est aussi possible de combiner plusieurs types de vaccins supra dans un même protocole de vaccination.

25 Cette méthode prévoit non seulement l'administration aux porcs adultes, mais aussi aux jeunes ou aux femelles gestantes. La vaccination de ces dernières permet de conférer une immunité passive aux nouveau-nés (anticorps maternels).

30 La présente invention offre aussi la possibilité de diagnostiquer la présence des circovirus selon l'invention chez le porc. Elle a donc pour objet des tests de diagnostic et méthodes y relatives mettant en oeuvre les réactifs qui vont être décrits ci-après.

La connaissance des séquences des différents circovirus permet de définir des séquences communes qui permettent de produire des réactifs aptes à

reconnaître l'ensemble des circovirus porcins connus.

L'homme du métier pourra aussi choisir des fragments des séquences correspondant à des régions présentant peu ou pas d'homologie avec la séquence correspondante du circovirus PK/15 afin de pouvoir effectuer un diagnostic spécifique.

5

Les alignements de séquences permettent à l'homme du métier de choisir un réactif conforme à ses souhaits.

Un premier réactif consiste dans les séquences d'ADN divulguées ici et leurs fragments, qui seront notamment utilisés comme sondes ou amorces dans des techniques d'hybridation ou de PCR ("Polymerase Chain Reaction") bien connues.

10

Un deuxième réactif consiste dans les polypeptides codés par ces séquences à partir du virus ou exprimés à l'aide d'un vecteur (voir supra), ou synthétisés par voie chimique selon les techniques classiques de synthèse peptidique.

15

Un troisième et quatrième réactifs consistent dans des anticorps respectivement polyclonaux et monoclonaux qui pourront être produits selon les techniques usuelles à partir du virus, des polypeptides ou fragments, extraits ou codés par les séquences d'ADN.

20

Ces deuxième, troisième et quatrième réactifs pourront être utilisés dans une méthode de diagnostic, objet de l'invention, dans laquelle l'on recherche, dans un échantillon de fluide physiologique (sang, plasma, sérum, etc.) ou prélèvement de tissu (ganglions, foie, poumons, reins, etc.) provenant d'un porc à tester, la présence d'un antigène spécifique d'un circovirus selon l'invention, en cherchant à détecter soit l'antigène lui-même, soit des anticorps dirigés contre cet antigène.

25

Les antigènes et anticorps selon l'invention pourront être utilisés dans toutes les techniques de diagnostic de laboratoire connues.

30

Toutefois, on préférera les mettre à profit dans des techniques pouvant être mises en œuvre directement sur le terrain par le vétérinaire, l'éleveur ou le propriétaire de l'animal. L'homme du métier dispose de l'ensemble des techniques de laboratoire et du terrain et est donc parfaitement en mesure de les adapter à l'utilisation de cet antigène et/ou des anticorps comme réactif(s) de diagnostic.

Les techniques de diagnostic qui seront préférentiellement utilisées dans

le cadre de la présente invention sont le Western Blot, l'immunofluorescence, l'ELISA et l'immunochromatographie.

En ce qui concerne la mise en œuvre de méthodes par immunochromatographie, le spécialiste pourra se reporter notamment à Robert F. Zurk et al., Clin. Chem. 31/7, 1144-1150 (1985) ainsi qu'aux brevets ou demandes de brevet WO-A-88/08 534, WO-A-91/12528, EP-A-291 176, EP-A-299 428, EP-A-291 194, EP-A-284 232, US-A-5 120 643, US-A-5 030 558, US-A-5 266 497, US-A-4 740 468, US-A-5 266 497, US-A-4 855 240, US-A-5 451 504, US-A-5 141 850, US-A-5 232 835 et US-A-5 238 652.

10 Ainsi, l'on cherche de préférence à détecter les anticorps spécifiques dans l'échantillon par test indirect, par compétition ou par déplacement. Pour ce faire, on utilise l'antigène lui-même comme réactif de diagnostic, ou un fragment de cet antigène, conservant la reconnaissance des anticorps. Le marquage peut
15 avantageusement être un marquage à la peroxydase ou un marquage particulière, de préférence à l'or colloïdal.

On peut aussi chercher à détecter l'antigène lui-même dans l'échantillon à l'aide d'un anticorps marqué spécifique de cet antigène. Le marquage est avantageusement comme décrit ci-dessus.

20 Par anticorps spécifique de l'antigène utilisable notamment en compétition ou déplacement ou pour la détection de l'antigène lui-même, on entend anticorps monoclonaux et polyclonaux spécifiques de l'antigène, fragments de ces anticorps, de préférence fragments Fab ou F(ab)'₂.

25 Un autre aspect de l'invention est la production d'anticorps, polyclonaux ou monoclonaux, spécifiques de l'antigène conforme à l'invention, ces anticorps pouvant être ensuite utilisés notamment comme réactifs de diagnostic pour la détection de l'antigène dans un échantillon de fluide physiologique ou dans un prélèvement de tissu, ou même pour la détection d'anticorps présents dans un tel échantillon ou prélèvement. L'invention inclut aussi les fragments immunologiquement fonctionnels de ces anticorps, en particulier les fragments
30 F(ab) et F(ab)'₂.

Des anticorps pourront être préparés par les techniques usuelles. On peut notamment se référer à Antibodies, A Laboratory Manual, 1988, Cold Spring

Harbor Laboratory, USA où à J.W. Goding, Monoclonal Antibodies : Principles and Praticce, Academic Press Inc., dont les contenus sont incorporés ici par référence.

5 On pourra notamment procéder, comme cela est connu en soi, à la fusion de cellules spléniques de souris immunisées par l'antigène ou par au moins l'un de ses fragments, avec des cellules myélomateuses adéquates.

L'invention a également pour objet une préparation, de préférence pure ou partiellement purifiée, ou même brute d'anticorps monoclonaux ou polyclonaux spécifiques de l'antigène, notamment anticorps de souris ou de lapin.

10 La présente invention permet également de déterminer des épitopes d'intérêt notamment sur la base des séquences d'ADN décrites ici, que ce soient des épitopes d'intérêt vaccinal ou des épitopes d'intérêt en diagnostic. A partir de la séquence d'ADN du génome du circovirus selon l'invention, l'homme du métier est à même de déterminer des épitopes selon les méthodes connues par exemple programme informatique approprié ou PEPSCAN. Les épitopes sont des
15 régions immunodominantes de protéines et sont à ce titre des régions exposées à la surface des protéines. Ils peuvent être donc reconnus par des anticorps et ainsi être particulièrement employés dans le domaine du diagnostic soit pour la préparation d'anticorps à des fins de diagnostic soit pour la réalisation de peptides correspondants utilisables à titre de réactifs de diagnostic.

20 Au minimum, un épitope est un peptide ayant de 8 à 9 acides aminés. On préférera en général un minimum de 13 à 25 acides aminés.

L'homme du métier est donc en mesure, en utilisant l'une ou plusieurs de ces techniques ainsi que les autres techniques disponibles, de trouver des épitopes pour la mise en oeuvre de peptides ou d'anticorps à des fins de diagnostic.

25 L'invention a également pour objet un kit de diagnostic comportant cet antigène et/ou des anticorps polyclonaux ou monoclonaux spécifiques de cet antigène. Il s'agit en particulier de kits de diagnostic correspondants aux techniques de diagnostic décrites plus haut.

30 L'invention va être maintenant décrite plus en détail à l'aide d'exemples de réalisation non limitatifs, pris en référence au dessin, dans lequel :

Figure 1 : séquence d'ADN du génome de la souche Imp 1011-48121

Figure 2 : séquence d'ADN du génome de la souche Imp 1011-48285

Figure 3 : séquence d'ADN du génome de la souche Imp 999

Figure 4 : séquence d'ADN du génome de la souche Imp 1010

Figure 5 : alignement des 4 séquences selon les figures 1 à 4 avec la séquence de la souche PCV PK/15

5 **Figure 6** : séquence d'ADN du génome de la souche Imp 999 telle que définie dans le premier dépôt en France du 3 octobre 1997

Figure 7 : Alignements de la séquence de la figure 6 avec la séquence de la souche PK/15

10 Liste des séquences SEQ ID

SEQ ID NO: 1 séquence d'ADN du génome de la souche Imp 1011-48121

SEQ ID NO: 2 séquence d'ADN du génome de la souche Imp 1011-48285

SEQ ID NO: 3 séquence d'ADN du génome de la souche Imp 999

SEQ ID NO: 4 séquence d'ADN du génome de la souche Imp 1010

15 **SEQ ID NO: 5** séquence d'ADN du génome de la souche PK/15

SEQ ID NO : 6 séquence d'ADN du génome de la souche Imp 999 telle que définie dans le premier dépôt en France du 3 octobre 1997.

EXEMPLES

20 **Exemple 1 : Culture et isolement des souches de circovirus porcins:**

Des échantillons de tissus ont été récoltés en France, au Canada et aux USA à partir de poumons et de ganglions lymphatiques de porcelets. Ces porcelets présentaient des signes cliniques typiques du syndrome de dépérissement généralisé de post-sevrage. Pour faciliter l'isolement des virus, les échantillons de

25 tissus ont été congelés à -70°C immédiatement après autopsie.

Pour l'isolement viral, des suspensions contenant environ 15% d'échantillon de tissu ont été préparées dans un milieu minimum contenant des sels d'Earl (EMEM, BioWhittaker UK Ltd., Wokingham, UK), de la pénicilline (100 UI/ml) et de la streptomycine (100 µg/ml)(milieu MEM-SA), par broyage des tissus avec du

30 sable stérile au moyen d'un mortier et d'un pilon stériles. Cette préparation broyée a été alors reprise dans du MEM-SA, puis centrifugée à 3000 g pendant 30 minutes à + 4°C pour récolter le surnageant.

Préalablement à l'ensemencement des cultures de cellules, un volume de 100 μ l de chloroforme a été ajouté à 2 ml de chaque surnageant et mélangé en continu pendant 10 minutes à température ambiante. Ce mélange a alors été transféré dans un tube de microcentrifugeuse, centrifugé à 3000 g pendant 10 minutes, puis le surnageant a été récolté. Ce surnageant a été ensuite utilisé comme inoculum pour les expériences d'isolement viral.

