
Le virus West Nile: Diversité génétique et Compétence vectorielle au Sénégal

Gamou Fall*¹, Cheikh Loucoubar*¹, Mawlouth Diallo*¹, Ousmane Faye*¹, and Amadou Alpha Sall*¹

¹Docteur (Dr) – Institut Pasteur de Dakar 36 Avenue Pasteur BP220 Dakar, Sénégal

Résumé

Le virus West Nile (VWN) appartient à la famille des Flaviviridae et son cycle de transmission fait intervenir les oiseaux et les moustiques généralement du genre *Culex*. L'Homme et d'autres mammifères sont considérés comme des hôtes accidentels. Les symptômes chez l'Homme vont d'un syndrome pseudo-grippal à des atteintes neurologiques sévères. Le VWN est l'arbovirus (**arthropod borne-virus**) le plus répandu dans le monde, et présente une grande diversité génétique exprimée au moins en 8 lignées dont 4 (1, 2, 8 et Koutango) circulent en Afrique, particulièrement au Sénégal. La fièvre à West Nile est une maladie émergente qui a connu une grande percée en 1999 avec son introduction à New York. En Amérique comme en Europe, des émergences du VWN sont notées avec un impact sur la santé humaine et animale. Par contre en Afrique, le VWN semble avoir un effet mineur malgré des isollements du virus à partir de moustiques et vertébrés sauvages. Afin de comprendre les facteurs qui sous-tendent les modes de transmission et les émergences, la diversité génétique du VWN, et la compétence vectorielle de *Culex neavei* et *Culex quinquefasciatus* ont été étudiées en Afrique. Pour cela, les génomes viraux ont été amplifiés par des RT-PCR chevauchantes en utilisant des amorces spécifiques, et les produits obtenus ont été séquencés et analysés. Les moustiques ont été nourris avec un repas de sang contenant du VWN appartenant aux différentes lignées circulant en Afrique puis incubés pendant 4, 8, 12, ou 15 jours à 27°C. Les échantillons ont été analysés par RT-PCR et immuno-fluorescence. L'analyse phylogénétique basée sur des génomes partiels ou complets montre une grande diversité génétique, et suggère une interconnexion entre les amplifications en Afrique et l'émergence en Europe du VWN. L'analyse de la compétence vectorielle montre que la lignée 1, qui est la seule présente partout dans le monde est transmise par les deux espèces de *Culex* testées, alors que la lignée 8 est transmise uniquement par *Culex neavei*. Les lignées 2 et Koutango ne sont pas transmises, ce qui suggère un impact de la diversité génétique entre ces lignées sur la compétence vectorielle. Toutefois, en tenant compte du taux de survie, les populations de moustiques du Sénégal semblent inefficaces pour la transmission du VWN. Cela pourrait ainsi expliquer le faible impact du VWN en Afrique, particulièrement au Sénégal. Néanmoins, la surveillance du VWN devrait être renforcée pour mieux connaître l'épidémiologie et l'impact en Afrique.

Mots-Clés: virus West Nile, moustiques *Culex*, diversité génétique, compétence vectorielle

*Intervenant