



# Nouvelles souches virales de RHD et EBHS chez le lapin et le lièvre en 2010

## Quelle propagation ? Comment limiter l'impact ?



© F. Latraube.

© R. Rouxel/ONCFS.

**L'année 2010 a été marquée par de fortes épidémies de RHD et d'EBHS dans le nord-ouest de la France. Alors que l'hypothèse d'une cause commune avait été un temps envisagée, il apparaît que ces événements sont indépendants : l'émergence d'un nouveau virus dans le cas de la RHD, la circulation dans le nord-ouest d'un génogroupe qui avait émergé en 2004 dans le sud-est dans le cas de l'EBHS. Explications.**

### De fortes épidémies dans les populations de lapins et de lièvres

De fortes épidémies de RHD ont été enregistrées à partir de l'été 2010 parmi les populations de lapins sauvages. Elles n'ont éveillé aucun soupçon sur leur origine jusqu'à ce que des cas suspects soient identifiés en élevage.

Fin août 2010, dans le Pas-de-Calais, un cas clinique de RHD a ainsi été rapporté dans un élevage, entraînant plus de 25 %

de mortalité du cheptel reproducteur vacciné et une forte mortalité sur les lapins en engraissement non vaccinés. D'autres cas de RHD ont été répertoriés dont la fréquence a fortement augmenté à partir du mois d'octobre ; de nombreux élevages du nord-ouest de la France, vaccinés ou non, ont alors été infectés.

C'est à partir d'août aussi que des épidémies de RHD ont été enregistrées par le réseau SAGIR chez plusieurs populations de lapins de garenne situées dans les mêmes régions. Pour certaines d'entre elles, les gestionnaires ont estimé que le

**STÉPHANE MARCHANDEAU<sup>1</sup>,  
JEAN-SÉBASTIEN GUITTON<sup>1</sup>,  
ANOUC DECORS<sup>2</sup>,  
GHISLAINE LE GALL-RECULE<sup>3</sup>**

<sup>1</sup> ONCFS, CNERA Petite faune sédentaire de plaine – Nantes.

[cnerapfsp@oncfs.gouv.fr](mailto:cnerapfsp@oncfs.gouv.fr)

<sup>2</sup> ONCFS, Unité sanitaire de la faune Saint-Benoist, Auffargis.

[usf@oncfs.gouv.fr](mailto:usf@oncfs.gouv.fr)

<sup>3</sup> ANSES, Unité VIPAC – Ploufragan.  
[ghislaine.legall-recule@anses.fr](mailto:ghislaine.legall-recule@anses.fr)

taux de mortalité atteignait 80 à 90 %, comme on l'avait déjà observé lors de l'émergence de la RHD à la fin des années 1980.

Parallèlement, des mortalités de lièvres dues à l'EBHS ont été enregistrées en septembre 2010 dans plusieurs départements de la région parisienne. Puis en octobre et novembre dans l'ouest de la France, où la maladie a provoqué des épidémies importantes qui ont alarmé les gestionnaires. Ces mortalités inhabituelles de lapins et de lièvres, notamment dans des élevages, ont fait naître deux interrogations :

- étaient-elles dues à de nouvelles souches virales de RHDV et d'EBHSV ?
- les mortalités chez les deux espèces ayant eu lieu au même moment et dans les mêmes régions, étaient-elles dues à un seul et même virus ?

Les analyses virales réalisées par l'unité VIPAC de l'Anses (Laboratoire de Ploufragan/Plouzané) ont mis en évidence deux

virus différents chez le lapin et le lièvre, écartant l'hypothèse d'une cause commune.

### Une nouvelle souche de RHDV chez le lapin...

Des prélèvements réalisés dans des élevages de lapins à la mi-octobre 2010 ont tout d'abord permis d'identifier une souche virale (appelée « variant RHDV 2010 ») génétiquement différente de celles connues jusqu'à présent, qu'il s'agisse des groupes de RHDV pathogènes ou des groupes non ou peu pathogènes. Durant l'automne 2010, cette souche a été responsable de toutes les épidémies affectant les populations sauvages ayant fait l'objet d'un diagnostic par le réseau SAGIR.

### ... mais une souche d'EBHSV préexistante chez le lièvre

Les analyses des foies de lièvres atteints d'EBHS ont en revanche révélé la présence d'une souche virale déjà connue. Elle appartient à un génogroupe (G3) qui avait été identifié en 2004 dans plusieurs départements du sud-est de la France, à l'occasion d'une épidémie importante.

