# Origine et histoire évolutive de l'épidémie de grippe H1N1 de 2009

***D'après l'article Smith et al., « Origins and evolutionary genomics of the 2009 swine-origin H1N1 influenza A epidemic » Nature 459: 1122–1125 (2009)***

*T. Lefèvre[1], I. Arnaudet[2], O.Blanchi[3], M. Cadillac[3], S. Ginjibre[3]*

*1. MIVEGEC Université de Montpellier, CNRS, IRD, 2. Collège J.Verne Nîmes, 3. Lycée A. Camus Nîmes*

## Introduction

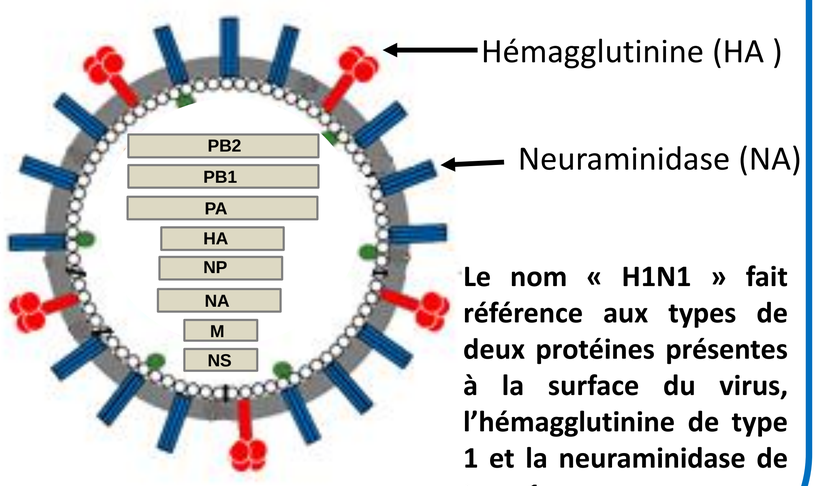
Début 2009, un nouveau virus de grippe H1N1 d'origine porcine, nommé S-OIV (Swine – Origin Influenza Virus), est apparu au Mexique et aux Etats-Unis faisant, d'après les estimations de l'OMS, entre 100 000 et 400 000 décès cette année-là.
Un groupe de chercheurs a voulu retracer l'origine évolutive de ce virus. Pour cela, ils ont comparé les séquences complètes des ARNs de l'agent viral responsable de cette épidémie avec 796 échantillons plus anciens provenant de souches virales d'origine porcine, humaine et aviaire.

## Structure et génome du virus Influenza

L'agent infectieux responsable de la grippe, est un virus Influenza. La particularité de son génome est d'être constitué de 8 segments d'ARN simple brin qui codent les protéines :

- *PB2 : sous-unité de l'ARN polymérase*
- *PB1 : sous-unité de l'ARN polymérase et protéine PB1-F2*
- *PA : sous-unité de l'ARN polymérase et protéine PA-X*
- *HA ou H : hémagglutinine*
- *NP : nucléoprotéine*
- *NA ou N : neuraminidase*
- *M : protéines (M1 et M2)*
- *NS : protéines (NS1 et NEP)*

**Figure 1. Schéma de la structure du virus**



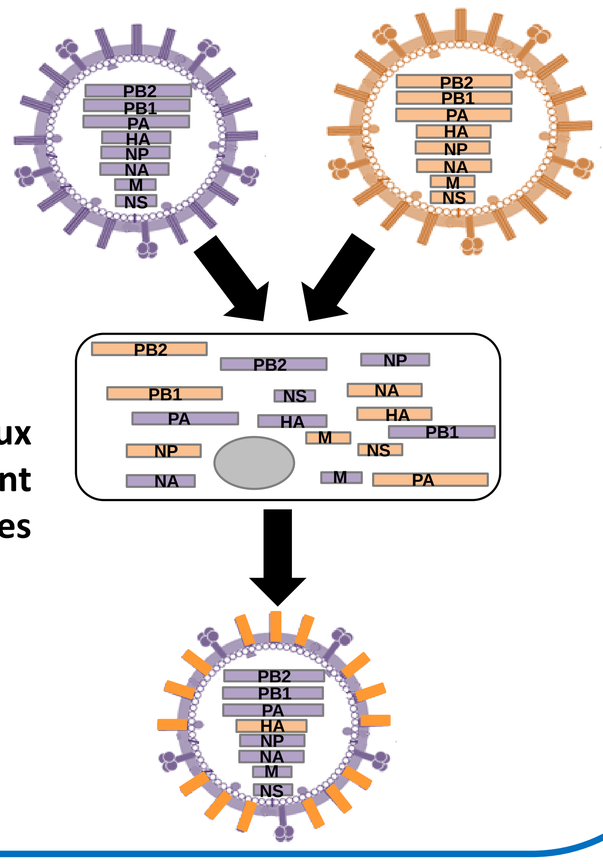

**Le nom « H1N1 » fait référence aux types de deux protéines présentes à la surface du virus, l'hémagglutinine de type 1 et la neuraminidase de type 1.**