Toutes les études d'isolement viral ont été réalisées sur des cultures de cellules PK/15, connues pour être non contaminées par le circovirus porcine (PCV), les pestivirus, les adénovirus porcins et le parvovirus porcine (Allan G. *et al.* Pathogenesis of porcine circovirus experimental infections of colostrum-deprived piglets and examination of pig foetal material. *Vet. Microbiol.* 1995. **44**. 49-64).

L'isolement des circovirus porcins a été réalisé selon la technique suivante:

Des monocouches de cellules PK/15 ont été dissociées par trypsination (avec un mélange trypsine-versène) à partir de cultures confluentes, et reprises en milieu MEM-SA contenant 15% de sérum foetal de veau non contaminé par du pestivirus (= milieu MEM-G) sous une concentration finale d'environ 400,000 cellules par ml. Des fractions aliquotes de 10 ml de cette suspension cellulaire ont alors été mélangées avec des fractions aliquotes de 2 ml des inoculums décrits ci-dessus, et les mélanges finaux ont été aliquotés en volumes de 6 ml dans deux flacons Falcon de 25 cm². Ces cultures ont alors été incubées à +37°C pendant 18 heures en atmosphère contenant 10% de CO₂.

Après incubation, le milieu de culture des monocouches semi-confluentes a été traité avec 300 mM de D-glucosamine (Cat # G48175, Sigma-Aldrich Company Limited, Poole, UK) (Tischr I. *et al.*, *Arch. Virol.* 1987 **96** 39-57), puis l'incubation a été poursuivie pendant une période supplémentaire de 48-72 heures à +37°C. A la suite de cette dernière incubation, l'un des deux Falcons de chaque inoculum a subi 3 cycles successifs de congélation/décongélation. Les cellules PK/15 du Falcon restant ont été traitées avec une solution de trypsine-versène, resuspendues dans 20 ml de milieu MEM-G, puis ensemencées dans des Falcons de 75 cm² à une concentration de 400,000 cellules/ml. Les flacons fraîchement ensemencés ont alors été "surinfectés" par addition de 5 ml du lysat correspondant obtenu après les cycles de congélation/décongélation.

Exemple 2 : Préparation des échantillons de culture cellulaire pour détection des circovirus porcins par immunofluorescence ou par hybridation *in situ*.

Un volume de 5 ml de la suspension "surinfectée" a été prélevé et ensemencé dans une boîte de Petri de 55 mm de diamètre contenant une lamelle de verre stérile et dégraissée. Les cultures en flacons et sur lamelles de verre ont été incubées à + 37°C et traitées à la glucosamine comme décrit dans l'exemple 1. Les cultures sur lamelles de verre ont été récoltées de 24 à 48 heures après le traitement à la glucosamine et fixées, soit avec de l'acétone pendant 10 minutes à température ambiante, soit avec 10% de formaldéhyde tamponné pendant 4 heures. Suite à cette fixation, toutes les lamelles de verre ont été stockées à -70°C, sur gel de silice, avant leur utilisation pour les études d'hybridation *in situ* et les études de marquage immunocytochimique.

Exemple 3 : Techniques de détection de séquences PCV par hybridation *in situ*

L'hybridation *in situ* a été réalisée sur les tissus prélevés sur les porcs malades et fixés au formaldéhyde et également sur les préparations de cultures de cellules inoculées pour l'isolement viral (voir exemple 2) et fixées sur lamelles de verre.

Des sondes génomiques complètes correspondant aux circovirus porcins PK/15 (PCV) et au virus de l'anémie infectieuse du poulet (chicken anemia virus = CAV) ont été utilisées. Le plasmide pPCV1, contenant la forme répliquative du génome PCV clonée sous la forme d'un insert unique de 1,7 kilobases (kpb) (Meehan B. *et al.* Sequence of porcine circovirus DNA: affinities with plant circoviruses. J. Gen. Virol. 1997. 78. 221-227) a été utilisé comme source d'ADN viral spécifique pour PCV. Un plasmide analogue, pCAA1, contenant la forme répliquative 2,3 kpb du circovirus aviaire CAV a été utilisé comme contrôle négatif. Les stocks de glycérols respectifs de ces deux plasmides ont été utilisés pour la production et la purification des plasmides selon la technique de lyse alcaline (Sambrook J. *et al.* Molecular cloning : A Laboratory Manual. 2nd Edition. Cold Spring Harbor Laboratory. Cold Spring Harbor. New York. 1989) afin qu'ils servent ensuite de matrices pour la préparation des sondes. Les sondes circovirus représentatives des génomes complets du PCV et de CAV ont été produites à

partir des plasmides purifiés décrits ci-dessus (1 μ g pour chaque sonde) et d'amorces hexanucléotidiques au hasard en utilisant un kit commercial de marquage non radioactif ("DIG DNA labelling kit", Boehringer Mannheim, Lewes, UK) selon les recommandations du fournisseur.

5 Les sondes marquées à la digoxigénine ont été reprises sous un volume de 50-100 μ l d'eau stérile avant leur utilisation pour l'hybridation *in situ*.

Les échantillons de tissus de porcs malades, inclus dans la paraffine et fixés au formaldéhyde, ainsi que les préparations de cultures de cellules infectées, fixées au formaldéhyde, ont été préparées pour la détection des acides nucléiques PCV selon la technique suivante :

10

Des sections de 5 μ m d'épaisseur ont été découpées à partir des blocs de tissus inclus dans la paraffine, déparaffinés, puis réhydratés dans des solutions successives d'alcool à concentration décroissante. Les sections de tissus et les cultures de cellules fixées au formaldéhyde ont été incubées respectivement pendant 15 minutes et 5 minutes à +37°C dans une solution de protéinase K à 0,5% en tampon Tris-HCl 0,05M, EDTA 5 mM (pH 7,6). Les lames ont été alors placées dans une solution de glycine à 1% en eau distillée autoclavée, pendant 30 secondes, lavées deux fois avec un tampon PBS (phosphate buffer saline) 0,01 M (pH 7,2), et enfin lavées pendant 5 minutes en eau distillée stérile. Elles ont été finalement séchées à l'air libre et mises en contact avec les sondes.

15

20

Chaque préparation tissu/sonde a été recouverte avec une lamelle propre et dégraissée, puis placée dans un four à +90°C pendant 10 minutes, mise ensuite en contact avec un bloc de glace pendant 1 minute, et enfin incubée pendant 18 heures à +37°C. Les préparations ont été ensuite immergées brièvement dans un tampon sel de sodium-citrate (SSC) 2X (pH 7,0) pour éliminer les lamelles protectrices, puis lavées 2 fois pendant 5 minutes en tampon SSC 2X et enfin lavées 2 fois pendant 5 minutes en tampon PBS.

25

30

Après ces lavages, les préparations ont été immergées dans une solution d'acide maléique 0,1 M, NaCl 0,15 M (pH 7,5) (tampon maléique) pendant 10 minutes, puis incubées dans une solution de 1% de réactif bloquant (Cat # 1096176, Boehringer Mannheim UK, Lewis, East Sussex, UK) en tampon maléique pendant 20 minutes à +37°C.

Les préparations ont alors été incubées avec une solution au 1/250 d'un anticorps monoclonal anti-digoxigénine (Boehringer Mannheim), dilué en tampon bloquant, pendant 1 heure à +37°C, lavées en PBS et enfin incubées avec un anticorps biotynilé anti-immunoglobuline de souris pendant 30 minutes à +37°C.

5 Les préparations ont été lavées en PBS et l'activité peroxydase endogène a été bloquée par un traitement avec une solution de peroxyde d'hydrogène à 0,5% en PBS pendant 20 minutes à température ambiante. Les préparations ont été lavées une nouvelle fois en PBS et traitées avec un substrat 3-amino-9-diéthylcarbazole (AEC) (Cambridge Bioscience, Cambridge, UK) préparé extemporanément.

10 Après un dernier lavage à l'eau de ville, les préparations ont été contre-colorées avec de l'hématoxyline, "bleuies" sous eau de ville, et montées sous lamelles microscopiques avec un liquide de montage (GVA Mount, Cambridge Bioscience, Cambridge, UK). Les contrôles d'expérience ont inclus l'utilisation d'une sonde négative non pertinente (CAV) et d'une sonde positive (PCV) sur des
15 échantillons provenant de porcs malades et de porcs non malades.

Exemple 4 : Technique de détection du PCV par immunofluorescence

Le criblage initial de toutes les préparations de culture cellulaire fixées à l'acétone a été réalisé par une technique d'immunofluorescence indirecte (IFI)
20 utilisant une dilution au 1/100 d'un pool de sérums de porcs adultes. Ce pool de sérums comprend des sérums de 25 truies adultes d'Irlande du Nord et est connu pour contenir des anticorps contre une grande variété de virus porcins, y compris PCV : parvovirus porcin, adénovirus porcin, et virus PRRS. La technique IFI a été
25 réalisée par un contact du sérum (dilué en PBS) avec les cultures cellulaires pendant une heure à +37°C, suivi de deux lavages en PBS. Les cultures de cellules sont alors colorées avec une dilution au 1/80 en PBS d'un anticorps de lapin anti-immunoglobuline de porc conjugué à de l'isothiocyanate de fluorescéine pendant une heure, puis lavées en PBS et montées en tampon glycérol préalablement à l'observation microscopique sous éclairage ultra-violet.

30

Exemple 5 : Résultats de l'hybridation *in situ* sur les tissus de porcs malades

L'hybridation *in situ*, utilisant une sonde génomique PCV, réalisée sur des

tissus prélevés sur des porcelets français, canadiens et californiens présentant des lésions de dépérissement généralisé et fixés au formaldéhyde, a révélé la présence d'acides nucléiques PCV associés aux lésions, dans plusieurs des lésions étudiées. Aucun signal n'a été observé lorsque la sonde génomique PCV a été utilisée sur des tissus prélevés sur des porcs non malades ou lorsque la sonde CAV a été utilisée sur les tissus de porcs malades. La présence d'acide nucléique PCV a été identifiée dans le cytoplasme et le noyau de nombreuses cellules mononucléaires infiltrant les lésions dans les poumons des porcelets californiens. La présence d'acide nucléique PCV a également été mise en évidence dans les pneumocytes, les cellules épithéliales bronchiques et bronchiolaires, et dans les cellules endothéliales des petites artéroles, veinules et vaisseaux lymphatiques.