### Répartition spatiale de la nouvelle souche de RHDV et impact de la maladie

Les cas de RHD observés à l'automne 2010 étaient tous situés dans la moitié nord de la France, et plus principalement dans le nord-ouest. Signalons que les informations recueillies par SAGIR ne permettent pas d'établir une carte de répartition précise du virus, car seuls quelques départements ont effectué des analyses sur des cadavres de lapins de garenne pour rechercher la cause de leur mort. Toutefois, les données recueillies par SAGIR tendent à montrer que cette souche virale s'est largement propagée depuis l'automne 2010 (*figure 1*). Hormis un cas détecté en mars 2011 dans le département des Hautes-Pyrénées, ce variant RHDV 2010 a été mis en évidence dans tous les cas de diagnostic positif RHD pour lesquels nous avons cherché à identifier la souche virale responsable. Les informations recueillies au printemps 2011 suggèrent que cette souche est en train de se propager dans la moitié sud de la France. De nombreux foyers de RHD y sont recensés et le variant viral a déjà été identifié dans le Tarn, d'autres prélèvements étant en cours d'expertise.

#### Glossaire

**EBHS** : *European brown hare syndrome*.

**EBHSV** : virus de l'EBHS.

**Génogroupe** : groupe de virus défini sur la base de leurs caractéristiques génétiques. Au sein de chaque famille de virus (EBHSV et RHDV) on distingue différents génogroupes constitués de souches virales génétiquement proches.

**RHD** : *Rabbit haemorrhagic disease*, maladie appelée communément VHD.

**RHDV** : virus de la RHD.

RHDV en microscopie électronique.

© ANSES.

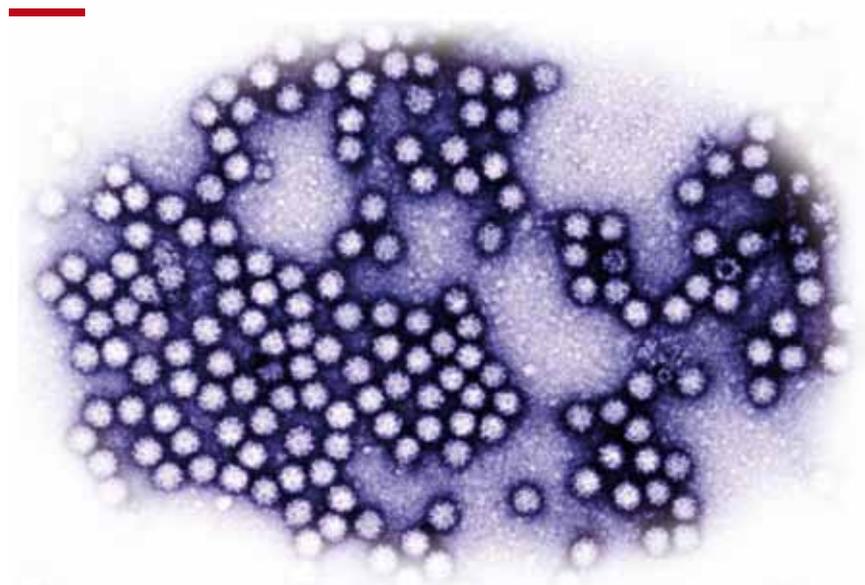
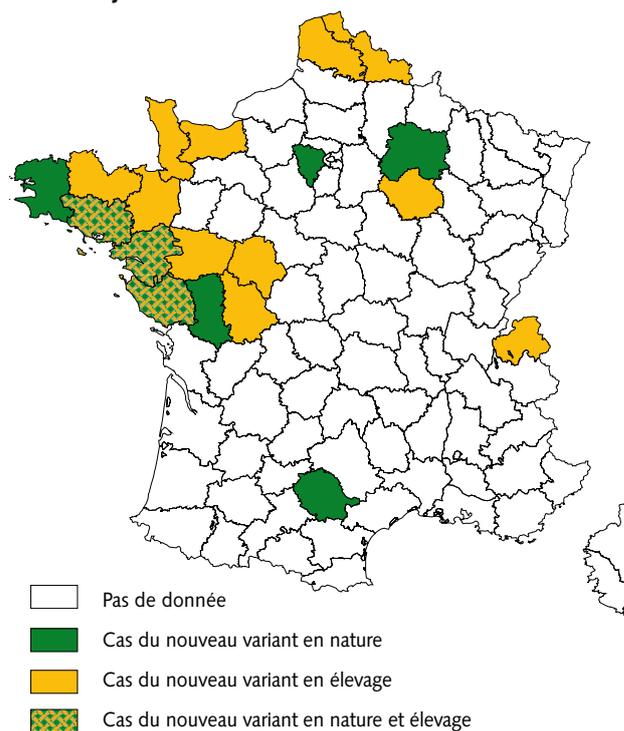


