

# Diversité génétique des Lyssavirus.

C. Bahloul (3), H. Badrane (1), D. Sacramento (1), A. Fayaz (4), E. Loza-Rubio (5),  
A. Aguilar-Sétien (6), K. Bachir (2), H. Bourhy (2) & N. Tordo (1)

1. Laboratoire de Lyssavirus, Institut Pasteur, Paris, France.

2. Unité de la Rage, Institut Pasteur, Paris, France.

3. Institut Pasteur de Tunis, Tunisie.

4. Institut Pasteur de Téhéran, Iran.

5. INIFAP, Mexico, Mexique.

6. IMMS, Mexico, Mexique.

3e colloque du réseau international des Instituts Pasteur et instituts associés. 14-15 octobre 1999, Institut Pasteur de Paris.

## Summary: Genetic diversity of Lyssavirus

*Rabies is a zoonosis of which the archaeological agents belong to the Lyssavirus species. Seven genotypes are known to exist. The isolates are grouped according to a) their geographical origin, b) historical context, c) type of vector. In parts of the world where several epidemic cycles exist, practical tools have been developed in order to distinguish between them more easily. Vaccine strains - all of which have been elaborated from genotype 1 - offer little or no protection against the other genotypes. It is thus necessary to work on extending vaccine coverage.*

zoonosis  
rabies  
Lyssavirus  
genetics

zoonose  
rage  
Lyssavirus  
génétique

La rage est une zoonose dont les agents étiologiques sont regroupés au sein du genre *Lyssavirus*. On distingue sept génotypes. Le génotype 1, de distribution mondiale, comprend les virus de rage classique. Les autres génotypes correspondent aux virus africains (2 = Lagos bat ; 3 = Mokola ; 4 = Duvenhage), européens (5 = virus de chauves-souris européennes de type 1 "EBL1"; 6 = EBL2) ou australiens (7 = virus de chauves-souris australiennes) apparentés à la rage. La pérennité de la rage repose sur l'étroite complémentarité entre chaque variant de *Lyssavirus* et son espèce animale "vectrice" impliquant des aspects moléculaire, physiologique, comportemental et environnemental. Les bases moléculaires de cette coadaptation ont été étudiées plus particulièrement sur virus de rage classique (génotype 1) qui permet le plus riche panel au niveau géographique et des espèces vectrices. Les relations phylogénétiques obtenues ont permis de spéculer sur l'origine des variants perpétuant les grands cycles épidémiologiques actuels. Les isolats se regroupent en fonction : (1) de leur origine géographique ; (2) du contexte historique : en Afrique, Asie et Amérique, certains variants sont proches du groupe européen et probablement liés à la période

coloniale, d'autres correspondent à des souches autochtones ; (3) de l'espèce vectrice : les variants de chauve-souris vampire ou de renard arctique sont très adaptés à leur hôte et demeurent liés phylogénétiquement en dépit d'une grande dispersion géographique. Dans les régions du monde où coexistent plusieurs cycles épidémiologiques, des outils pratiques ont été développés pour les distinguer aisément. Par exemple, une méthode par RT-PCR-RFLP distinguant les variants de chien (rage terrestre d'origine européenne) et de vampires (rage aérienne autochtone), qui coexistent sans échange apparent en Amérique latine, a été développée. L'usage extensif de ce type d'outil par nos collaborateurs mexicains a révélé l'existence de variants autochtones circulant chez les carnivores sauvages (notamment les mouffettes) jusqu'alors ignorés en raison de l'omniprésence de la rage canine, mais qui pourraient être à l'origine de cycles épidémiologiques futurs. Les souches vaccinales, toutes issues du génotype 1, ne protègent pas ou peu contre les autres génotypes. Il est donc nécessaire de travailler à étendre la couverture vaccinale. Les progrès réalisés dans ce domaine par vaccination ADN seront présentés.