Chez les porcs malades français, la présence d'acide nucléique PCV a été détectée dans le cytoplasme de nombreux lymphocytes folliculaires et dans les cellules mononucléaires intrasinusoïdales des ganglions lymphatiques. L'acide nucléique PCV a également été détecté dans des syncytia occasionnels. En fonction de ces résultats de détection, des échantillons de poumons de porcs californiens, de ganglions lymphatiques mésentériques de porcs français, et d'organes de porcs canadiens ont été choisis aux fins d'isolement des nouvelles souches de circovirus porcin.

Exemple 6 : Résultats de la culture cellulaire des nouvelles souches de circovirus porcin et détection par immunofluorescence

Aucun effet cytopathique (ECP) n'a été observé dans les cultures de cellules inoculées avec les échantillons prélevés sur les porcelets français (souche Imp.1008), californiens (souche Imp.999) et canadiens (souche Imp.1010) montrant des signes cliniques du syndrome du dépérissement généralisé. Cependant, l'immuno-marquage des préparations provenant des cultures de cellules inoculées, après fixation à l'acétone et avec un pool de sérums polyclonaux de porcs, a révélé une fluorescence nucléaire chez de nombreuses cellules dans les cultures inoculées à partir des poumons de porcelets californiens (souche Imp.999), à partir des ganglions lymphatiques médiastinaux des porcelets français (souche Imp.1008), et à partir d'organes des porcelets canadiens (souche

Imp.1010).

Exemple 7 : Extraction de l'ADN génomique des circovirus porcins

5 Les formes répliquatives des nouvelles souches de circovirus porcine (PCV) ont été préparées à partir de cultures de cellules PK/15 infectées (voir exemple 1) (10 Falcons de 75 cm²) récoltées après 72-76 heures d'incubation et traitées à la glucosamine, comme décrit pour le clonage de la forme répliquative du CAV (Todd. D. *et al.* Dot blot hybridization assay for chicken anemia agent using a cloned DNA probe. J. Clin. Microbiol. 1991. **29**. 933-939). L'ADN double brin de ces formes

10 répliquatives a été extrait selon une modification de la technique de Hirt (Hirt B. Selective extraction of polyoma virus DNA from infected cell cultures. J. Mol. Biol. 1967. **36**. 365-369), comme décrit par Molitor (Molitor T.W. *et al.* Porcine parvovirus DNA: characterization of the genomic and replicative form DNA of two virus isolates. Virology. 1984. **137**. 241-254).

15

Exemple 8 : Carte de restriction de la forme répliquative du génome de la souche Imp.999 de circovirus porcine.

L'ADN (1-5 µg) extrait selon la technique de Hirt a été traité par la nucléase S1 (Amersham) selon les recommandations du fournisseur, puis cet ADN a été

20 digéré par différentes enzymes de restriction (Boehringer Mannheim, Lewis, East Sussex, UK) et les produits de la digestion ont été séparés par électrophorèse sur gel d'agarose à 1,5% en présence de bromure d'éthidium comme décrit par Todd *et al.* (Purification and biochemical characterization of chicken anemia agent. J. Gen. Virol. 1990. **71**. 819-823).

25

L'ADN extrait des cultures de la souche Imp.999 possède un site unique EcoRI, 2 sites SmaI et ne possède pas de site PstI. Ce profil de restriction est donc différent du profil de restriction présenté par la souche PCV PK/15 (Meehan B. *et al.* Sequence of porcine circovirus DNA: affinities with plant circoviruses. 1997. **78**. 221-227) qui possède au contraire un site PstI et ne possède pas de site

30 EcoRI.

Exemple 9 : Clonage du génome de la souche Imp.999 de circovirus porcine

Le fragment de restriction d'environ 1,8 kpb généré par digestion de la forme répliquative double brin de la souche PCV Imp.999 avec l'enzyme de restriction EcoRI a été isolé après électrophorèse sur gel d'agarose à 1,5% (voir exemple 3) en utilisant un kit commercial Qiagen (QIAEXII Gel Extraction Kit, Cat # 20021, QIAGEN Ltd., Crawley, West Sussex, UK). Ce fragment de restriction EcoRI-EcoRI a été ensuite ligaturé avec le vecteur pGEM-7 (Promega, Medical Supply Company, Dublin, Ireland), préalablement digéré par les mêmes enzymes de restriction et déphosphorylé, en suivant les techniques standards de clonage (Sambrook J. *et al.* Molecular cloning : A Laboratory Manual. 2nd Edition. Cold Spring Harbor Laboratory. Cold Spring Harbor. New York. 1989). Les plasmides obtenus ont été transformés dans une souche hôte *Escherichia coli* JM109 (Stratagene, La Jolla, USA) selon les techniques standards. Le fragment de restriction EcoRI-EcoRI de la souche PCV Imp.999 a également été cloné dans le site EcoRI du vecteur pBlueScript SK+ (Stratagene Inc. La Jolla, USA). Parmi les clones obtenus pour chaque souche hôte, au moins 2 clones contenant les fragments de la taille attendue ont été sélectionnés. Les clones obtenus ont alors été cultivés et les plasmides contenant le génome complet de la souche Imp.999 ont été purifiés en petit volume (2 ml) ou en grand volume (250 ml) selon les techniques standards de préparation et de purification des plasmides.

20

Exemple 10 : Séquençage de l'ADN génomique (forme répliquative double brin) de la souche PCV Imp.999.

La séquence nucléotidique de 2 clones EcoRI Imp.999 (clones pGEM-7/2 et pGEM-7/8) a été déterminée selon la technique des didéoxynucléotides de Sanger en utilisant le kit de séquençage "AmpliTaq DNA polymerase FS" (Cat # 402079 PE Applied Biosystems, Warrington, UK) et un appareil de séquençage automatique Applied BioSystems ABI373A selon les recommandations du fournisseur. Les réactions de séquences initiales ont été faites avec les primers universels M13 "forward" et "reverse". Les réactions de séquences suivantes ont été générées selon la technique de "marche sur l'ADN". Les oligonucléotides nécessaires à ces séquençages ultérieurs ont été synthétisés par Life Technologies (Inchinnan Business Park, Paisley, UK).

30

Les séquences générées ont été assemblées et analysées au moyen du logiciel MacDNASIS version 3.2. (Cat # 22020101, Appligene, Durham, UK). Les différents cadres ouverts de lecture ont été analysés au moyen de l'algorithme BLAST disponible sur le serveur du "National Center for Biotechnology Information (NCBI, Bethesda, MD, USA).

5

La séquence complète (fragment EcoRI-EcoRI) obtenue initialement à partir du clone pGEM-7/8 (SEQ ID NO : 6) est présentée sur la figure N°6. Elle débute arbitrairement après le G du site EcoRI et présente quelques incertitudes sur le plan des nucléotidiques.

10

Le séquençage a ensuite été optimisé et la SEQ ID NO : 3 (Figure 3) donne la séquence totale de cette souche, que l'on a fait débuté arbitrairement au début du site EcoRI, soit le G comme premier nucléotide.

On a procédé d'une manière similaire pour l'obtention de la séquence des trois autres isolats selon l'invention (voir SEQ ID NO : 1, 2 et 4 et figures 1, 2 et 4).

15

La taille du génome de ces quatre souches est :

Imp 1011-48121	1767 nucléotides
Imp 1011-48285	1767 nucléotides
Imp 999	1768 nucléotides
Imp 1010	1768 nucléotides

20

Exemple 11 : Analyse de la séquence de la souche PCV Imp.999.

Lorsque la séquence générée à partir de la souche Imp.999 a été utilisée pour une recherche d'homologie vis-à-vis des séquences contenues dans la banque de données GenBank, la seule homologie significative qui ait été détectée est une homologie d'environ 76 % (au niveau acide nucléique) avec la séquence de la souche PK/15 (Numéros d'accès Y09921 et U49186) (voir figure N°5).

25

Au niveau acides aminés, la recherche d'homologie de la traduction des séquences dans les 6 phases avec les banques de données (algorithme BLAST X sur le serveur NCBI) a permis de mettre en évidence une homologie de 94 % avec le cadre ouvert de lecture correspondant à la réplicase théorique du virus BBTV similaire aux circovirus de plantes (numéro d'identification GenBank 1841515)

30

codée par la séquence GenBank U49186.

Aucune autre séquence contenue dans les banques de données ne montre d'homologie significative avec la séquence générée à partir de la souche PCV Imp.999.

5 L'analyse des séquences obtenues à partir de la souche Imp.999 cultivée à partir de lésions prélevées sur des porcelets californiens présentant des signes cliniques du syndrome de dépérissement généralisé montre clairement que cet isolat viral est une nouvelle souche de circovirus porcin.

10 Exemple 12 : Analyse comparative des séquences

L'alignement des séquences nucléotidiques des 4 nouvelles souches PCV a été fait avec la séquence de la souche PCV PK/15 (figure 5). Une matrice d'homologie prenant en compte les quatre nouvelles souches et la souche antérieure PK/15 a été réalisée. Les résultats sont les suivants :

15 1 : Imp 1011-48121
2 : Imp 1011-48285
3 : Imp 999
4 : Imp 1010
5 : PK/15

20

	1	2	3	4	5
1	1,0000	0,9977	0,9615	0,9621	0,7600
2		1,0000	0,9621	0,9632	0,7594
3			1,0000	0,9949	0,7560
4				1,0000	0,7566
5					1,0000

25

L'homologie entre les deux souches françaises Imp 1011-48121 et Imp 1011-48285 est supérieure à 99 % (0,9977).

30

L'homologie entre les deux souches nord-américaines Imp 999 et Imp 1010 est aussi supérieure à 99 % (0,9949). L'homologie entre souches françaises et souches nord-américaines est un peu supérieure à 96 %.

L'homologie de toutes ces souches avec PK/15 tombe à une valeur comprise entre 75 et 76 %.

5 On en déduit que les souches selon l'invention sont représentatives d'un nouveau type de circovirus porcin, distinct du type représenté par la souche PK/15. Ce nouveau type, isolé de porcs présentant le syndrome PMWS, est dénommé circovirus porcin de type II, la PK/15 représentant le type I. Les souches appartenant à ce type II présentent une remarquable homogénéité de séquence nucléotidique, alors même qu'elles ont été isolées dans des régions géographiques très éloignées.

10

Exemple 13 : Analyse des protéines codées par le génome des nouvelles souches PCV.