## Principe de réassortiment : un mécanisme facilitant les sauts d'espèces

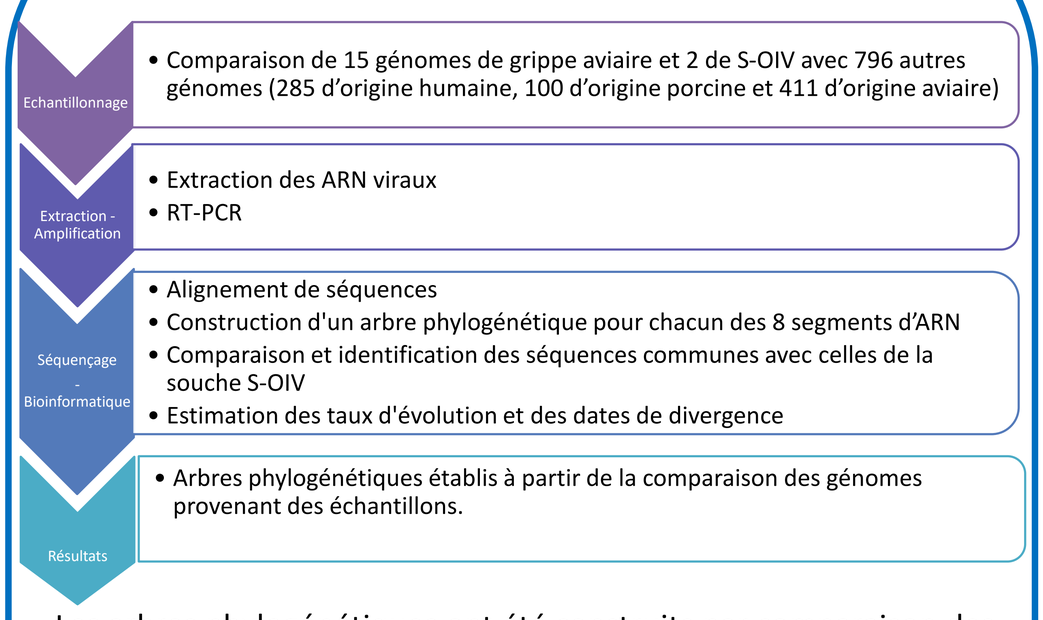
Suite à la co-infection d'une cellule-cible par deux souches différentes du virus Influenza, les nouvelles particules virales produites peuvent contenir une association aléatoire des 8 séquences d'ARN codant les protéines virales citées précédemment.

**Le réassortiment peut conférer aux nouveaux virus de nouvelles propriétés leur permettant d'infecter et de s'adapter à de nouvelles espèces (saut d'espèce hôte).**

**Figure 2. Principe du réassortiment**

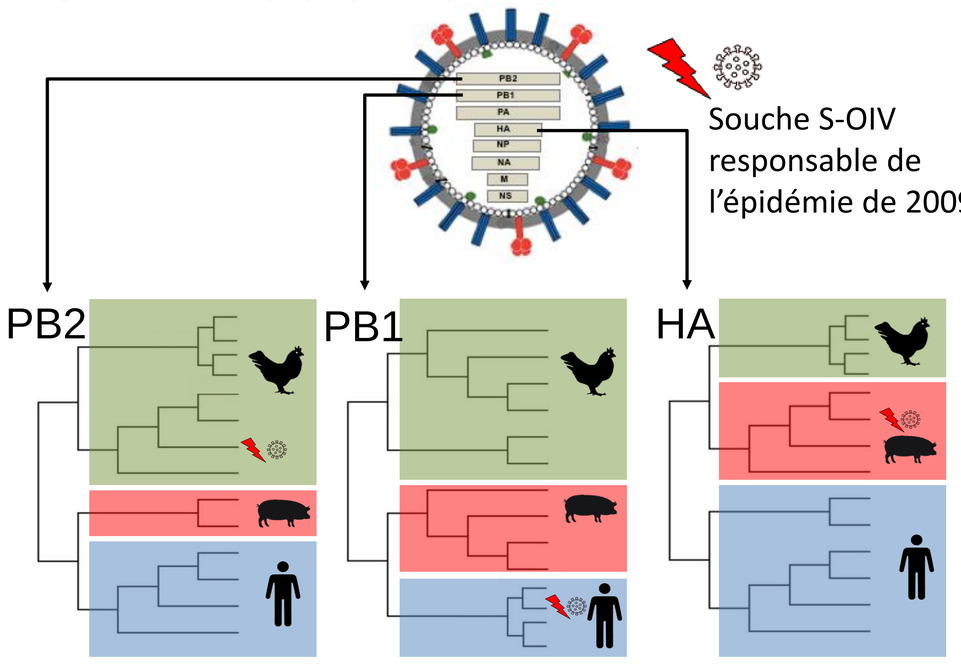



## Approche méthodologique




Les arbres phylogénétiques ont été construits par comparaison des séquences de la souche S-OIV ( ) avec les séquences de virus d'origine aviaire ( ), porcine ( ), et humaine ( ). Cette procédure a été réalisée pour chacun des 8 segments d'ARN, dont 3 exemples (PB2, PB1, HA) sont schématisés ci-dessous.

