Origine et transmission du virus Ebola épidémique en 2014

D'après l'article Gire et al., « Genomic surveillance elucidates Ebola virus origin and transmission during the 2014 outbreak » Science 345 :1369-72 (2014).

A-S Gosselin-Grenet[1], S. Batalla Llasat[2], F. Debiais[3], C. Lestrade[4]

1. DGIMI, Université de Montpellier, INRAE, 2. Collège I. Joliot-Curie, Estagel, 3. Lycée Garcia Lorca, Théza, 4. Lycée Lacroix, Narbonne.

Le virus Ebola

Le virus Ebola (EBOV) est un virus filamenteux (Fig. 1) hautement pathogène pour l'Homme, responsable de la maladie Ebola dont les symptômes sont multiples (Fig. 2).

La contamination initiale de l'Homme proviendrait d'un réservoir naturel (chauve-souris). La transmission interhumaine se fait par le biais des fluides corporels. (Fig. 3 et vidéo)

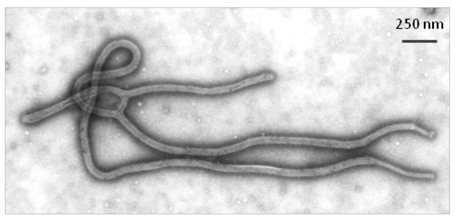

Figure 1. Structure filamenteuse du virus Ebola vue en microscopie électronique (Crédits photo : C. Goldsmith CDC ID #1832).

Vidéo sur les modes de transmission du virus Ebola et les symptômes de la maladie chez l'humain (Réseau Corpus Canopé)

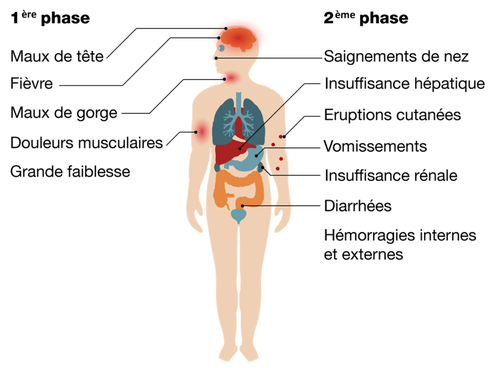

Figure 2. Symptômes de la maladie Ebola (Modifié d'après le site RFI)

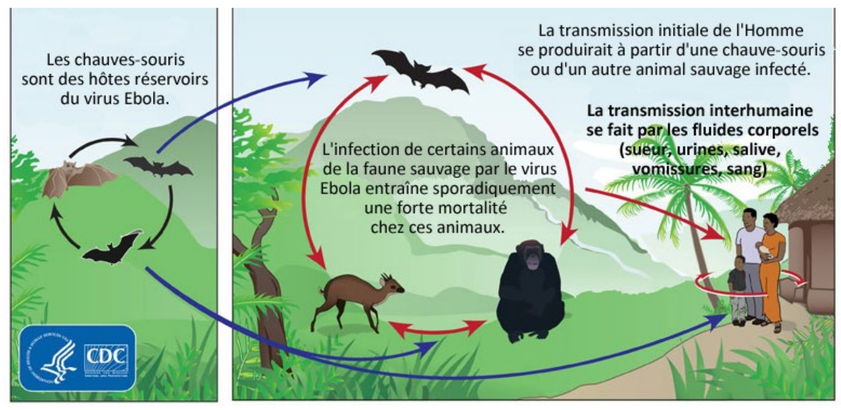

Figure 3. Cycles de transmission du virus Ebola chez l'Homme et les animaux sauvages.

Contexte et objectifs de l'étude

Depuis son identification en 1976 en République Démocratique du Congo (DRC) près de la rivière Ebola, ce virus a été responsable d'une trentaine d'épidémies en Afrique, touchant jusqu'en 2013 uniquement l'Afrique centrale. L'épidémie de 2014-2016, la plus grande épidémie d'Ebola à ce jour (plus de 28 600 cas et 11 300 décès, Fig. 4A), a débuté en février 2014 en Guinée et s'est propagée au Libéria en mars, en Sierra Leone en mai et au Nigeria fin juillet (Fig. 4B). Ce fut la première épidémie en Afrique de l'Ouest.

L'étude de Stephen K. Gire (2014) et ses collaborateurs a pour objectif de déterminer l'origine de l'épidémie ouest-africaine de 2014 en Sierra Leone. Ils ont cherché à comprendre comment et quand l'EBOV a émergé chez les populations humaines de Sierra Leone, si de nouvelles souches virales sont passées du réservoir naturel à l'Homme et comment le virus a évolué au cours de l'épidémie. Pour cela, les auteurs ont séquencé 99 génomes de virus Ebola provenant de 78 patients en Sierra Leone (soit plus de 70% des patients diagnostiqués entre fin mai et mi-juin), en utilisant les nouvelles techniques de séquençage haut débit.

