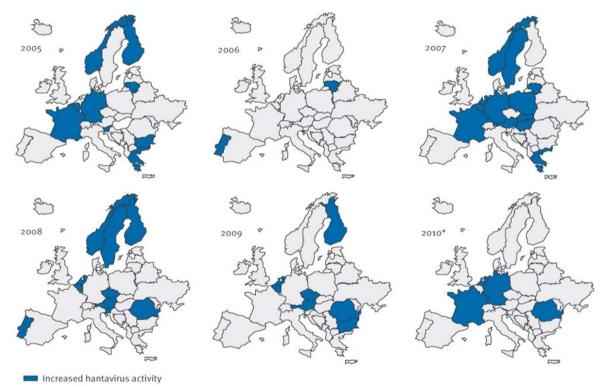


NÉPHROPATHIE ÉPIDÉMIQUE (NE)

NE : Forme modérée de la <u>f</u>ièvre <u>h</u>émorragique à <u>s</u>yndrome <u>r</u>énal (FHSR).

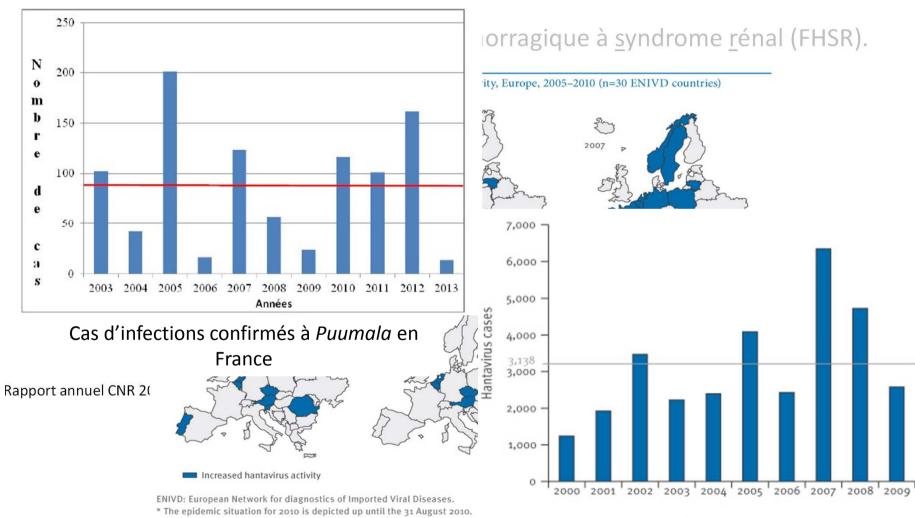




ENIVD: European Network for diagnostics of Imported Viral Diseases.

^{*} The epidemic situation for 2010 is depicted up until the 31 August 2010.

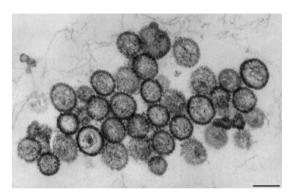
NÉPHROPATHIE ÉPIDÉMIQUE (NE)



Expansion géographique et augmentation des

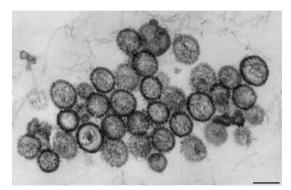
Cas d'infections à hantavirus en Europe

Heyman et al. (2011)



Hantavirus Puumala

HANTAVIRUS PUUMALA (PUUV): responsable de la NE Virus à ARN négatif, famille des *Bunyaviridae*