15

La séquence nucléotidique de l'isolat Imp. 1010 a été considérée comme représentative des autres souches de circovirus associées au syndrome de dépérissement généralisé. Cette séquence a été analysée plus en détail à l'aide de l'algorithme BLASTX (Altschul *et al.* J. Mol. Biol. 1990. 215. 403-410) et d'une combinaison de programmes de l'ensemble de logiciels MacVector 6.0 (Oxford Molecular Group, Oxford OX4 4GA, UK). Il a été possible de détecter 13 cadres ouverts de lecture (ou COLs) d'une taille supérieure à 20 acides aminés sur cette

20

25

30

Nom	Début	Fin	Brin	Taille du COL (nucléotides (nt))	Taille protéine (acides aminés (aa))
COL1	103	210	sens	108 nt	35 aa
COL2	1180	1314	sens	138 nt	45 aa
COL3	1363	1523	sens	162 nt	53 aa
COL4	398	1342	sens	945 nt	314 aa
COL5	900	1079	sens	180 nt	59 aa
COL6	1254	1334	sens	81 nt	26 aa
COL7	1018	704	antisens	315 nt	104 aa
COL8	439	311	antisens	129 nt	42 aa
COL9	190	101	antisens	90 nt	29 aa
COL10	912	733	antisens	180 nt	59 aa
COL11	645	565	antisens	81 nt	26 aa
COL12	1100	1035	antisens	66 nt	21 aa
COL13	314	1381	antisens	702 nt	213 aa

Les positions de début et de fin de chaque COL se réfèrent à la séquence présentée sur la figure N° 4 (SEQ ID N° 4). Parmi ces 13 COLs, 4 présentent une homologie significative avec des COLs analogues situés sur le génome du virus cloné PCV PK-15. Chacun des cadres ouverts de lecture présents sur le génome de tous les isolats de circovirus associés au syndrome de dépérissement généralisé a été analysé. Ces 4 COLs sont les suivants :

Nom	Début	Fin	Brin	Taille du COL (nt)	Taille protéine (acides aminés)	Masse moléculaire
COL4	398	1342	sens	945 nt	314 aa	37,7 kDa
COL7	1018	704	antisens	315 nt	104 aa	11,8 kDa
COL10	912	733	antisens	180 nt	59 aa	6,5 kDa
COL13	314	1381	antisens	702 nt	233 aa	27,8 kDa

Les positions de début et de fin de chaque COL se réfèrent à la séquence présentée sur la figure N° 4 (SEQ ID N° 4). La taille du COL (en nucléotides = nt) inclut le codon stop.

La comparaison entre l'organisation génomique des isolats PCV Imp. 1010 et PCV PK-15 a permis l'identification de 4 COLs conservés dans le génome des deux virus. Le tableau ci-dessous présente les degrés d'homologie observés:

	COL Imp.1010/COL PCV PK-15	Pourcentage d'homologie
5	COL4/COL1	86 %
	COL13/COL2	66,4 %
	COL7/COL3	61,5 % (au niveau du recouvrement (104 aa))
	COL10/COL4	83 % (au niveau du recouvrement (59 aa))

10 La plus grande identité de séquence a été observée entre le COL4 Imp. 1010 et le COL1 PK-15 (86% d'homologie). Ceci était attendu dans la mesure où cette protéine est probablement impliquée dans la réplication de l'ADN viral et est essentielle pour la réplication virale (Meehan *et al.* J. Gen. Virol.1997. **78**. 221-227; Mankertz *et al.* J. Gen. Virol. 1998. **79**. 381-384).

15 L'identité de séquence entre le COL13 Imp. 1010 et le COL2 PK-15 est moins forte (66,4% d'homologie), mais chacun de ces deux COLs présente bien une région basique N-terminale très conservée, qui est identique à la région N-terminale de la protéine structurale majeure du circovirus aviaire CAV (Meehan *et al.* Arch. Virol. 1992. **124**. 301-319). De plus grandes différences sont observées entre
 20 COL7 Imp. 1010 et COL3 PK-15 et entre COL10 Imp. 1010 et COL4 PK-15. Dans chaque cas, il existe une délétion de la région C-terminale des COL7 et COL10 de l'isolat Imp. 1010 lorsqu'on les compare aux COL3 et COL4 de PCV PK-15. La plus haute homologie de séquence est observée au niveau des régions N-terminales de COL7/COL3 (61,5% d'homologie au niveau du recouvrement) et de
 25 COL10/COL4 (83% d'homologie au niveau du recouvrement).

Il apparaît que l'organisation génomique du circovirus porcin est assez complexe suite à l'extrême compacité de son génome. La protéine structurale majeure est probablement issue d'un épissage entre plusieurs cadres de lecture situés sur le même brin du génome du circovirus porcin. On peut donc considérer que tout
 30 cadre ouvert de lecture (COL1 à COL13) tel que décrit dans le tableau ci-dessus,

peut représenter tout ou partie d'une protéine antigénique codée par le circovirus porcin de type II et est donc potentiellement un antigène utilisable pour le diagnostic spécifique et/ou pour la vaccination. L'invention concerne donc toute protéine comprenant au moins un de ces COLs. De préférence, l'invention

5 concerne une protéine formée essentiellement par les COL4, COL7, COL10 ou COL13.

Exemple 14 : Caractère infectieux du génome PCV cloné à partir des nouvelles souches.

10 Le plasmide pGEM-7/8 contenant le génome complet (forme répliquative) de l'isolat Imp.999 a été transfecté dans des cellules PK/15 selon la technique décrite par Meehan B. *et al.* (Characterization of viral DNAs from cells infected with chicken anemia agent : sequence analysis of the cloned replicative form and transfection capabilities of cloned genome fragments. Arch. Virol. 1992. 124.

15 301-319). L'analyse par immunofluorescence (voir exemple 4) réalisée sur le premier passage après transfection sur cellules PK/15 non contaminées a montré que le plasmide du clone pGEM7/8 était capable d'induire la production de virus PCV infectieux. La disponibilité d'un clone contenant un matériel génétique PCV infectieux permet toute manipulation utile sur le génome viral afin de produire des

20 virus PCV modifiés (soit atténués chez le porc, soit défectifs) utilisables pour la production de vaccins atténués ou recombinés, ou pour la production d'antigènes pour des trousse de diagnostic.

Exemple 15 : Production des antigènes PCV par culture *in vitro*

25 La culture des cellules PK/15 non contaminées et la multiplication virale sont réalisées selon les mêmes modalités qu'à l'exemple 1. Les cellules infectées sont récoltées après trypsination après 4 jours d'incubation à 37 °C et numérotées. Le passage suivant est inoculé avec 400 000 cellules infectées par ml.

30 **Exemple 16 : Inactivation des antigènes viraux**

En fin de culture virale, les cellules infectées sont récoltées et lysées par ultrasons (Branson Sonifier) ou à l'aide d'un broyeur colloïdal de type rotor-stator

(UltraTurrax, IKA). La suspension est ensuite centrifugée à 3700 g pendant 30 minutes. La suspension virale est inactivée par 0,1 % d'éthylène imine pendant 18 heures à +37°C ou par 0,5 % de bêta-propiolactone pendant 24 heures à +28°C. Si le titre du virus avant inactivation est insuffisant, la suspension virale est concentrée par ultrafiltration en utilisant une membrane avec un seuil de coupure de 300 kDa (Millipore PTMK300). La suspension virale inactivée est conservée à +5°C.

Exemple 17 : Préparation du vaccin sous forme d'émulsion à base d'huile minérale.

10 Le vaccin est préparé selon la formule suivante :

- suspension de circovirus porcin inactivé : 250 ml
- Montanide® ISA 70 (SEPPIC): 750 ml

La phase aqueuse et la phase huileuse sont stérilisées séparément par filtration. L'émulsion est préparée par mélange et homogénéisation des ingrédients à l'aide d'un émulseur à turbine Silverson.

15 Une dose de vaccin contient environ $10^{7,5}$ DICT50. Le volume d'une dose de vaccin est de 0,5 ml pour administration par voie intradermique, et de 2 ml pour administration par voie intramusculaire.

20 Exemple 18 : Préparation du vaccin sous forme d'émulsion à base d'huile métabolisable.

Le vaccin est préparé selon la formule suivante :

- suspension de circovirus porcin inactivé : 200 ml
- Dehymuls HRE 7 (Henkel) : 60 ml
- 25 - Radia 7204 (Oleofina) : 740 ml

La phase aqueuse et la phase huileuse sont stérilisées séparément par filtration. L'émulsion est préparée par mélange et homogénéisation des ingrédients à l'aide d'un émulseur à turbine Silverson.

30 Une dose de vaccin contient environ $10^{7,5}$ DICT50. Le volume d'une dose de vaccin est de 2 ml pour administration par voie intramusculaire.

Exemple 19 : Résultats d'immunofluorescence indirecte vis-à-vis des souches de virus PCV US et française et du contaminant PK/15 avec un sérum hyperimmun (PCV-T), un panel d'anticorps monoclonaux F99, préparés à partir de PK/15 et un sérum hyperimmun préparé à partir de la souche canadienne (PCV-C)

5

VIRUS			
	PK/15	USA	France
PCV-T antiserum	≥ 6 400	200	800
PCV-C antiserum	200	≥ 6,400	≥ 6,400
F99 1H4	≥ 10 000	<100	100
F99 4B10	≥10 000	<100	<100
F99 2B7	≥ 10 000	100	<100
F99 2E12	≥ 10 000	<100	<100
F99 1C9	≥ 10 000	<100	100
F99 2E1	≥ 10 000	<100	<100
F99 1H4	≥ 10 000	100	<100

10

15

* inverse de la dernière dilution du sérum ou de l'anticorps monoclonal qui donne une réaction positive en immunofluorescence indirecte.

20

REVENDEICATIONS

5 1. Polypeptide comprenant au moins un COL du circovirus porcin de type II, choisi parmi le groupe des COLs 1 à 13.

 2. Polypeptide selon la revendication 1, caractérisé en ce qu'il est choisi parmi les COLs 4, 7, 10 et 13.

10 3. Vaccin de sous-unité, comprenant au moins un polypeptide selon la revendication 1 ou 2, dans un diluant ou véhicule acceptable sur le plan vétérinaire, et éventuellement un adjuvant acceptable sur le plan vétérinaire.

15 4. Vecteur d'expression in vivo comprenant, intégré dans son génome, un fragment d'ADN exprimant in vivo un polypeptide selon la revendication 1 ou 2.

