

Diversité génétique du virus de l'hépatite virale du lièvre (EBHS) et propagation de la maladie

L'hépatite virale (ou EBHS : *European brown hare syndrom*) est la première cause de mortalité des lièvres analysés par le réseau d'épidémiologie-surveillance de la faune sauvage SAGIR. Même si on ne connaît pas encore très bien son impact réel sur la dynamique des populations, cette maladie provoque épisodiquement des mortalités suffisamment importantes pour que le nombre de cadavres découverts sur leur territoire inquiète les gestionnaires. Un des objectifs est donc de mieux comprendre les conditions qui déterminent l'impact de l'EBHS afin de pouvoir préconiser des recommandations de gestion qui le prennent en compte.

Un des premiers volets de cette thématique de recherche consiste à vérifier qu'il est possible de doser les anticorps anti-EBHSV dans du sang prélevé sur un papier buvard. L'estimation de la proportion d'animaux porteurs d'anticorps facilite en effet la compréhension d'une maladie. Le travail réalisé a mis en évidence une légère sous-estimation du titre mais sans remettre en cause l'intérêt majeur de cette technique de prélèvement pour des études sérologiques de terrain.

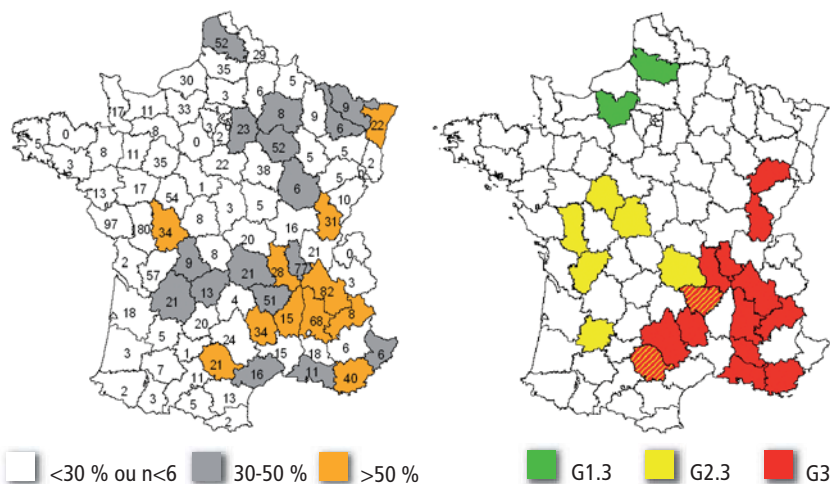
Un autre axe de recherche a été mis en place à partir de 2005, à la suite de l'épidémie constatée l'année précédente dans le sud-est de la France. En effet, en 2004, le nombre de lièvres analysés par le réseau SAGIR et la proportion dont la cause de mort supposée (autopsie) ou confirmée (virologie) était l'EBHS furent plus importants que lors des années précédentes (plus de 1 700 analyses dont plus de 30 % des morts dues à l'EBHS en 2004, environ 1 200 et 20 % les années précédentes). La répartition spatiale des cas d'EBHS à l'échelle de la France montre que cette augmentation de la prévalence de la maladie en 2004 a principalement été due à une épidémie importante dans plusieurs départements du sud-est du pays. Notre objectif était de décrire cette épidémie et de comprendre les raisons pour lesquelles les mortalités dues à l'EBHS avaient été plus importantes cette année-là dans ces régions-là. Un premier élément important est que la prévalence de la maladie en France a été faible en 2003. La proportion de lièvres immunisés en début d'année 2004 était donc

vraisemblablement limitée, ce qui a sans doute facilité l'émergence de mortalités importantes. De plus, même si la littérature scientifique sur l'EBHS ne mentionne pas de lien potentiel entre le type de souche virale et l'impact démographique de la maladie, nous avons formulé l'hypothèse que l'épidémie de 2004 pouvait avoir été la conséquence de la propagation d'un nouveau génotype d'EBHSV, plus virulent ou moins sensible à l'immunité induite par les génotypes précédents. Nous avons séquencé une partie du gène de capsid de 88 souches virales prélevées en 2004 en France et comparé ces séquences avec celles de 169 souches virales collectées entre 1989 et 2003, préalablement analysées par l'AFSSA. Conformément à notre hypothèse, nous avons mis en évidence un nouveau génotype en 2004 dans le quart sud-est de la France (*figure 1*) (Guitton *et al.*, 2007 ; Le Gall-Reculé *et al.*, 2007).

Par ailleurs, en examinant la répartition géographique et la propagation des trois génotypes apparus depuis 1989, on constate que les nouveaux génotypes se propagent et remplacent progressivement les anciens. Alors qu'il était présent sur tout le territoire en 1989, le génotype 1 n'a plus été détecté que dans la moitié nord de la France en 2002 et seulement dans l'extrême nord-ouest en 2004, remplacé progressivement par le génotype 2. De même, le génotype 2 est absent du quart sud-est depuis l'émergence du génotype 3 en 2004.

Enfin, un travail de modélisation mathématique a été engagé pour mieux comprendre comment l'intensité de l'immunité croisée entre différentes souches virales peut influencer leurs successions temporelle et spatiale et leur impact démographique.

Ces résultats apportent des éléments nouveaux sur la façon dont se propagent les souches virales et sur les raisons pour lesquelles les mortalités induites par l'EBHS sont parfois plus fortes que les années précédentes. Leur publication est en cours.



Références – Guitton J.-S., Le Gall-Reculé G., Puech C., Zwingelstein F., Portejoie Y., Ruvoen-Clouet N. & M.-E. Terrier. 2007. Was a new EBHSV genotype responsible for unusual wild hares mortalities observed in south-eastern France during the fall 2004? Ecology and management of wildlife diseases conference, York: 42 (poster).

Le Gall-Reculé G., Zwingelstein F., Portejoie Y., Péroux R. & J.-S. Guitton. 2007. Mise en évidence d'un nouveau génotype d'EBHSV suite à des mortalités inhabituelles de lièvres bruns dans l'est et le sud-est de la France à l'automne 2004. *Virologie*, 11: S72-S73.