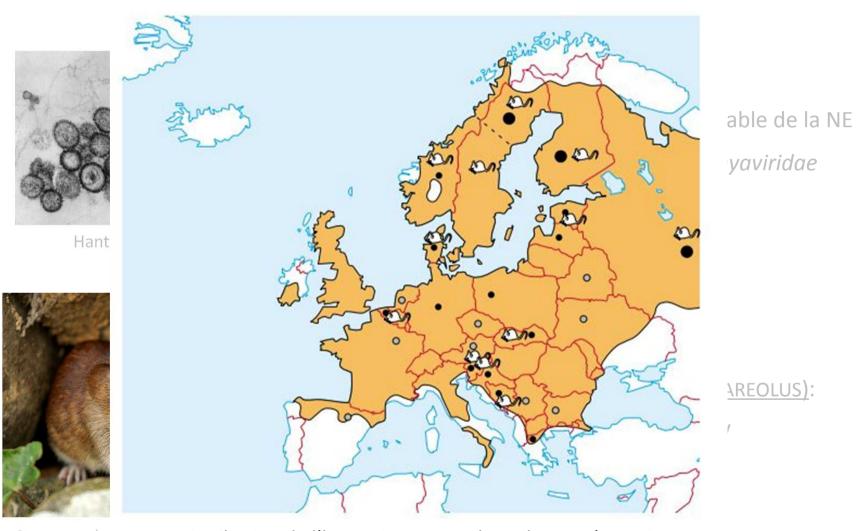
Hantavirus Puumala



Campagnol roussâtre (M. glareolus)

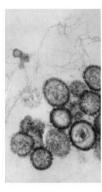
HANTAVIRUS PUUMALA (PUUV): responsable de la NE Virus à ARN négatif, famille des *Bunyaviridae*

<u>CAMPAGNOL ROUSSÂTRE (MYODES GLAREOLUS)</u>:
réservoir principal de PUUV



Campagnol roussa

Distribution de l'hantavirus Puumala et de son réservoir *M. glareolus* en Europe





able de la NE yaviridae

AREOLUS):

Distribution des cas d'infections à Puumala en France

Campagnol roussâuc (1711. grancoras)

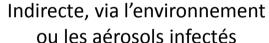
TRANSMISSION DE PUUV

ENTRE RONGEURS

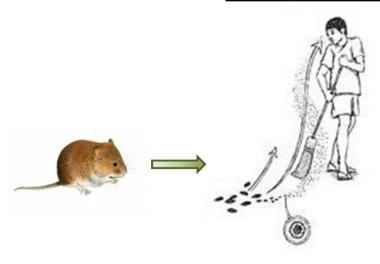
Transmission horizontale uniquement



Directe, par contact ou morsures



Du Rongeur à L'Homme



Via inhalation d'aérosols infectés, provenant de fèces et d'urines infectés

CONSÉQUENCES DE L'INFECTION À PUUV

CHEZ L'HOMME

⇒ Possible apparition de symptômes cliniques

CONSÉQUENCES DE L'INFECTION À PUUV

CHEZ L'HOMME

⇒ Possible apparition de symptômes cliniques

CHEZ LE RONGEUR

Infection chronique et asymptomatique

- ⇒ Légère diminution de la survie hivernale des individus en zone de forte endémie
- ⇒ Existence d'un coût énergétique

CONSÉQUENCES DE L'INFECTION À PUUV

CHEZ L'HOMME

- - → Possible apparition de symptômes cliniques

CHEZ LE RONGEUR

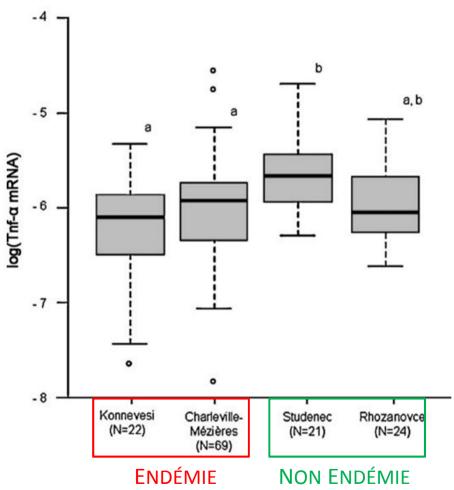
Infection chronique et asymptomatique

- ⇒ Légère diminution de la survie hivernale des individus en zone de forte endémie
- ⇒ Existence d'un coût énergétique

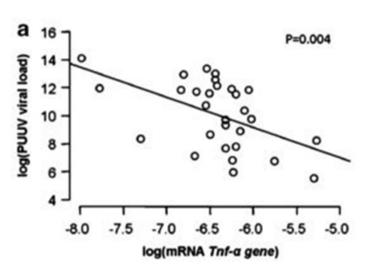


TOLÉRANCE À PUUV?