Figure 1

Distribution spatiale des cas de RHD dus au variant RHDV 2010 au 8 juin 2011.



## Un impact très variable...

L'impact de ce virus dans les populations de lapins de garenne est très variable. Certaines populations ont été durement affectées. À titre d'exemples, sur une commune du Finistère, les prélèvements sont passés de 1 000 lapins en 2009-2010 à 450 en 2010-2011. Sur une autre, le prélèvement qui fluctuait entre 1 600 et 2 800 lapins depuis 2005 est tombé à 350 en 2010-2011.

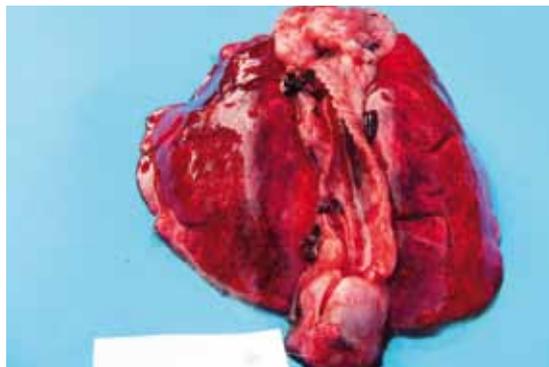
À l'inverse, chez d'autres populations, le passage de ce virus n'a causé que quelques mortalités. Par exemple, des données de comptages récoltées sur deux territoires du Morbihan et sur un autre de Loire-Atlantique, sur lesquels des épidémies dues au variant RHDV 2010 ont été enregistrées, montrent que ces épidémies n'ont pas provoqué de baisse des effectifs.

## La nouvelle souche de RHDV a-t-elle des caractéristiques particulières ?

La caractérisation antigénique en cours montre une faible protection croisée avec les souches virales existantes : l'immunité développée par les lapins contre les autres souches est assez peu efficace contre le variant RHDV 2010 et son efficacité semble être en outre de courte durée. C'est un résultat qui n'avait pas été observé jusqu'à présent puisque l'immunité croisée entre souches était bonne. Ainsi, les vaccins développés lors de l'émergence de la maladie à la fin des années 1980 étaient restés totalement efficaces jusqu'ici.

L'évaluation du pouvoir pathogène de ce virus est en cours. Mais certaines tendances semblent déjà se dégager à la lumière des observations de terrain. Elles devront être vérifiées expérimentalement :

- les symptômes associés au variant RHDV 2010 sont tout à fait comparables à ceux observés avec le RHDV de référence, avec cependant dans certains cas la présence d'un ictere plus prononcé (muqueuses et urine jaune vif chez des lapins âgés de 9-10 semaines) ;



Hémorragie pulmonaire caractéristique des lésions causées par le variant RHDV 2010 chez le lapin.  
© S. Boucher/Labovet Conseils.

- il semble que la sensibilité des lapins âgés de 1-2 mois vis-à-vis de ce virus soit supérieure à celle observée avec les autres souches virales (qui est très faible pour des individus de cet âge) ;

- la variabilité observée de l'impact de cette souche dans les populations sauvages suggère qu'elle aurait perdu de la virulence par rapport aux souches classiques, au moins pour certaines lignées de lapins.

