Comment suivre des micro-organismes à la trace en analysant l'information contenue dans leur matériel génétique ?

Insecte vecteur du Chikungunya
(*Aedes albopictus*)

L'exemple du virus du Chikungunya

D'où viennent les épidémies récentes de Chikungunya?

Le Chikungunya n'est pas une maladie nouvelle. Le virus a été isolé pour la première fois en 1952-1953 lors d'une épidémie de fièvre qui sévissait sur le plateau du Makonde (Tanzanie). Chikungunya signifie « marcher courbé » en Swahili. La maladie est responsable d'affections très douloureuses au niveau des articulations, sévissant aussi bien en Afrique qu'en Asie du Sud (Indonésie, Inde et Viêtnam par exemple).

On distingue deux principaux foyers de Chikungunya :

* un foyer asiatique. Par exemple, le Chikungunya frappe régulièrement en Indonésie ou en Inde (près de 1,3 millions de personnes infectées en 2006).

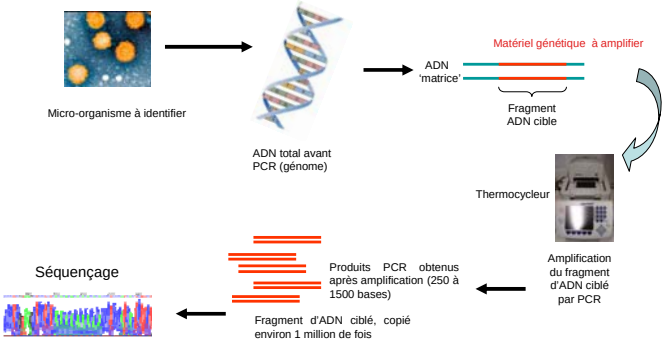
* un foyer africain.

Les scientifiques du Centre National de Référence des arbovirus de l'Institut Pasteur ont identifié dès le mois de mai 2005 le virus à La Réunion, avec un pic épidémique en février 2006 (plus de 250 000 cas en tout, soit un tiers de la population de l'île). Le premier foyer européen a été identifié durant l'été 2007 en Italie.

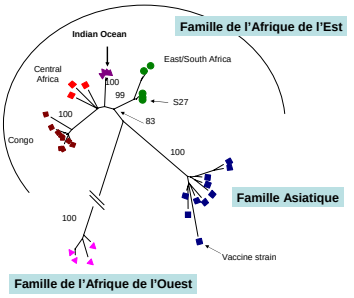
L'Institut Pasteur a cherché à répondre à deux questions initiales: D'où venait le virus qui a causé l'épidémie à lîle de La Réunion? Et pourquoi s'est-il répandu aussi rapidement?

Amplification et séquençage du matériel génétique

La «Polymerase Chain Reaction» ou PCR (Amplification en Chaîne par Polymérase) est une technique de multiplication *in vitro* de l'ADN. Plusieurs millions de copies d'une région précise du matériel génétique peuvent être obtenues en quelques heures. La séquence des bases peut alors être établie à partir de ces fragments amplifiés.



Le virus de Chikungunya de l'île de La Réunion appartient à la famille Est-Africaine

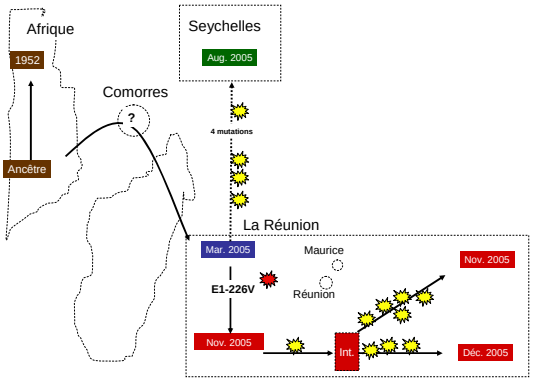


Analyse des relations de parenté entre souches, sur la base de leur séquence.

Origine Africaine très probable du virus de La Réunion

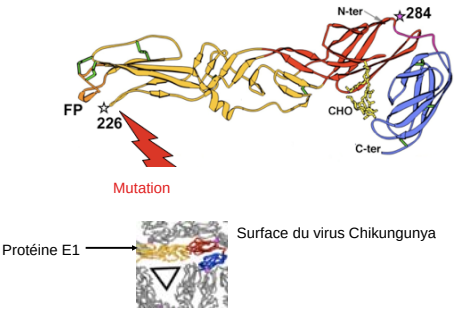
Retracer l'évolution des souches virales……

En comparant les génomes complets (12 000 bases) de plusieurs souches du virus du Chikungunya, nous avons pu retracer l'évolution des souches durant l'épidémie.



Le virus de l'île de la Réunion était un mutant…

Une mutation importante a été découverte: un changement d'une seule lettre (E1-226V) dans le gène d'une protéine de surface du virus permet au virus du Chikungunya de se multiplier beaucoup plus vite chez le moustique, qui le transmet ensuite beaucoup plus efficacement à l'homme. Cette découverte explique en partie l'ampleur exceptionnelle de l'épidémie de Chikungunya à l'île de La Réunion.



CONCLUSIONS

L'analyse de la séquence génomique des différentes souches du virus Chikungunya au cours de l'épidémie de l'île de La Réunion a permis de montrer son origine africaine et de reconstituer l'évolution des souches, et a contribué à comprendre l'ampleur de l'épidémie par la découverte d'une mutation d'une protéine à la surface du virus.

Plate-forme **Génotypage des Pathogènes et Santé Publique (PF8),** Institut Pasteur. **http://genopole.pasteur.fr/PF8**