PUUV ET LA RÉPONSE IMMUNITAIRE DES RONGEURS



Différences géographiques de l'expression du gène $Tnf-\alpha$



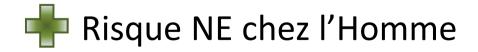
Relation négative entre la charge virale de PUUV et l'expression du gène $Tnf-\alpha$

Guivier et al. (2010) Guivier et al. (2014)

PUUV ET LA RÉPONSE IMMUNITAIRE DES RONGEURS







PUUV ET LA RÉPONSE IMMUNITAIRE DES RONGEURS



Tolérance à PUUV



Variabilité génétique des rongeurs?



Persistance et transmission du virus



Variabilité spatiale des cas de NE?



Risque NE chez l'Homme

AXE I : GÉNOMIQUE ET SÉLECTION

AXE II: VIROLOGIE ET EXPÉRIMENTATION

Recherche des régions génomiques évoluant sous sélection en réponse à l'infection par PUUV Mise en évidence et analyse de la tolérance de campagnols de zone endémique et non-endémique

AXE I : GÉNOMIQUE ET SÉLECTION

AXE II : VIROLOGIE ET EXPÉRIMENTATION

Recherche des régions génomiques évoluant sous sélection en réponse à l'infection par PUUV Mise en évidence et analyse de la tolérance de campagnols de zone endémique et non-endémique

AXE I : GÉNOMIQUE ET SÉLECTION AXE II : VIROLOGIE ET EXPÉRIMENTATION

Recherche des régions génomiques évoluant sous sélection en réponse à l'infection par PUUV Mise en évidence et analyse de la tolérance de campagnols de zone endémique et non-endémique

Tester l'hypothèse de la tolérance

Identifier les facteurs :

<u>Intrinsèques</u> : réponse immunitaire

Extrinsèques : Endémie de la région

étudiée, souches différentes de PUUV

AXE I : GÉNOMIQUE ET SÉLECTION AXE II : VIROLOGIE ET EXPÉRIMENTATION

Recherche des régions génomiques évoluant sous sélection en réponse à l'infection par PUUV Mise en évidence et analyse de la tolérance de campagnols de zone endémique et non-endémique

Tester l'hypothèse de la tolérance

Identifier les facteurs :

<u>Intrinsèques</u> : réponse immunitaire

<u>Extrinsèques</u> : Endémie de la région

étudiée, souches différentes de PUUV

Comprendre la variabilité spatiale du virus et des cas de NE

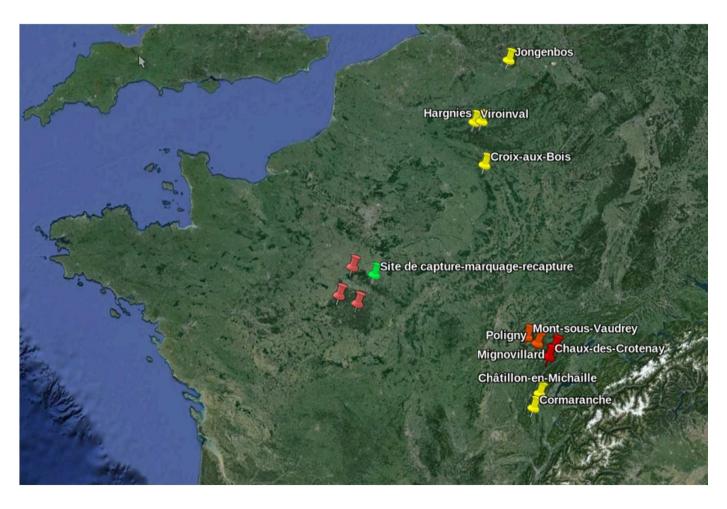
DÉTECTION DES SIGNATURES DE LA SÉLECTION Échantillonnage