Des travaux récents ont montré une relation entre les caractéristiques génétiques des lapins et leur sensibilité aux différentes souches de RHDV (Nyström *et al*, 2011). Les populations actuelles de lapins de garenne se sont bien souvent reconstituées à partir d'un faible effectif suite aux premières épidémies de RHD. Sachant que les capacités de dispersion du lapin sont faibles pour opérer rapidement un brassage génétique efficace entre populations, il est probable que, dans la majorité des populations, la plupart des individus présentent un profil de sensibilité identique vis-à-vis des virus de la RHD, en lien avec la souche virale ayant

précédemment décimé la population. Il en résulte une faible diversité génétique intra-populationnelle, tous les animaux d'une même population étant les descendants des survivants à une épidémie causée par un même virus, et une forte diversité génétique inter-populationnelle car toutes les populations n'ont pas été décimées par le même type de virus. Cette faible diversité génétique intra-populationnelle est un facteur de risque important vis-à-vis de la RHD. On peut en effet s'attendre à des épidémies dévastatrices lorsque ces populations seront exposées à un virus auquel elles sont particulièrement sensibles. C'est probablement ce qui est observé avec la diffusion du variant RHDV 2010 : certaines populations sont durement touchées, tandis que d'autres résistent en raison de caractéristiques génétiques différentes. Mais les populations ayant bien résisté au variant RHDV 2010 ne sont pas pour autant à l'abri de futures épidémies, qui pourront être provoquées par d'autres souches virales déjà existantes ou susceptibles d'émerger dans les années à venir...



La souche virale d'EBHS qui a sévi en 2010 pourrait avoir été introduite accidentellement dans notre pays il y a quelques années lors de lâchers de lièvres provenant de l'est de l'Europe.  
© F. Latraube.

## Répartition des cas d'EBHS dus au génogroupe G3

Les données collectées par le réseau SAGIR au cours du deuxième semestre 2010 montrent que les départements les plus touchés sont principalement situés dans le nord-ouest de la France (*figure 2*). Cette distribution agrégée des cas d'EBHS n'est pas la règle générale : habituellement, les rares départements dans lesquels plus de 50 % des mortalités sont dues à l'EBHS sont répartis sur l'ensemble du pays. Une concentration des cas est le signe d'une épidémie d'ampleur inhabituelle, comme cela fut par exemple observé en 2004 dans le sud-est. Cette année-là, les analyses effectuées avaient mis en évidence l'émergence du génogroupe G3 précisément dans les départements particulièrement touchés. En 2010, le G3 a été identifié dans tous les prélèvements analysés, issus de départements répartis dans toute la France ; sa répartition géographique ne coïncide donc pas avec celle des mortalités inhabituelles. Par ailleurs, l'analyse récente de prélèvements plus anciens montre que le G3 était déjà présent dans le nord-ouest de la France depuis quelques années.

Nos connaissances des caractéristiques des souches EBHSV sont plus limitées que celles des souches de RHDV. En particulier, nous n'avons pas d'informations sur l'immunité croisée entre souches ou sur leur pathogénicité respective. L'épidémie de 2004 suggérait que les mortalités inhabituelles pouvaient être directement liées à l'émergence d'une nouvelle souche, mais il n'est pas exclu que d'autres causes soient impliquées. On peut par exemple supposer que la faible prévalence de

“ La faible diversité génétique au sein d'une population est un facteur de risque important vis-à-vis de la RHD. ”

l'EBHSV certaines années entraîne une baisse de la protection immunitaire des populations, favorisant le déclenchement d'épidémies les années suivantes par circulation d'une souche connue ou nouvelle.

### D'où proviennent les nouvelles souches ?

L'émergence de nouvelles souches suscite toujours des interrogations sur leur origine. Les analyses génétiques montrent que le variant RHDV 2010 ne résulte ni de l'évolution d'une souche connue (suite à une mutation ou à une délétion d'un élément du code génétique), ni même d'une recombinaison entre plusieurs d'entre elles. Il pourrait provenir de l'évolution d'un virus non pathogène jamais détecté jusqu'à présent. Une autre hypothèse serait un franchissement de barrière d'espèce : ce virus pourrait avoir évolué chez un autre hôte que le lapin et être passé de cet hôte au lapin. Aucun élément ne permet à ce jour de privilégier l'une de ces hypothèses.