 5. Vecteur d'expression selon la revendication 4, caractérisé en ce qu'il est choisi parmi les virus vivants capables de se multiplier chez le porc sans être pathogène pour cet animal, et les plasmides.

20 6. Vecteur d'expression selon la revendication 5, caractérisé en ce que le vecteur viral est choisi parmi les herpès virus du porc, tel que le virus de la maladie d'Aujeszky, l'adénovirus porcin, les poxvirus, notamment le virus de la vaccine, l'avipox, le canarypox, le swinepox.

25 7. Vaccin vivant ou plasmidique, caractérisé en ce qu'il exprime un polypeptide selon la revendication 1 ou 2.

30

MERIAL, The Queen's University of Belfast et University of Saskatchewan

5 Nouveaux circovirus porcins, vaccins et réactifs de diagnostic

ABREGÉ DU CONTENU TECHNIQUE DE L'INVENTION

10 L'invention concerne de nouvelles souches de circovirus porcin isolées à partir de prélèvements pulmonaires ou ganglionnaires provenant d'élevage atteints par le syndrome de dépérissement généralisé de post-sevrage (en anglais PMWS). Elle concerne des préparations purifiées de ces souches, des vaccins classiques atténués ou inactivés, des vaccins vivants recombinants, des vaccins plasmidiques et des vaccins de sous-unités, ainsi que des réactifs et méthodes de diagnostic.

15 Elle concerne aussi des fragments d'ADN pouvant être utilisés pour la production de sous-unités dans un vecteur d'expression in vitro ou comme séquences à intégrer dans un vecteur d'expression in vivo de type virus ou plasmide.

20

1118

Figure N° 1

Séquence de l'isolat PCV Imp1011-48121 (SEQ ID N°1)

1 AATTCAACCT TAACCTTTCT TATTCTGTAG TATTCAAAGG GCACAGAGCG
51 GGGGTTTGAG CCCCCTCCTG GGGGAAGAAA GTCATTAATA TTGAATCTCA
101 TCATGTCCAC CGCCAGGAG GCGGTTCTGA CTGTGGTTCG CTTGACAGTA
151 TATCCGAAGG TGCGGGAGAG GCGGGTGTG AAGATGCCAT TTTTCCTTCT
201 CCAGCGGTAA CGGTGGCGGG GGTGGACGAG CCAGGGGCGG CGGCGGAGGA
251 TCTGGCCAAG ATGGCTGCGG GGGCGGTGTC TTCTTCTCCG GTAACGCCTC
301 CTTGGATACG TCATATCTGA AAACGAAAGA AGTGCCTGT AAGTATTACC
351 AGCGCACTTC GGCAGCGGCA GCACCTCGGC AGCACCTCAG CAGCAACATG
401 CCGAGCAAGA AGAATGGAAG AAGCGGACCC CAACCCATA AAAGGTGGGT
451 GTTCACTCTG AATAATCCTT CCGAAGACGA GCGCAAGAAA ATACGGGATC
501 TTCCAATATC CCTATTTGAT TATTTTATTG TTGGCGAGGA GGGTAATGAG
551 GAAGGACGAA CACCTCACCT CCAGGGGTTC GCTAATTTTG TGAAGAAGCA
601 GACTTTTAAT AAAGTGAAGT GGTATTTGGG TGCCCCTGC CACATCGAGA
651 AAGCGAAAGG AACAGATCAG CAGAATAAAG AATACTGCAG TAAAGAAGGC
701 AACTTACTGA TGGAGTGTGG AGCTCCTAGA TCTCAGGGAC AACGGAGTGA
751 CCTGTCTACT GCTGTGAGTA CCTTGTGGA GAGCGGGAGT CTGGTGACCG
801 TTGCAGAGCA GCACCCTGTA ACGTTTGTCA GAAATTTCCG CGGGCTGGCT
851 GAACTTTTGA AAGTGAGCGG GAAAATGCAG AAGCGTGATT GGAAGACTAA
901 TGTacACGTC ATTGTGGGGC CACCTGGGTG TGGTAAAAGC AAATGGGCTG
951 CTAATTTTGC AGACCCGGAA ACCACATACT GGAAACCACC TAGAAACAAG
1001 TGGTGGGATG GTTACCATGG TGAAGAAGTG GTTGTATTG ATGACTTTTA
1051 TGGCTGGCTG CCCTGGGATG ATCTACTGAG ACTGTGTGAT CGATATCCAT
1101 TGA CTGTAG A GACTAAAGGT GGA ACTGTAC CTTTTTTGGC CCGCAGTATT
1151 CTGATTACCA GCAATCAGAC CCCGTTGGAA TGGTACTCCT CAACTGCTGT
1201 CCCAGCTGTA GAAGCTCTTT ATCGGAGGAT TACTTCCTTG GTATTTTGGGA

Figure N° 1 (suite et fin)

1251 AGAATGCTAC AGAACAATCC ACGGAGGAAG GGGGCCAGTT CGTCACCCTT
1301 TCCCCCCCAT GCCCTGAATT TCCATATGAA ATAAATTACT GAGTCTTTTT
1351 TATCACTTCG TAATGGTTTT TATTATTCAT TAAGGGTTAA GTGGGGGGTC
1401 TTTAAGATTA AATTCTCTGA ATTGTACATA CATGGTTACA CGGATATTGT
1451 ATTCCTGGTC GTATATACTG TTTTCGAACG CAGTGCCGAG GCCTACGTGG
1501 TCTACATTC CAGCAGTTTG TAGTCTCAGC CACAGCTGGT TTCTTTTGT
1551 GTTTGGTTGG AAGTAATCAA TAGTGAATC TAGGACAGGT TTGGGGGTAA
1601 AGTAGCGGGA GTGGTAGGAG AAGGGCTGGG TTATGGTATG GCGGGAGGAG
1651 TAGTTTACAT AGGGGTCATA GGTGAGGGCT GTGGCCTTTG TTACAAAGTT
1701 ATCATCTAGA ATAACAGCAC TGGAGCCCAC TCCCCTGTCA CCCTGGGTGA
1751 TCGGGGAGCA GGGCCAG

3/18

Figure N° 2

Séquence de l'isolat PCV Imp1011-48285 (SEQ ID N°2)

1 AATTCAACCT TAACCTTTCT TATTCTGTAG TATTCAAAGG GCACAGAGCG
51 GGGGTTTGAG CCCCTCCTG GGGGAAGAAA GTCATTAATA TTGAATCTCA
101 TCATGTCCAC CGCCAGGAG GCGTTTTGA CTGTGGTTCG CTTGACAGTA
151 TATCCGAAGG TCGGGGAGAG GCGGGTGTG AAGATGCCAT TTTTCCTTCT
201 CCAGCGGTAA CGGTGGCGGG GGTGGACGAG CCAGGGGCGG CGGCGGAGGA
251 TCTGGCCAAG ATGGCTGCGG GGGCGGTGTC TTCTTCTCCG GTAACGCCTC
301 CTTGGATACG TCATATCTGA AAACGAAAGA AGTGCGCTGT AAGTATTACC
351 AGCGCACTTC GGCAGCGGCA GCACCTCGGC AGCACCTCAG CAGCAACATG
401 CCCAGCAAGA AGAATGGAAG AAGCGGACCC CAACCCATA AAAGGTGGGT
451 GTTCACTCTG AATAATCCTT CCGAAGACGA GCGCAAGAAA ATACGGGATC
501 TTCCAATATC CCTATTTGAT TATTTTATTG TTGGCGAGGA GGGTAATGAG
551 GAAGGACGAA CACCTCACCT CCAGGGGTTC GCTAATTTTG TGAAGAAGCA
601 GACTTTTAAT AAAGTGAAGT GGTATTTGGG TGCCCGCTGC CACATCGAGA
651 AAGCGAAAGG AACAGATCAG CAGAATAAAG AATACTGCAG TAAAGAAGGC
701 AACTTACTGA TGGAGTGTGG AGCTCCTAgA TCTCagGGAC AACGGAGTGA
751 CCTGTCTACT GCTGTGAGTA CCTTGTGGG GAGCGGGAGT CTGGTGACCG
801 TTGCAGAGCA GCACCCTGTA ACGTTTGTCA GAAATTTCCG CGGGCTGGCT
851 GAACTTTTGA AAGTGAGCGG GAAAATGCAG AAGCGTGATT GGAAGACTAA
901 TGTACACGTC ATTGTGGGGC CACCTGGGTG TGGTAAAAGC AAATGGGCTG
951 CTAATTTTGC AGACCCGGAA ACCACATACT GGAAACCACC TAGAAAACAAG
1001 TGGTGGGATG GTTACCATGG TGAAGAAGTG GTTGTATTG ATGACTTTTA
1051 TGGCTGGCTG CCCTGGGATG ATCTACTGAG ACTGTGTGAT CGATATCCAT
1101 TGA CTGTAGA GACTAAAGGT GGA ACTGTAC CTTTTTTGGC CCGCAGTATT
1151 CTGATTACCA GCAATCAGAC CCCGTTGGAA TGGTACTCCT CAACTGCTGT
1201 CCCAGCTGTA GAAGCTCTTT ATCGGAGGAT TACTTCCTTG GTATTTTGGG

Figure N° 2 (suite et fin)

1251 AGAATGCTAC AGAACAATCC ACGGAGGAAG GGGGCCAGTT CGTCACCCTT
1301 TCCCCCCCAT GCCCTGAATT TCCATATGAA ATAAATTACT GAGTCTTTTT
1351 TATCACTTCG TAATGGTTTT TATTATTCAT TAAGGGTTAA GTGGGGGGTC
1401 TTTAAGATTA AATTCTCTGA ATTGTACATA CATGGTTACA CGGATATTGT
1451 ATTCCTGGTC GTATATACTG TTTTCGAACG CAGTGCCGAG GCCTACGTGG
1501 TCTACATTTT CAGTAGTTTG TAGTCTCAGC CACAGCTGAT TTCTTTTGTT
1551 GTTTGGTTGG AAGTAATCAA TAGTGGAATC TAGGACAGGT TTGGGGGTAA
1601 AGTAGCGGGA GTGGTAGGAG AAGGGCTGGG TTATGGTATG GCGGGAgGAG
1651 TAGTTTACAT AGGGGTCATA GGTGAgGGCT GTGGCCTTTG TTACAAAGTT
1701 ATCATCTAGA ATAACAGCAC TGGAGCCCAC TCCCCTGTCA CCCTGGGTGA
1751 TCGGGGAGCA GGGCCAG