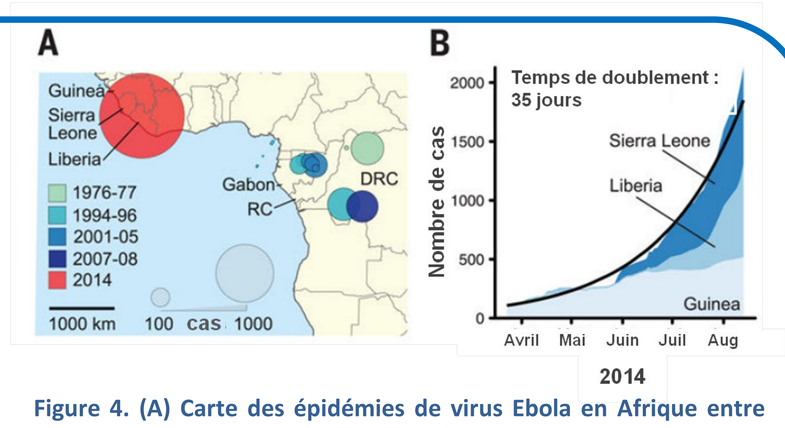

Figure 4. (A) Carte des épidémies de virus Ebola en Afrique entre 1976 et 2014 (RC = République du Congo, DRC = République démocratique du Congo). (B) Évolution de l'épidémie (nombre de cas) entre mars et août 2014, avec une période de doublement de 35 jours.

Datation de l'émergence des souches EBOV humaines

Les auteurs ont comparé leurs résultats de séquençage avec ceux obtenus à partir d'échantillons de Guinée et de génomes viraux issus des épidémies précédentes.
La comparaison phylogénétique suggère que le virus ouest-africain de 2014 s'est propagé à partir de l'Afrique centrale et que les souches virales des trois foyers épidémiques les plus récents ont toutes divergé d'un ancêtre commun en 2004 (Fig. 5A).

La datation moléculaire des virus au cours de l'année 2014 place l'ancêtre commun du foyer ouest-africain le 23 février en Guinée et celui des lignées de Sierra Leone au 23 avril, soit 3 mois après les premiers cas suspects en Guinée (Fig. 5B).

