

## Caractérisation génomique et analyse spatio-temporelle de la distribution des arbovirus circulant au Québec : 2002-2015

### CONTEXTE

Les changements climatiques, l'urbanisation agressive, l'intensification de l'utilisation de différents moyens de transport ainsi que le taux de mutation élevé qui caractérise les virus à ARN sont des facteurs importants qui modulent l'émergence des arbovirus dans des territoires non endémiques. Face à l'introduction de nouveaux arbovirus dans les Amériques, tels que le virus Zika et le chikungunya, plus de ressources doivent être investies pour le développement d'une plateforme moléculaire de surveillance des arboviroses.

Les arboviroses étudiées présentent des cycles épidémiologiques complexes incluant des vecteurs moustiques, dont la sensibilité aux changements climatiques a été largement démontrée. L'amélioration des connaissances sur ces systèmes épidémiologiques permettra d'être mieux outillés pour faire face à l'impact des changements climatiques sur ces arboviroses, et notamment sur l'augmentation attendue de leur prévalence au Québec dans les prochaines années.

*Cette étude s'inscrit dans la priorité 6 en matière de soutien à la recherche en adaptation dans le cadre du volet santé du Plan d'action 2013-2020 sur les changements climatiques (PACC).*

### OBJECTIFS

- Identifier et caractériser les génomes des arbovirus chez différentes espèces de moustiques collectées au Québec de 2002 à 2015.
- Analyser l'évolution du génome du virus du Nil occidental (VNO) depuis son apparition au Québec en regard des souches qui circulent aux États-Unis et, à l'aide de ces analyses, élaborer une liste d'hypothèses épidémiologiques pouvant expliquer le patron spatio-temporel de la variabilité des souches de VNO présent au Québec depuis 2002.
- Développer un protocole de séquençage de deuxième génération pour la surveillance des arbovirus.

### DÉMARCHE

Le Laboratoire de santé publique du Québec (LSPQ) possède une collection de moustiques de différentes espèces. Ces moustiques ont été capturés dans le cadre du Programme de surveillance entomologique provincial en réponse à l'émergence du VNO sur le territoire québécois. La détermination des génomes viraux sera effectuée à partir de 96 pools de moustiques à l'aide d'un séquenceur de 2<sup>e</sup> génération. Les séquences nucléotidiques ainsi obtenues seront comparées avec d'autres séquences d'arbovirus issues d'une banque de données publique (Genbank) afin d'établir les liens phylogénétiques entre les virus circulant au Québec et aux États-Unis.

### Organisme responsable

Laboratoire de santé publique du Québec de l'Institut national de santé publique du Québec (LSPQ-INSPQ)

### Responsable du projet

Christian Therrien  
Laboratoire de santé publique du Québec  
20045, chemin Sainte-Marie  
Sainte-Anne-de-Bellevue  
(Québec) H9X 3R5  
Tél. : 514 457-2070, poste 2241  
Courriel :

[christian.therrien@inspq.qc.ca](mailto:christian.therrien@inspq.qc.ca)

### Autres partenaires

- Laboratoire national de microbiologie de l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC)

### Début et fin du projet

Février 2016 à mars 2017



## RETOMBÉES ESCOMPTÉES

Ce projet permettra la mise en place d'outils moléculaires à la fine pointe de la technologie qui pourront être utilisés pour la surveillance de l'ensemble des arbovirus circulants sur le territoire québécois. Ceci constituerait un avancement considérable par rapport aux outils présentement disponibles, qui se limitent à la détection de quelques virus, notamment le VNO.

À la suite de l'analyse des données, un portrait plus juste de la répartition des arbovirus au Québec serait possible. L'investissement dans un programme de surveillance génomique saisonnier pourrait contribuer à diminuer les coûts associés à la morbidité liée à de nouvelles maladies infectieuses endémiques ou en émergence.

Un ou des articles scientifiques évalués par les pairs seront soumis pour publication.

## RÉSULTATS

À venir à la fin du projet.

## RÉFÉRENCES

1. Davis CT, Ebel GD, Lanciotti RS, Brault AC, Guzman H, Siirin M, ... Barrett AD. Phylogenetic analysis of North American West Nile virus isolates, 2001-2004: evidence for the emergence of a dominant genotype. *Virology* [En ligne]. 2005 Nov 25;342(2):252-65. Disponible: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16137736> DOI: 10.1016/j.virol.2005.07.022
2. Mann BR, McMullen AR, Swetnam DM, Barrett, ADT. Molecular epidemiology and evolution of West Nile virus in North America. *Int J Environ Res Public Health* [En ligne]. 2013 Oct;10(10):5111-29. Disponible: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3823310> DOI: 10.3390/ijerph10105111
3. Van Slyke GA, Ciota AT, Willsey GG, Jaeger J, Shi PY, Kramer LD. Point mutations in the West Nile virus (Flaviviridae; Flavivirus) RNA-dependent RNA polymerase alter viral fitness in a host-dependent manner in vitro and in vivo. *Virology* [En ligne]. 2012 May 25;427(1):18-24. Disponible: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22365326> DOI: 10.1016/j.virol.2012.01.036
4. McMullan LK, Frace M, Sammons SA, Shoemaker T, Balinandi S, Wamala JF, ... Nichol ST. Using next generation sequencing to identify yellow fever virus in Uganda. *Virology* [En ligne]. 2012 Jan 5;422(1):1-5. Disponible: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21962764> DOI: 10.1016/j.virol.2011.08.024
5. Moudy RM, Meola MA, Morin LLL, Ebel GD, Kramer LD. A newly emergent genotype of West Nile virus is transmitted earlier and more efficiently by Culex mosquitoes. *Am J Trop Med Hyg* [En ligne]. 2007 Aug;77(2):365-70. Disponible: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17690414>