Figure N° 3

Séquence de l'isolat PCV Imp999 (SEQ ID N°3)

1 AATTC AACCT TAACCTTTTT TATTCTGTAG TATTCAAAGG GTATAGAGAT
51 TTTGTTGGTC CCCCCTCCCG GGGGAACAAA GTCGTCAATA TAAATCTCA
101 TCATGTCCAC CGCCAGGAG GCGTTCTGA CTGTGGTAGC CTTGACAGTA
151 TATCCGAAGG TGC GGGAGAG GCGGGTGTG AAGATGCCAT TTTTCCTTCT
201 CCAACGGTAG CGGTGGCGG GGTGGACGAG CCAGGGGCGG CGGCGGAGGA
251 TCTGGCCAAG ATGGCTGCGG GGGCGGTGTC TTCTTCTGCG GTAACGCCTC
301 CTTGGATACG TCATAGCTGA AAACGAAAGA AGTGCCTGT AAGTATTACC
351 AGCGCACTTC GGCAGCGGCA GCACCTCGGC AGCACCTCAG CAGCAACATG
401 CCCAGCAAGA AGAATGGAAG AAGCGGACCC CAACCACATA AAAGTGGGT
451 GTTCACGCTG AATAATCCTT CCGAAGACGA GCGCAAGAAA ATACGGGAGC
501 TCCCAATCTC CCTATTTGAT TATTTTATTG TTGGCGAGGA GGGTAATGAG
551 GAAGGACGAA CACCTCACCT CCAGGGGTTC GCTAATTTTG TGAAGAAGCA
601 AACTTTTAAT AAAGTGAAGT GGTATTTGGG TGCCCGCTGC CACATCGAGA
651 AAGCCAAAGG AACTGATCAG CAGAATAAAG AATATTGCAG TAAAGAAGGC
701 AACTTACTTA TTGAATGTGG AGCTCCTCGA TCTCAAGGAC AACGGAGTGA
751 CCTGTCTACT GCTGTGAGTA CCTTGTGGA GAGCGGGAGT CTGGTGACCG
801 TTGCAGAGCA GCACCCTGTA ACGTTTGTCA GAAATTTCCG CGGGCTGGCT
851 GAACTTTTGA AAGTGAGCGG GAAAATGCAG AAGCGTGATT GGAAGACCAA
901 TGTACACGTC ATTGTGGGGC CACCTGGGTG TGGTAAAAGC AAATGGGCTG
951 CTAATTTTGC AGACCCGGAA ACCACATACT GGAAACCACC TAGAAACAAG
1001 TGGTGGGATG GTTACCATGG TGAAGAGTG GTTGTATTG ATGACTTTTA
1051 TGGCTGGCTG CCGTGGGATG ATCTACTGAG ACTGTGTGAT CGATATCCAT
1101 TGA CTGTAGA GACTAAAGGT GGA ACTGTAC CTTTTTTGGC CCGCAGTATT
1151 CTGATTACCA GCAATCAGAC CCCGTTGGAA TGGTACTCCT CAACTGCTGT
1201 CCCAGCTGTA GAAGCTCTCT ATCGGAGGAT TACTTCCTTG GTATTTTGGGA

6118

Figure N° 3 (suite et fin)

1251 AGAATGCTAC AGAACAATCC ACGGAGGAAG GGGGCCAGTT CGTCACCCTT
1301 TCCCCCCCAT GCCCTGAATT TCCATATGAA ATAAATTACT GAGTCTTTTT
1351 TATCACTTCG TAATGGTTTT TATTATTCAT TTAGGGTTTA AGTGGGGGGT
1401 CTTTAAGATT AAATTCTCTG AATTGTACAT ACATGGTTAC ACGGATATTG
1451 TAGTCCTGGT CGTATATACT GTTTTCGAAC GCAGTGCCGA GGCCTACGTG
1501 GTCCACATTT CTAGAGGTTT GTAGCCTCAG CCAAAGCTGA TTCCTTTTGT
1551 TATTTGGTTG GAAGTAATCA ATAGTGGAGT CAAGAACAGG TTTGGGTGTG
1601 AAGTAACGGG AGTGGTAGGA GAAGGGTTGG GGGATTGTAT GGCGGGAGGA
1651 GTAGTTTACA TATGGGTCAT AGGTTAGGGC TGTGGCCTTT GTTACAAAGT
1701 TATCATCTAG AATAACAGCA GTGGAGCCCA CTCCCCTATC ACCCTGGGTG
1751 ATGGGGGAGC AGGGCCAG

7118

Figure N° 4

Séquence de l'isolat PCV Imp1010 (SEQ ID N°4)

1 AATTCAACCT TAACCTTTCT TATTCTGTAG TATTCAAAGG GTATAGAGAT
51 TTTGTTGGTC CCCCCTCCCG GGGGAACAAA GTCGTCAATT TTAAATCTCA
101 TCATGTCCAC CGCCCAGGAG GCGTGTGTGA CTGTGGTACG CTTGACAGTA
151 TATCCGAAGG TCGGGGAGAG GCGGGTGTG AAGATGCCAT TTTTCCTTCT
201 CCAACGGTAG CGGTGGCGGG GGTGGACGAG CCAGGGGCGG CGGCGGAGGA
251 TCTGGCCAAG ATGGCTGCGG GGGCGGTGTC TTCTTCTGCG GTAACGCCTC
301 CTTGGATACG TCATAGCTGA AAACGAAAGA AGTGCGCTGT AAGTATTACC
351 AGCGCACTTC GGCAGCGGCA GCACCTCGGC AGCACCTCAG CAGCAACATG
401 CCCAGCAAGA AGAATGGAAG AAGCGGACCC CAACCACATA AAAGGTGGGT
451 GTTCACGCTG AATAATCCTT CCGAAGACGA GCGCAAGAAA ATACGGGAGC
501 TCCCAATCTC CCTATTTGAT TATTTTATTG TTGGCGAGGA GGGTAATGAG
551 GAAGGACGAA CACCTCACCT CCAGGGGTTC GCTAATTTTG TGAAGAAGCA
601 AACTTTTAAT AAAGTGAAGT GGTATTTGGG TGCCCGCTGC CACATCGAGA
651 AAGCCAAAGG AACTGATCAG CAGAATAAAG AATATTGCAG TAAAGAAGGC
701 AACTTACTTA TTGAATGTGG AGCTCCTCGA TCTCAAGGAC AACGGAGTGA
751 CCTGTCTACT GCTGTGAGTA CCTTGTGGA GAGCGGGAGT CTGGTGACCG
801 TTGCAGAGCA GCACCCTGTA ACGTTTGTCA GAAATTTCCG CGGGCTGGCT
851 GAACTTTTGA AAGTGAGCGG GAAAATGCAG AAGCGTGATT GGAAGACCAA
901 TGTACACGTC ATTGTGGGGC CACCTGGGTG TGGTAAAAGC AAATGGGCTG
951 CTAATTTTGC AGACCCGAA ACCACATACT GGAAACCACC TAGAAACAAG
1001 TGGTGGGATG GTTACCATGG TGAAGAAGTG GTTGTATTG ATGACTTTTA
1051 TGGCTGGCTG CCGTGGGATG ATCTACTGAG ACTGTGTGAT CGATATCCAT
1101 TGA CTGTAGTA GACTAAAGGT GGA ACTGTAC CTTTTTTGGC CCGCAGTATT
1151 CTGATTACCA GCAATCAGAC CCCGTTGGAA TGGTACTCCT CAACTGCTGT
1201 CCCAGCTGTA GAAGCTCTCT ATCGGAGGAT TACTTCCTTG GTATTTTGGA

8/18

Figure N° 4 (suite et fin)

1251 AGAATGCTAC AGAACAATCC ACGGAGGAAG GGGGCCAGTT CGTCACCCCTT
1301 TCCCCCCCAT GCCCTGAATT TCCATATGAA ATAAATTACT GAGTCTTTTTT
1351 TATCACTTCG TAATGGTTTT TATTATTCAT TTAGGGTTTA AGTGGGGGGT
1401 CTTTAAGATT AAATTCTCTG AATTGTACAT ACATGGTTAC ACGGATATTG
1451 TAGTCCTGGT CGTATTTACT GTTTTCGAAC GCAGCGCCGA GGCCTACGTG
1501 GTCCACATTT CCAGAGGTTT GTAGTCTCAG CCAAAGCTGA TTCCTTTTGT
1551 TATTTGGTTG GAAGTAATCA ATAGTGGAGT CAAGAACAGG TTTGGGTGTG
1601 AAGTAACGGG AGTGGTAGGA GAAGGGTTGG GGGATTGTAT GGCGGGAGGA
1651 GTAGTTTACA TATGGGTCAT AGGTTAGGGC TGTGGCCTTT GTTACAAAGT
1701 TATCATCTAG AATAACAGCA GTGGAGCCCA CTCCCCTATC ACCCTGGGTG
1751 ATGGGGGAGC AGGGCCAG