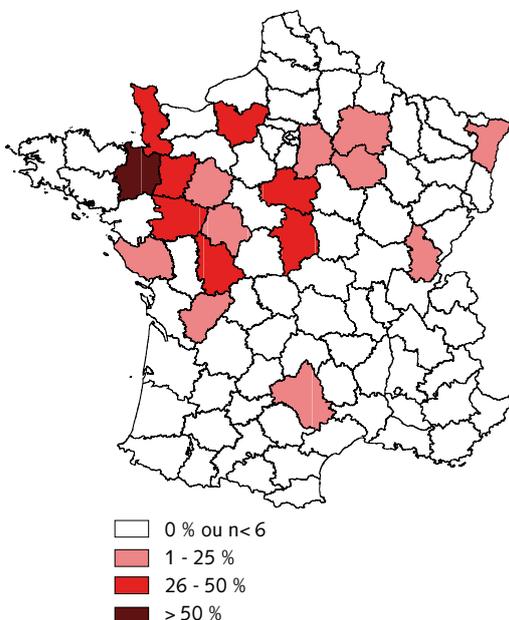
Chez le lièvre, l'hypothèse de souches EBHSV importées d'Europe de l'Est lors de lâchers d'individus issus de ces pays a été également envisagée lors de l'émergence du génogroupe G3 en 2004.

### Et que deviennent-elles ?

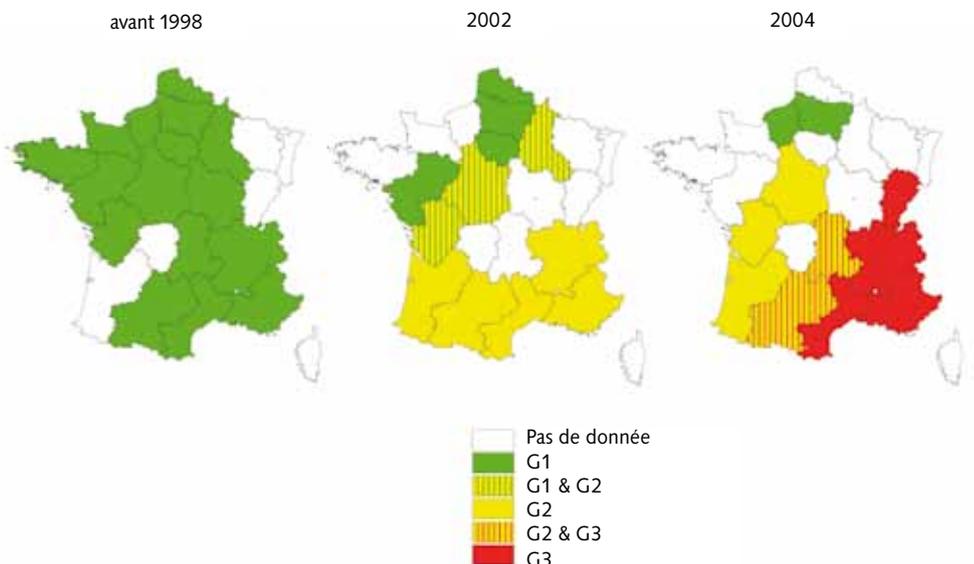
La description des souches de RHDV et d'EBHSV présentes en France depuis le début des années 1990 montre que différents génogroupes se sont succédés dans le temps. Même s'il arrive – épisodiquement – de retrouver des souches anciennes, on constate généralement que les nouveaux génogroupes remplacent les génogroupes préexistants. Ce remplacement a lieu plus rapidement chez le lapin que chez le lièvre, peut-être en lien avec les mouvements de lapins d'élevage à travers le pays.

Chez le lièvre, il est possible de décrire la propagation des génogroupes d'EBHSV. Ainsi, on constate que le G1 était le seul génogroupe présent en France au début des années 1990, au nord comme au sud. En 1998, on note l'émergence du G2 dans le sud-est. Ce génogroupe s'est propagé vers le nord (*figure 3*), remplaçant progressivement le G1 alors cantonné dans le nord. En 2004, le G3 a remplacé à son tour le G2 dans le sud-est. Les analyses réalisées en 2009 et 2010 montrent que le G3 a désormais presque totalement remplacé les G1 et G2 en France.

**Figure 2** Proportion des cas d'EBHS parmi les analyses réalisées par le réseau SAGIR à l'automne 2010.



**Figure 3** Évolution de la distribution spatiale des génogroupes d'EBHSV en France jusqu'en 2004.



## Comment limiter l'impact de ces virus ?

L'impact réel des différentes souches de RHDV et d'EBHSV n'est pas très bien connu. Mais de nombreux gestionnaires de populations ont pu constater des mortalités importantes. Il n'existe pas de solution miracle pour limiter l'impact de ces maladies. Aucune vaccination n'est disponible pour le lièvre et la vaccination des lapins sauvages, préconisée lorsqu'il s'agit d'animaux lâchés, n'a que peu d'utilité dans le cas présent puisque l'efficacité des vaccins commerciaux contre le variant RHDV 2010 semble faible.

