

> de chacune des deux souches qui les ont infectés. Ils ont alors inclus ces deux génomes dans une imposante base de données rassemblant 131 génomes de souches actuelles et des 2^e et 3^e pandémies, issues du monde entier (surtout l'Europe, le Moyen et l'Extrême Orient). La phylogénie résultante est d'une grande précision. Les deux génomes sont proches et leur branche commune s'enracine entre deux branches asiatiques, loin des souches responsables des 2^e et 3^e pandémies. En d'autres termes, la peste de Justinien et la mort noire sont deux épidémies indépendantes, signe que la maladie a émergé plusieurs fois chez les humains.

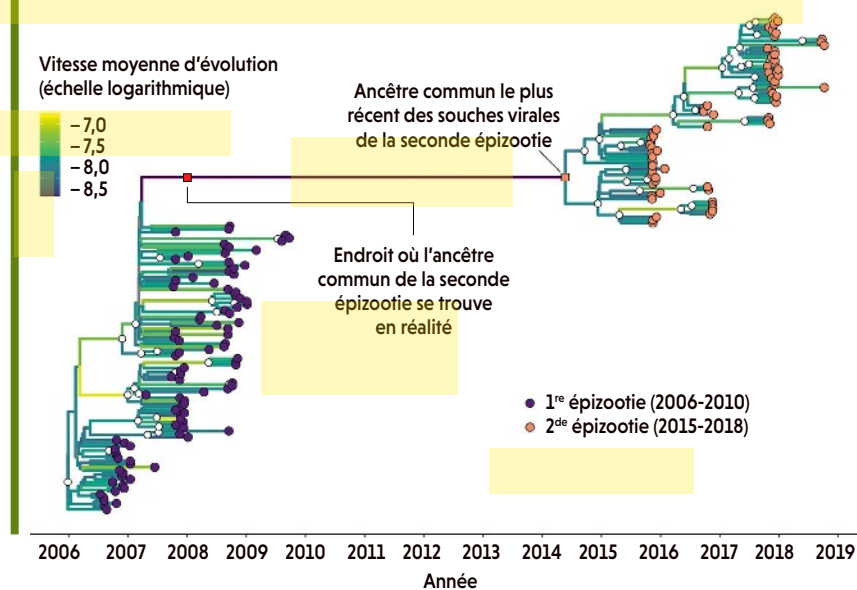
Récemment, une autre équipe allemande autour de Marcel Keller, de l'institut Max-Planck à Iéna, a encore étoffé les données. Cette fois, ce sont 21 sites nécrologiques distribués en Europe (Allemagne, Autriche, Grande-Bretagne, France, Espagne) qui ont permis la reconstruction de huit génomes du bacille. Ces derniers présentent de légères différences, mais se rassemblent en un seul groupe qui prend place entre les groupes chinois, la souche la plus proche étant originaire du Kirghizistan et du Xingjiang. Les chercheurs avancent le scénario suivant: *Y. pestis* est originaire de cette région de l'Asie et serait arrivée en Europe soit par l'Iran soit par l'Inde, *via* la mer Rouge. L'enquête se poursuit, mais, selon eux, l'arrivée par l'Inde serait la plus probable en raison de la proximité des souches indiennes et du groupe de huit génomes. D'autant que les relations entre l'Inde et l'Europe se faisaient par la navigation *via* l'océan Indien et la mer Rouge...

HIBERNATUS

L'énigme posée par la maladie de la langue bleue était tout autre. D'origine africaine, cette maladie due à un arbovirus transmis par des moucheron piqueurs (genre *Culicoides*) a atteint épisodiquement l'Europe après la Seconde Guerre mondiale. C'est ainsi qu'en 2006, une épidémie a pris naissance aux Pays-Bas avec un nouveau variant du virus (nommé BTV-8), puis a atteint la Belgique, l'Allemagne, le Luxembourg et la France. Un important travail de médecine vétérinaire a entraîné une éradication de la maladie, après la disparition, en 2010, du dernier foyer en Italie du Nord. Mais en 2015, un nouveau foyer est soudain apparu dans l'Allier et l'épidémie s'est étendue en France jusqu'à atteindre en 2018 l'Italie, l'Allemagne et la Suisse. Comment expliquer cette reprise?

UNE ÉVOLUTION GELÉE

Le virus responsable de la maladie de la langue bleue se diversifie rapidement, car il mute vite, suivant une vitesse constante en première approximation. Pourtant, la phylogénie des épidémies de 2006 et 2015 montre que le virus s'est abstenu d'évoluer entre les deux. Intrigués, des chercheurs ont modélisé une nouvelle phylogénie avec les mêmes données, mais en laissant le virus évoluer pendant ces années. C'est l'arbre ci-dessous, dont l'échelle des temps montre la cohérence.



On a pensé que le virus avait circulé à bas bruit. Cette maladie étant à déclaration obligatoire, certains éleveurs avaient peut-être omis de la signaler. Mais une analyse moléculaire du virus vient de donner une tout autre explication. En effet, une équipe internationale autour de Massimo Palmarini et Roman Biek, de l'université de Glasgow, au Royaume-Uni, a réalisé une phylogénie de 164 génomes de la souche BTV-8 provenant des deux épidémies. Résultat: la phylogénie présente évidemment deux blocs, suivant les deux épidémies. Mais tout se passe comme si le virus n'avait pas évolué entre les années 2010 et 2015 (voir l'encadré ci-dessus)! Une seule explication: le virus a été congelé, puis décongelé... Cet accident est sans doute intervenu durant des décongelations de la semence infectée de taureaux, lors d'inséminations artificielles.

Il est à parier que la phylogénie moléculaire révélera encore bien d'autres histoires du vivant, qu'il s'agisse de l'épidémie de mai-juin 2018 due au virus Ebola en République démocratique du Congo, qui semble aussi due à une souche ayant moins muté que les autres, ou de celle du SARS-CoV-2 humain... ■

BIBLIOGRAPHIE

D. J. Pascall et al., « **Frozen evolution** » of an RNA virus suggests accidental release as a potential cause of arbovirus re-emergence, *Plos Biology*, vol. 18(4), article e300 0673, 2020.

M. Keller et al., Ancient *Yersinia pestis* genomes from across western Europe reveal early diversification during the first pandemic (541-750), *PNAS*, vol. 118(25), pp. 12 363-12 372, 2019.

D. M. Wagner et al., *Yersinia pestis* and the plague of Justinian 541-543 AD: a genomic analysis, *The Lancet Infectious Diseases*, vol. 14, pp. 319-326, 2014.

L'UNIVERS AVANT LE BIG BANG

7 dossiers rédigés par des chercheurs
et des experts sur le sujet

Une lecture adaptée sur écrans

3,99 €



Les *Thema* sont une collection de hors-séries numériques.
Chaque numéro contient une sélection des meilleurs articles
publiés dans *Pour la Science* sur une thématique.

Dans la collection *Thema* découvrez aussi



**Commandez et téléchargez
les numéros en pdf**



Pour lire votre numéro, rendez-vous dans votre compte client



boutique.pourlascience.fr/tous-les-numeros/thema.html