9118

Figure N° 5

Alignement multiple de séquences CLUSTAL W

```

PCVPK-15      AATTCATATTTAGCCTTTCTAATACGGTAGTATTGGAAAGGTAGGGGTAGGGGGTTGGTG
IMP999-ECO    AATTC AACCTTAACCTTTTTTATTCTGTAGTATTCAAAGGGTATAGAGATTTTGTGGTC
IMP1010-ST    AATTC AACCTTAACCTTTCTTATTCTGTAGTATTCAAAGGGTATAGAGATTTTGTGGTC
IMP1011-48    AATTC AACCTTAACCTTTCTTATTCTGTAGTATTCAAAGGGCACAGAGCGGGGGTTTGAG
IMP1011-48    AATTC AACCTTAACCTTTCTTATTCTGTAGTATTCAAAGGGCACAGAGCGGGGGTTTGAG
*****      *** ***** * ** * ***** ** * * * * *      **** *

PCVPK-15      CCGCCTGAGGGGGGAGGAAGTGGCCGATGTTGAATTTGAGGTAGTTAACATTTCCAAGAT
IMP999-ECO    CCCCCTCCCGGGGAACAAAGTCGTCAATATTAATCTCATCATGTCCACCCGCCAGGAG
IMP1010-ST    CCCCCTCCCGGGGAACAAAGTCGTCAATTTTAAATCTCATCATGTCCACCCGCCAGGAG
IMP1011-48    CCCCCTCCTGGGGGAAGAAAGTCATTAATATTGAATCTCATCATGTCCACCCGCCAGGAG
IMP1011-48    CCCCCTCCTGGGGGAAGAAAGTCATTAATATTGAATCTCATCATGTCCACCCGCCAGGAG
** ***      ***** * ** *      ** ** ** * *      ** **      *** **

PCVPK-15      GGC--TGCGAGTATCCTCCTTTT-ATGGTGAGTACAAATCTGTAGAAAAGCGGGAATTG
IMP999-ECO    GCGGTTCTGACTGTGGTAGCCTTGACAGTATATCCGAAGGTGCGGGAGAGGCGGGTGTG
IMP1010-ST    GCGGTTGTGACTGTGGTACGCTTGACAGTATATCCGAAGGTGCGGGAGAGGCGGGTGTG
IMP1011-48    GCGGTTCTGACTGTGGTTCGCTTGACAGTATATCCGAAGGTGCGGGAGAGGCGGGTGTG
IMP1011-48    GCGGTTTTGACTGTGGTTCGCTTGACAGTATATCCGAAGGTGCGGGAGAGGCGGGTGTG
*** * ** * * *      ** * ** * * * *      ** *****      ***

PCVPK-15      AAGATACCCGTCCTTTTCGGCGCCATCTGTAACGGTTTCTGAAGCGGGGTGTGCCAAATAT
IMP999-ECO    AAGATGCCATTTTTCTTCTCCAACGGTAGCGGTGGC-GGGGGTGA-CGAGCCAGGGGC
IMP1010-ST    AAGATGCCATTTTTCTTCTCCAACGGTAGCGGTGGC-GGGGGTGA-CGAGCCAGGGGC
IMP1011-48    AAGATGCCATTTTTCTTCTCCAGCGGTAACGGTGGC-GGGGGTGA-CGAGCCAGGGGC
IMP1011-48    AAGATGCCATTTTTCTTCTCCAGCGGTAACGGTGGC-GGGGGTGA-CGAGCCAGGGGC
***** ** * ** * * ** * ** * ** * * * * * * * * * * * * *

PCVPK-15      GGTCTTCTCCGGAGGATGTTTCCAAGATGGCTGCGGGGGCGGGTCTTCTTCTGCGGTAA
IMP999-ECO    GG----CGGCGGAGGATCTGGCCAAGATGGCTGCGGGGGCGGTGTCTTCTTCTGCGGTAA
IMP1010-ST    GG----CGGCGGAGGATCTGGCCAAGATGGCTGCGGGGGCGGTGTCTTCTTCTGCGGTAA
IMP1011-48    GG----CGGCGGAGGATCTGGCCAAGATGGCTGCGGGGGCGGTGTCTTCTTCTGCGGTAA
IMP1011-48    GG----CGGCGGAGGATCTGGCCAAGATGGCTGCGGGGGCGGTGTCTTCTTCTGCGGTAA
** *      ***** * ***** ***** ***** ***** *****

PCVPK-15      CGCCTCCTTGGCCACGTCATCCTATAAAAAGTGAAAGAAGTGCGCTGCTGTAGTATTACCA
IMP999-ECO    CGCCTCCTTGGGATACGTCATAGC-TGAAAACGAAAGAAGTGCGCTGTA--AGTATTACCA
IMP1010-ST    CGCCTCCTTGGGATACGTCATAGC-TGAAAACGAAAGAAGTGCGCTGTA--AGTATTACCA
IMP1011-48    CGCCTCCTTGGGATACGTCATATC-TGAAAACGAAAGAAGTGCGCTGTA--AGTATTACCA
IMP1011-48    CGCCTCCTTGGGATACGTCATATC-TGAAAACGAAAGAAGTGCGCTGTA--AGTATTACCA
***** ** * ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

PCVPK-15      GCGCACTTCGGCAGCGGCAGCACCTCGGCAGCG--TCAGTG--AAAATGCCAAGCAAGAA
IMP999-ECO    GCGCACTTCGGCAGCGGCAGCACCTCGGCAGCACCTCAGCAGCAACATGCCAGCAAGAA
IMP1010-ST    GCGCACTTCGGCAGCGGCAGCACCTCGGCAGCACCTCAGCAGCAACATGCCAGCAAGAA
IMP1011-48    GCGCACTTCGGCAGCGGCAGCACCTCGGCAGCACCTCAGCAGCAACATGCCAGCAAGAA
IMP1011-48    GCGCACTTCGGCAGCGGCAGCACCTCGGCAGCACCTCAGCAGCAACATGCCAGCAAGAA
***** ** * ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

```


Figure N° 5 (suite et fin)

PCVPK-15 GTTTTTATT-TTATTTA---TTTA---GAGGGTCTTTTAGGATAAAATCTCTGAATTG
IMP999-ECO GTTTTTATTATTCATTTAGGGTTAAGTGGGGGGTCTTTAAGATTAAATCTCTGAATTG
IMP1010-ST GTTTTTATTATTCATTTAGGGTTAAGTGGGGGGTCTTTAAGATTAAATCTCTGAATTG
IMP1011-48 GTTTTTATTATTCATTAAGGGTT-AAGTGGGGGGTCTTTAAGATTAAATCTCTGAATTG
IMP1011-48 GTTTTTATTATTCATTAAGGGTT-AAGTGGGGGGTCTTTAAGATTAAATCTCTGAATTG
***** ** ** * ** * * ***** ** *****

PCVPK-15 TACATAAATAGTCAGCCTTACCACATAATTTTGGGCTGTGGCTGC-ATTTTGGAGCGCAT
IMP999-ECO TACATACATGGTTACACGGATATTGTAGTCCTGG-TCGTATATACTGTTTTCGAACGCAG
IMP1010-ST TACATACATGGTTACACGGATATTGTAGTCCTGG-TCGTATTTACTGTTTTCGAACGCAG
IMP1011-48 TACATACATGGTTACACGGATATTGTATTCCTGG-TCGTATATACTGTTTTCGAACGCAG
IMP1011-48 TACATACATGGTTACACGGATATTGTATTCCTGG-TCGTATATACTGTTTTCGAACGCAG
***** ** ** * * * ** * ** * ** * ** *

PCVPK-15 AGCCGAGGCCTGTGTGCTCGACATTGGTGTGGGTATTTAAATGGAGCCACAGCTGGTTTC
IMP999-ECO TGCCGAGGCCTACGTGGTCCACATTTCTAGAGGTTTGTAGCCTCAGCCAAAGCTGATTCC
IMP1010-ST CGCCGAGGCCTACGTGGTCCACATTTCCAGAGGTTTGTAGTCTCAGCCAAAGCTGATTCC
IMP1011-48 TGCCGAGGCCTACGTGGTCTACATTTCCAGCAGTTTGTAGTCTCAGCCACAGCTGGTTTC
IMP1011-48 TGCCGAGGCCTACGTGGTCTACATTTCCAGTAGTTTGTAGTCTCAGCCACAGCTGATTTC
***** ** ** ***** ** * ** ***** ***** ** *

PCVPK-15 TTTTATTATTTGGGTGGAACCAATCAATTGTTTGGTCCAGCTCAGGTTTGGGGTGAAGT
IMP999-ECO TTTTGTATTATTTGGTTGGAAGTAATCAATAGTGGAGTCAAGAACAGGTTTGGGTGTGAAGT
IMP1010-ST TTTTGTATTATTTGGTTGGAAGTAATCAATAGTGGAGTCAAGAACAGGTTTGGGTGTGAAGT
IMP1011-48 TTTTGTATTATTTGGTTGGAAGTAATCAATAGTGGAACTAGGACAGGTTTGGGGTAAAGT
IMP1011-48 TTTTGTATTATTTGGTTGGAAGTAATCAATAGTGGAACTAGGACAGGTTTGGGGTAAAGT
**** ** ***** ***** ***** ** ** ***** ** *

PCVPK-15 ACCTGGAGTGGTAGGTAAGGGCTGCCTTATGGTGTGGCGGGAGGAGTAGTTAATATAGG
IMP999-ECO AACGGGAGTGGTAGGAGAAGGGTTGGGGGATTGTATGGCGGGAGGAGTAGTTTACATATG
IMP1010-ST AACGGGAGTGGTAGGAGAAGGGTTGGGGGATTGTATGGCGGGAGGAGTAGTTTACATATG
IMP1011-48 AGCCGGAGTGGTAGGAGAAGGGCTGGGTTATGGTATGGCGGGAGGAGTAGTTTACATAGG
IMP1011-48 AGCCGGAGTGGTAGGAGAAGGGCTGGGTTATGGTATGGCGGGAGGAGTAGTTTACATAGG
* * ***** ***** ** ** ***** ***** ** *

PCVPK-15 GGTTCATAGGCCAAGTTGGTGGAGGGGTTACAAAGTTGGCATCCAAGATAACAACAGTGG
IMP999-ECO GGTTCATAGGTTAGGGCTGTGGCCTTTGTTACAAAGTTATCATCTAGAATAACAGCAGTGG
IMP1010-ST GGTTCATAGGTTAGGGCTGTGGCCTTTGTTACAAAGTTATCATCTAGAATAACAGCAGTGG
IMP1011-48 GGTTCATAGGTGAGGGCTGTGGCCTTTGTTACAAAGTTATCATCTAGAATAACAGCACTGG
IMP1011-48 GGTTCATAGGTGAGGGCTGTGGCCTTTGTTACAAAGTTATCATCTAGAATAACAGCACTGG
***** * * ***** ***** ***** * ***** ** *

PCVPK-15 ACCCAACACCTCTTTGATTAGAGGTGATGGGGTCTCTGGGGTAA
IMP999-ECO AGCCCACTCCCCTATCACCTGGGTGATGGGGGAGCAGGGCCAG
IMP1010-ST AGCCCACTCCCCTATCACCTGGGTGATGGGGGAGCAGGGCCAG
IMP1011-48 AGCCCACTCCCCTGTACCTGGGTGATCGGGGAGCAGGGCCAG
IMP1011-48 AGCCCACTCCCCTGTACCTGGGTGATCGGGGAGCAGGGCCAG
* *