**Figure 3. Arbres phylogénétiques**




La lecture de ces arbres permet de comprendre que le virus à l'origine de l'épidémie contient :

- le segment PB2 provenant d'un virus aviaire ;
- le segment PB1 provenant d'un virus humain ;
- le segment HA provenant d'un virus porcin.

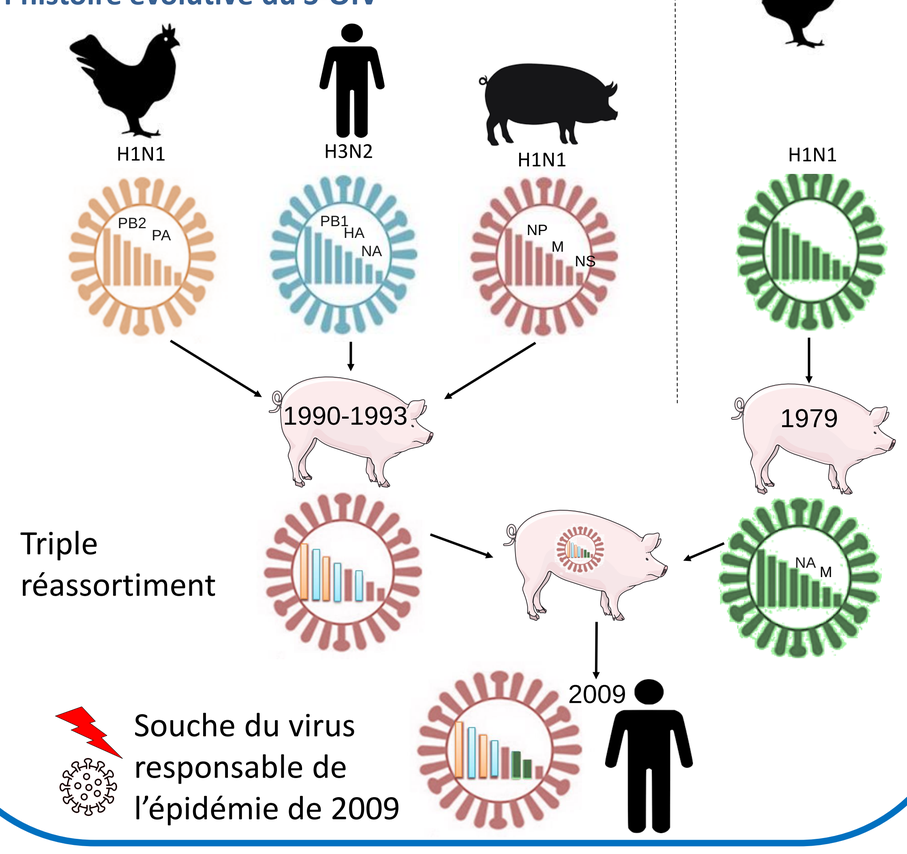
## Bilan de l'étude

La grippe dite "porcine" de 2009-2010 a été causée par un virus issu d'un réassortiment complexe. Ce virus "H1N1" particulier est composé de gènes dérivés de populations virales aviaires, porcines et humaines. En examinant des échantillons dans le temps et l'espace, les auteurs ont pu identifier les sources des huit gènes viraux et dater les différents événements de divergence des gènes. Ils ont conclu que :

- PB2 et PA étaient d'origine aviaire,
- PB1 provenait d'un virus humain,
- HA, NP et NS provenaient d'un groupe de virus d'origine porcine,
- NA et M provenaient de virus de type aviaire présents dans les populations porcines d'Eurasie.

## Histoire évolutive du S-OIV

**Figure 4. Reconstruction schématique de l'histoire évolutive du S-OIV**




## Conclusion

Contrairement à ce qui était attendu, le virus triple-réassorti à l'origine de cette épidémie était présent et circulait déjà dans différentes zones géographiques.

Les échanges commerciaux d'animaux d'élevage entre l'Eurasie et l'Amérique du Nord ont donc facilité le brassage de diverses souches de virus de porc conduisant aux évènements des réassortiments multiples associés à l'émergence de l'épidémie humaine en Amérique du Nord.

**Ces résultats illustrent bien le concept « One Health » dans la mesure où une épidémie humaine peut avoir pour origine des maladies qui circulent chez les animaux sauvages ou domestiques. Prévenir de futures épidémies humaines requiert la surveillance sanitaire des espèces animales et un changement des pratiques d'élevage.**