Limiter l'impact de ces épidémies nécessite principalement de réduire les prélèvements par la chasse lorsqu'une population est atteinte. Cela implique de détecter les mortalités suffisamment tôt et d'identifier qu'il s'agit d'une épidémie inhabituelle. Lorsqu'une vague épidémique est observée, il peut être bénéfique d'anticiper sa propagation et d'alerter les départements susceptibles d'être touchés. Évidemment, si la plus grande partie des prélèvements de l'année a déjà été réalisée, aucune intervention n'est possible. C'est la raison pour laquelle il n'est pas souhaitable d'ouvrir la chasse trop tôt en saison.

Ainsi, en 2010, la FDC d'Ille-et-Vilaine a décidé de reporter de quinze jours l'ouverture de la chasse au lièvre, initialement prévue mi-octobre. Face à la propagation de la maladie dans l'ensemble du département, elle a finalement décidé de ne pas ouvrir la chasse. Les IKA réalisés l'hiver suivant ont montré une stagnation des effectifs, malgré l'absence de chasse. Compte tenu du niveau des mortalités enregistrées, cette mesure de gestion responsable a donc permis d'éviter une diminution significative de la taille des populations.

Enfin, les études menées en collaboration avec l'Inserm montrent que la résistance à la RHD a une base génétique ; la diversité génétique d'une population est donc un atout pour limiter l'impact d'une souche virale. Dans les populations sauvages de taille suffisante, elle est assurée par les mouvements d'animaux. Mais dans les petites populations isolées et dans les parcs d'élevage, il peut être utile de veiller à cette diversité en intégrant des animaux d'origines différentes (**encadré 1**).

## Perspectives

Un travail est en cours pour être capable de prévoir la propagation des épidémies d'EBHS à partir d'un foyer connu, en lien avec les caractéristiques du



L'efficacité des vaccins commerciaux contre le variant RHDV 2010 semble faible...  
© S. Marchandeu/ONCFS.

“ Il apparaît nécessaire de mettre en place une veille pour identifier l'émergence de nouvelles souches virales. ”

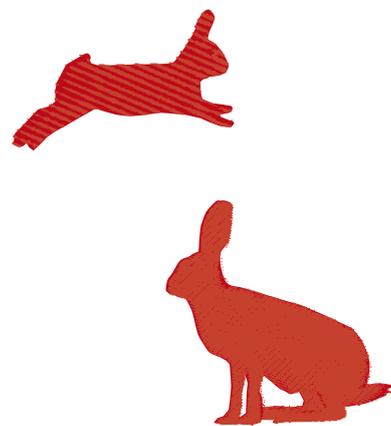
paysage qui influencent les déplacements et les contacts entre populations de lièvres.

Les caractéristiques des souches virales doivent aussi être mieux connues. Des expérimentations sont en cours de développement qui devraient permettre de mieux cerner la pathogénicité du nouveau variant RHDV 2010. Il restera ensuite à déterminer les facteurs responsables de la sensibilité des lapins à ce nouveau virus, à l'image de ce qui a été réalisé pour les souches classiques de RHDV.

En complément du réseau SAGIR, qui détecte les mortalités, il apparaît nécessaire de mettre en place une veille pour identifier l'émergence et suivre la propagation des nouveaux génotypes de RHDV et d'EBHSV. Une collaboration avec l'Anses est engagée dans ce sens.

## Remerciements

Nous tenons à remercier les services techniques des FDC du Finistère, d'Ille-et-Vilaine et du Morbihan pour avoir mis à notre disposition des données sur l'évolution de leurs populations de lièvres et de lapins. Nos remerciements s'adressent également à l'ensemble des acteurs du réseau SAGIR et à Françoise Zwingelstein (Anses) pour le séquençage des souches. ■



## Bibliographie

- Nyström, K., Le Gall-Reculé, G., Grassi, P., Abrantes, J., Ruvoën-Clouet, N., Le Moullac-Vaidye, B., Lopes, A.-M., Esteves, P.-J., Strive, T., Marchandeu, S., Dell, A., Haslam, S.-M. & Le Pendu, J. 2011. Histo-blood group antigens act as attachment factors of rabbit hemorrhagic disease virus infection in a virus strain-dependent manner. *PLoS Pathogens* 7: e1002188 doi:10.1371/journal.ppat.1002188.