Transects d'échantillonnage parcourant les zones d'endémie et de nonendémie à PUUV

<u>INTÉRÊT</u>

Possible identification des facteurs génétiques influençant l'issue des interactions rongeur / virus

<u>DÉTECTION DES SIGNATURES DE LA SÉLECTION</u> <u>Échantillonnage</u>



DÉTECTION DES SIGNATURES DE LA SÉLECTION Scans génomiques

Détection des signatures de la sélection par scan génomique

Détection des gènes sous sélection en se basant sur les fréquences des SNP (Single Nucleotide Polymorphism) dans les populations

Variabilité du génome décrite grâce au séquençage haut-débit "RAD"

Détection rapide de milliers de sites polymorphes (SNP) sans *a* priori

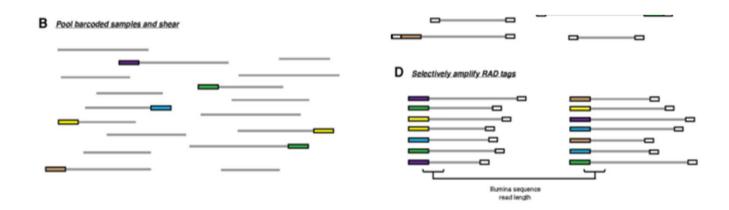
SNP: variation d'une paire de base du génome entre individus d'une même espèce

DÉTECTION DES SIGNATURES DE LA SÉLECTION Scans génomiques

A Ligate P1 Adapter to digested genomic DNA

C Ligate P2 Adapter to sheared fragments

Traitement des individus échantillonnés en mélange populationnel (40 individus en moyenne)



DÉTECTION DES SIGNATURES DE LA SÉLECTION Scans génomiques

Validation de cette technique sur des campagnols de populations suédoises Obtention de 100 à 200 millions de séquences de 500-600 pb Identification de 100 000 SNP Identification de ce<mark>rta</mark>ins gène<mark>s l</mark>iés à l'infection à PUUV (*Tnf*)

DÉTECTION DES SIGNATURES DE LA SÉLECTION Scans génomiques

Validation de cette technique sur des campagnols de populations suédoises Obtention de 100 à 200 millions de séquences de 500-600 pb Identification de 100 000 SNP Identification de certains gènes liés à l'infection à PUUV (*Tnf*) **CEPENDANT**

DÉTECTION DES SIGNATURES DE LA SÉLECTION Scans génomiques

Validation de cette technique sur des campagnols de populations suédoises

Obtention de 100 à 200 millions de séquences de 500-600 pb

Identification de 100 000 SNP

Identification de certains gènes liés à l'infection à PUUV (*Tnf*)

CEPENDANT

Annotation non satisfaisante de la plupart des gènes (90%)

Vérification du fait que les SNP ne sont pas sur des chromosomes sexuels : possible biais dans les fréquences des SNP de la population

Réalisation de banques individuelles de 12 mâles et 3 femelles (Ardennes et Suède)

DÉTECTION DES SIGNATURES DE LA SÉLECTION Scans génomiques

Validation de cette technique sur des campagnols de populations suédoises

Obtention de 100 à 200 millions de séquences de 500-600 pb

Identification de 100 000 SNP

Identification de certains gènes liés à l'infection à PUUV (*Tnf*)

CEPENDANT

Annotation non satisfaisante de la plupart des gènes (90%)

 Vérification du fait que les SNP ne sont pas sur des chromosomes sexuels : possible biais dans les fréquences des SNP de la population

Réalisation de banques individuelles de 12 mâles et 3 femelles (Ardennes et Suède)

MEILLEURE ANALYSE DES PROCHAINS SCANS GÉNOMIQUES

M. GLAREOLUS TOLÉRANT À PUUV ? Objectifs

TEST DE L'HYPOTHÈSE DE LA TOLÉRANCE

Analyse des interactions entre *M.* glareolus et PUUV



Variabilité spatiale des interactions M. glareolus et PUUV



Importance de la réponse inflammatoire ?