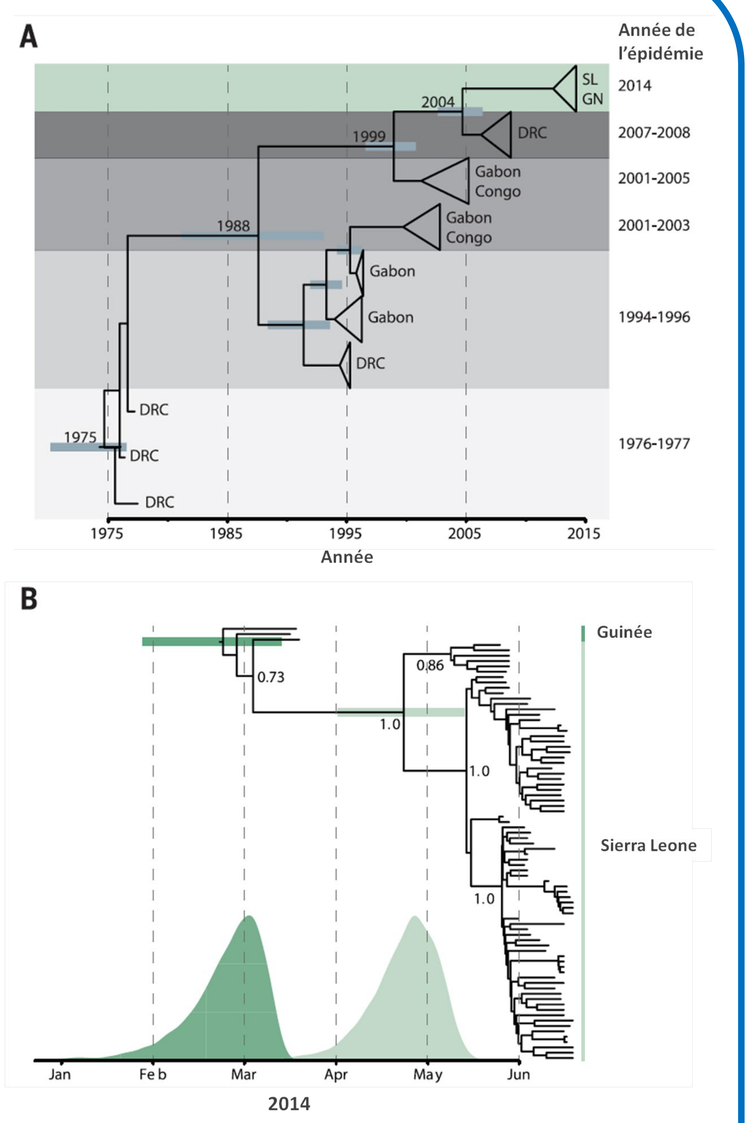

Figure 5. (A) Arbre de parenté et dates de divergence des différentes souches épidémiques de virus Ebola depuis 1976 (SL = Sierra Leone, GN = Guinée, RDC = République démocratique du Congo). (B) Arbre de parenté et dates de divergence des souches séquencées d'EBOV de l'année 2014. Les distributions de probabilité pour les deux événements de divergence de 2014 sont superposées en dessous (en vert foncé pour la Guinée, en vert clair pour la Sierra Leone).

Origine et évolution des souches EBOV en Sierra Leone

En mars 2014, l'hôpital de Kenema en Sierra Léone a établi une surveillance du virus Ebola par la technique de RT-PCR. Le premier cas est confirmé le 25 mai. L'enquête du ministère de la Santé et de l'Assainissement a révélé un lien épidémiologique entre ce cas et l'enterrement d'une guérisseuse traditionnelle qui avait soigné des patients atteints d'Ebola en provenance de Guinée. La recherche a conduit à 13 cas supplémentaires : toutes des femmes qui ont assisté à l'enterrement. Par suite des funérailles, les différents cas contact se sont déplacés à travers la Sierra Leone.

Cette étude a également permis d'identifier de nombreuses mutations accumulées dans le génome du virus Ebola au cours de l'épidémie de 2014 (Fig. 6). Les mutations non silencieuses, notamment, pourraient impacter la capacité de transmission du virus et/ou la sévérité de la maladie.

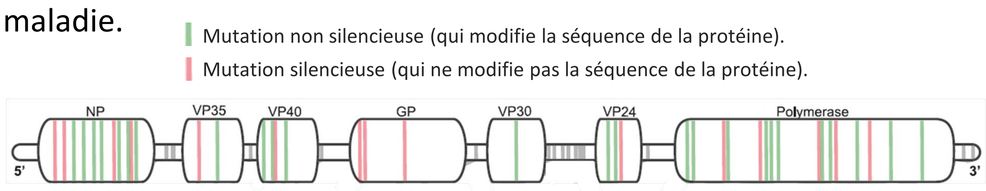

Figure 6. Localisation des mutations apparues sur les gènes du virus Ebola à partir de mars 2014 sur la souche originaire de Guinée. Le génome du virus, dont la taille est d'environ 19 000 nucléotides, est composé de 7 gènes qui codent les protéines virales NP, VP35, VP40, GP, VP30, VP24, Polymérase.

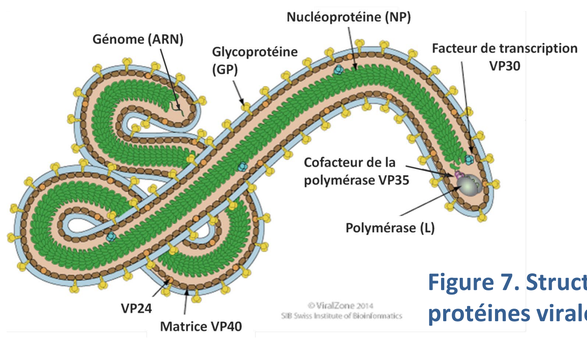

Figure 7. Structure du virus Ebola et fonctions des protéines virales (modifiée d'après ViralZone)

Conclusion

Le séquençage des différentes souches épidémiques humaines du virus Ebola a permis d'établir que le variant ouest-africain a probablement divergé des lignées d'Afrique centrale vers 2004. La souche virale de Guinée s'est ensuite propagée de personne à personne en Sierra Leone à partir de mai 2014.

Le suivi de l'évolution des variants en Sierra Leone a mis en évidence l'accumulation de nombreuses mutations, notamment non silencieuses, qui pourraient modifier les caractéristiques du virus et de la maladie Ebola associée.

Cette étude, fondée sur l'utilisation des nouvelles techniques de séquençage haut-débit, révèle qu'une surveillance épidémiologique et génomique continue est impérative pour identifier les déterminants viraux de l'émergence et de la transmission et pour permettre d'adapter rapidement le dépistage, le diagnostic et l'élaboration de vaccins efficaces pour faire face à de nouvelles épidémies.