## Encadré 1

**RHD et gestion des populations**

Des travaux récents, conduits en collaboration avec une équipe de l'Inserm, ont mis en évidence les mécanismes génétiques de sensibilité/résistance des lapins de garenne aux différentes souches du RHDV. Le groupe sanguin d'un lapin détermine sa sensibilité à la RHD. En effet, une souche donnée de virus de RHDV infecte préférentiellement les lapins présentant un groupe sanguin particulier, donc un profil génétique particulier. Chaque lapin est donc très sensible à certaines souches virales mais moins, voire pas, à d'autres. Ainsi, la composition génétique d'une population, c'est-à-dire la proportion d'individus de chaque groupe sanguin, va déterminer son degré de sensibilité à telle ou telle souche de RHDV. Une population présentant une forte variabilité génétique aura donc beaucoup moins de chances de subir une forte épidémie puisque les lapins ne sont pas tous sensibles aux mêmes types de virus.

Ces résultats nous conduisent à repenser la gestion des populations sauvages mais aussi celle des populations captives en parcs d'élevage. Ces populations se sont généralement constituées à partir d'un nombre réduit d'individus, avec pour conséquence une diversité génétique a priori assez réduite elle aussi. Dans la majorité des populations sauvages, les individus fondateurs sont les survivants d'une forte épidémie de RHD. Ils présentent probablement un profil de sensibilité similaire à la RHD. On peut donc s'attendre à des épidémies dévastatrices lorsque ces populations seront exposées à un virus auquel elles sont particulièrement sensibles. Dans les populations captives, les individus fondateurs sont les quelques sujets introduits à la création du parc. Ils sont bien souvent issus d'une même population. La diversité génétique est donc faible et limitée à la diversité contenue par ces individus fondateurs ; d'où un risque de sensibilité forte de la population à certains types de virus. Notons que l'effet négatif de cette faible

diversité génétique, sur le seul critère de la sensibilité à la RHD, ne doit pas être confondu avec de la consanguinité. Cette dernière est due à la reproduction d'animaux présentant un fort degré de parenté et a pour conséquence une faible survie de la descendance. Une population peut avoir perdu de la diversité en groupes sanguins sans présenter de consanguinité.

Augmenter la diversité génétique au sein de ces populations paraît donc être une voie à privilégier pour limiter l'impact de la RHDV sur le long terme. Dans les parcs d'élevage, introduire des animaux de différentes origines est recommandé. Réserver un enclos aux nouveaux arrivants est conseillé pendant leur acclimatation. En nature, les capacités de dispersion du lapin sont faibles pour opérer un brassage génétique efficace entre populations. Il peut donc être intéressant de renforcer les populations en y introduisant des animaux de différentes origines. Nul n'est besoin d'aller chercher des lapins à des centaines de kilomètres : l'important est que ces populations n'aient pas subi les mêmes épidémies. Pour une meilleure acclimatation des individus lâchés, il convient de veiller à introduire les lapins provenant d'écosystèmes proches. Ainsi, échanger des animaux entre deux populations d'une même commune peut être suffisant si ces populations n'ont pas été frappées par la RHD au même moment.

Toutefois, ces actions doivent être conduites avec rigueur puisqu'en introduisant des animaux, on peut aussi introduire des agents pathogènes. Vacciner les animaux déplacés contre la myxomatose et la RHD et les maintenir en quarantaine une dizaine de jours en enclos ou dans un bâtiment d'élevage est recommandé. De même, il convient de se conformer à la réglementation en vigueur pour déplacer des lapins.



Dans les parcs d'élevage comme en nature lors de renforcement de population, il est recommandé d'introduire des lapins d'origines différentes pour favoriser la diversité génétique et par suite la résistance aux maladies.

© R. Rouxel/ONCFS.

**Pour en savoir plus sur les renforcements de populations**  
<http://www.oncfs.gouv.fr/Lagomorphes-ru222/Le-lapin-de-garenne-des-outils-pour-une-meilleure-gestion-ar473>