Zone d'endémie / Zone de non-endémie

M. GLAREOLUS TOLÉRANT À PUUV ? Objectifs

TEST DE L'HYPOTHÈSE DE LA TOLÉRANCE

Analyse des interactions entre *M. glareolus* et PUUV



Variabilité spatiale des interactions M. glareolus et PUUV



Importance de la réponse inflammatoire ?

Zone d'endémie / Zone de non-endémie



Analyses corrélatives entre génétique du campagnol et infection à PUUV Vérification des résultats impliquant l'expression du gène *Tnf* ou le gène du *Mhc-Dqa*

INFECTIONS EXPÉRIMENTALES

Suivi de la dynamique de l'infection des paramètres immunitaires de la valeur sélective des individus

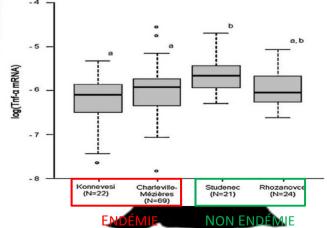
M. GLAREOLUS TOLÉRANT À PUUV ? En populations naturelles

Lorsqu'un campagnol est infecté par le virus

L

Développement d'une réponse pro-inflammatoire : production d'interférons, interleukines, Tnf...

Vérification des patrons observés dans les Ardennes



M. GLAREOLUS TOLÉRANT À PUUV ? En populations naturelles

Utilisation des campagnols non-infectés par le virus (pas d'effet confondant de l'infection)

Étude de la variabilité de la mise en place de la réponse inflammatoire selon l'endemie de la zone

Quantification de la reconstitution matter sur le sérum

ZONE D'ENDÉMIE

ZONE DE NON-ENDÉMIE

Analyses de la tives

Séquençage du virus trouvé dans les organes des animaux séropositifs échantillonnés sur le terrain



Quelle souche est présente sur la zone étudiée ? Replacement dans la phylogénie

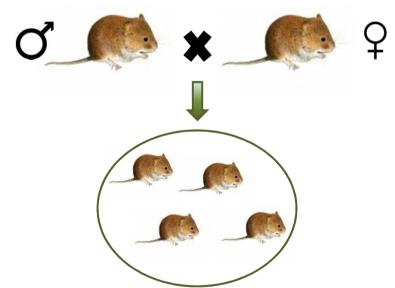
Tentatives d'isolement du virus à partir des organes ayant la plus forte charge virale (tropisme dirigé vers foie et poumons)



Infections expérimentales des campagnols

ÉLEVAGE DES CAMPAGNOLS

Juvénile non-infecté (Jura ou Lyon)



(Jura ou Lyon)

Juvénile non-infecté

Infection de la F1

Souche sauvage du Jura ou souche Soktamo Inoculation d'une dose contrôlée et similaire, intra-nasale, sous-cutanée ou intra-péritonéale

Suivi clinique et différents prélèvements (sang, urine, fèces) post-inoculation



Mesure du coût de l'infection sur la valeur sélective (paramètres physiques / physiologiques)

Étude de l'expression des gènes identifiés sous sélection tout au long de l'infection

long de l'infection

M. GLAREOLUS TOLÉRANT À PUUV ? Infections expérimentales

Suivi clinique et différents prélèvements (sang, urine, fèces) post-inoculation



Pour un campagnol de zone endémique : impact moindre de l'infection sur sa valeur sélective que pour un campagnol de zone non-endémique



Validation de l'hypothèse de la tolérance du campagnol

Sacrifice de certains campagnols au cours de l'étude



Prélèvement du foie et des poumons et quantification de la charge virale

Étude de la diversité virale intra-hôte : présence de quasi espèces ?