Figure N°6

1 GAATTCAACC TTAACCTTTT TTATTCTGTA gTATTCAAAG GGTATAaAgA
51 TTTTGTGGT CCCCCCTCCC GGGGGAACAA AGTCgTCAAT ATTAAATCTC
101 ATCATGTCCA CCGCCCAGGA GGGCGTTCTG ACTGTGGTAg CCTTGACAgT
151 ATATCCGAAG GTGCGGGAGA rGCGGGTGT GAAAATGCCA TTTTTCCTTC
201 TCCAACGGTA GCGGTGGCGG GGGTGGACmA nCCAcgGGCG GCGGCGGAWG
251 ATCTGGCCAA GATGGCTGCG GGGGCGGTGT CTTCTTCTGC GGTAACGCCT
301 CCTTGGATAC GTCATAgCTG AAAACGAAAG AAGTGCCTG TAaGTATTAC
351 CAGCGCACTT CGGCAGCGGC AGCACCTCGG CAGCaCCTCA GCAGCAACAT
401 GCCCAGCAAG AAGAATGGAA GAAGCGGACC CCAACCACAT AAAAGGTGGG
451 TGTTACGCT GAATAATCCT TCCGAAGACG AGCGCAAGAA AATACGGGAG
501 CTCCCaATCT CCCTATTTGA TTATTTTATT GTTGGCGAGG AGGGTwwTGA
551 gGAAnGACgA ACACCTCACC TCCAGGGGT CGctAATTTT GTGAAGAAgC
601 aaACTTtTAA TAAAGTGAAG TGGTATTTGG GTGCCCGCTG CCACATCGAG
651 AAAGCCAaAG GAACTGATCA GCAGAATAAA GAATATTGCA GTAAAgAAGG
701 CAACTTACTT ATTGAATGTG GAGCTCCTCG ATCTCAAGGA CAACGGAGTG
751 ACCTGTCTAC TGCTGTGAGT ACCTTGTGG AGAGCGGGAG TCTGGTGACC
801 GTTGCAGAGC AGCACCCCTGT AACGTTTGTG AGAAATTTCC GCGGGCTGGC
851 TGAACTTTTG AAAGTGAGCG GGAAAATGCA GAAGCGTGAT TGAAGACCA
901 ATGTACACGT CATTGTGGGG CCACCTGGGT GTGGTAAAAG CAAATGGGCT
951 GCTAATTTTG CAGACCCGGA AACCACATAC TGGAAACCAC CTAGAAACAA
1001 GTGGTGGGAT GGTTACCATG GTGAAGAAGT GGTGTATTATT GATGACTTTT
1051 ATGGCTGGCT GCCGTGGGAT GATCTACTGA GACTGTGTGA TCGATATCCA
1101 TTGACTGTAG AGACTAAAGG TGGAActGTA CNMNNNNNGG CCCGCAGTAT
1151 TCTGATTACC AGCAATCAGA CCCCgtGGA ATGGTACTCC TCAACTGCTG
1201 TCCCAGctGT AGAAGCTCTC TATCGGAGGA ttACTTCCTT GGTATTTtGG
1251 AaGAATGCTA CAGAACAATC CACGGAGGAA GGGGGCCAGT TnGTCACCCT

Figure N°6 (suite)

1301 TTCCCCCCCA TGCCcTGAAT TTCCATaTGA AATAAATTAC TGAGTCTTTT
1351 TTATCACTTC GTAATGGTTT TTATTATTCA TTTAGGGTTT AAGTGGGGGG
1401 TCTTTAAGAT TAAATTCTCT GAATTGTACA TACATGGTTA CACGGATATT
1451 GTAGTCCTGG TCGTATATAC TGTTTTCGAA CGCAGTGCCG AGGCCTACGT
1501 GGTCCACATT TCTAGAGGTT tGTAGCCTCA gCCAAAGcTg ATTCCTTTTG
1551 TTATTTGGTT GGAAGTAATC AATAGTGGAG TCAAGAACAG GTTTGGGTGT
1601 GAAGTAACGG GAGTGGTAGG AGAAGGGTTG GGGGATTGTA TGGCGGGAGG
1651 AGTAGTTTAC ATATGGGTCA TAGGTTAGGG CTGTGGCCTT TGTTACAAAG
1701 TTATCATcTA GAATAACAGC AGTGGAGCCC ACTCCCCTAT CACCCTGGGT
1751 GATGGGGGAG CAGGGCCA

15/18

Figure N°7

8con.s = séquence clone pGEM-7/8
 pcveco = séquence souche PCV PK/15

SCORES Init1: 2517 Initn: 3774 Opt: 4010
 75.8% identity in 1785 bp overlap

```

      1769      1759      1749      1739      1729      1719
8con.s GAATTCTGGCCCTGCTCCCCCATCACCCAGGGTGATAGGGGAGTGGGCTCCACTGCTGTT
      ||||| | ||| | ||||| ||||| | | | | | | | | | | | | | | | | | |
pcveco GAATTTTACCCAGAGACCCCATCACCTCTAATCAAAGAGGTGTTGGGTCCACTGTTGTT
      10          20          30          40          50          60

```

```

      1709      1699      1689      1679      1669      1659
8con.s ATTCTAGATGATAACTTTGTAACAAAGGCCACAGCCCTAACCTATGACCCATATGTAAAC
      || | |||| | ||||| ||||| ||||| | | | ||||| ||||| ||||| |||||
pcveco ATCTTGGATGCCAACTTTGTAACCCCTCCACCAACTTGGCCTATGACCCCTATATTTAAC
      70          80          90          100         110         120

```

```

      1649      1639      1629      1619      1609      1599
8con.s TACTCCTCCCGCCATACAATCCCCAACCCCTTCTCCTACCACTCCCGTTACTTCACACCC
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
pcveco TACTCCTCCCGCCACACCATAAGGCAGCCCTTTACCTACCACTCCAGGTACTTCACCCCC
      130         140         150         160         170         180

```

```

      1589      1579      1569      1559      1549      1539
8con.s AAACCTGTTCTTGACTCCACTATTGATTACTTCCAACCAAATAACAAAAGGAATCAGCTT
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
pcveco AAACCTGAGCTGGACCAAACAATTGATTGGTTCCACCCAAATAATAAAAGAAACCAGCTG
      190         200         210         220         230         240

```

```

      1529      1519      1509      1499      1489      1479
8con.s TGGCTGAGGCTACAAACCTCTAGAAATGTGGACCACGTAGGCCTCGGCACTGCGTTCGAA
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
pcveco TGGCTCCATTTAAATACCCACACCAATGTGAGCACACAGGCCTCGGCTATGCGCTCCAA
      250         260         270         280         290         300

```

```

      1469      1459      1449      1439      1429      1419
8con.s AACAGTATATAC-GACCAGGACTACAATATCCGTGTAACCATGTATGTACAATTCAGAGA
      || | |||| | |||| | |||| | |||| | |||| | |||| | |||| | |||| |
pcveco AA-TGCAGCCACAGCCCAAATTTATGTGGTAAGGCTGACTATTTATGTACAATTCAGAGA
      310         320         330         340         350

```

```

      1409      1399      1389      1379      1369      1359
8con.s ATTTAATCTTAAAGACCCCCACTTAAACCTTAAATGAATAATAAAAACCATTACGAAGT
      ||||| || ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
pcveco ATTTATCTTAAAGACCTC----TAAA---TAAAT-AAAAATAAAAACCATTACGATGT
      360         370         380         390         400         410

```

```

      1349      1339      1329      1319      1309      1299
8con.s GAT---AAAAAAGACTCAGTAATTTATTTTCATATGGAAATTCAGGGCATGGGGGGAAAG
      ||| | ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
pcveco GATAACAAAAAAGACTCAGTAATTTATTTTATATGGGAAAAGGGCACAGGGTGGGTCCAC
      420         430         440         450         460         470

```


INSTITUT NATIONAL
de la
PROPRIETE INDUSTRIELLE

RAPPORT DE RECHERCHE
PRELIMINAIRE

établi sur la base des dernières revendications
déposées avant le commencement de la recherche

N° d'enregistrement
national

FA 555679
FR 9803707

DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		Revendications concernées de la demande examinée
Catégorie	Citation du document avec indication, en cas de besoin, des parties pertinentes	
Y,D	NAYAR G.P.S. ET AL.: "Detection and characterization of porcine circovirus associated with postweaning multisystemic wasting syndrome in pigs" CANADIAN VETERINARY JOURNAL - REVUE VETERINAIRE CANADIENNE, vol. 38, juin 1997, pages 385-386, XP002068396 * le document en entier *	1-7
Y,D	MEEHAN B.M. ET AL.: "Sequence of porcine circovirus DNA: affinities with plant circoviruses" JOURNAL OF GENERAL VIROLOGY, vol. 78, no. 1, janvier 1997, pages 221-227, XP002068398 * le document en entier *	1-7
A	MANKERTZ A. ET AL.: "Mapping and characterization of the origin of DNA replication of porcine circovirus" JOURNAL OF VIROLOGY, vol. 3, no. 71, mars 1997, pages 2562-2566, XP002078782 * page 2566, colonne de gauche, alinéa 2 *	1,2
A	MANKERTZ J. ET AL.: "Transcription analysis of porcine circovirus (PCV)" VIRUS GENES, vol. 16, no. 3, 1998, pages 267-276, XP002087581 * abrégé *	1,2
A	WO 98 03658 A (MERIAL (FR); AUDONNET J.C.; BOUCHARDON A.; BAUDU P.; RIVIERE M.) 29 janvier 1998 * abrégé *	3-7
		DOMAINES TECHNIQUES RECHERCHES (Int.CL.6)
		C12N C07K A61K
Date d'achèvement de la recherche		Examineur
11 décembre 1998		Macchia, G
CATEGORIE DES DOCUMENTS CITES		
X : particulièrement pertinent à lui seul Y : particulièrement pertinent en combinaison avec un autre document de la même catégorie A : pertinent à l'encontre d'au moins une revendication ou arrière-plan technologique général O : divulgation non-écrite P : document intercalaire T : théorie ou principe à la base de l'invention E : document de brevet bénéficiant d'une date antérieure à la date de dépôt et qui n'a été publié qu'à cette date de dépôt ou qu'à une date postérieure. D : cité dans la demande L : cité pour d'autres raisons & : membre de la même famille, document correspondant		

1