

L'homologie entre les différentes souches de virus BTV-14 identifiées en Russie, en Espagne, en Pologne et en Lettonie indique qu'elles dérivent d'une source commune. À l'exception des cas non autochtones identifiés Espagne, aucun lien épidémiologique (comme des échanges d'animaux) entre les élevages contaminés par le virus BTV-14 dans les différents pays n'a été mis en évidence. La diffusion du virus BTV-14 pourrait résulter d'une transmission par voie vectorielle ou de l'utilisation de vaccins (l'utilisation de vaccin vivant à virus atténué n'est pas autorisée en Europe).

En novembre 2008, des cas bovins de FCO à BTV-11 non exprimée cliniquement avaient été détectés en Belgique; la souche en cause présentait une forte homologie avec la souche de référence BTV-11 sud-africaine (Federal Agency for the Safety of the Food Chain, 2009). En octobre et novembre 2008, des cas bovins de FCO à BTV-6, pas ou peu exprimée cliniquement, avaient été identifiés aux Pays-Bas et en Allemagne; la souche en cause présentait une forte homologie avec la souche de référence BTV-6 sud-africaine (Federal Ministry of Food, Agriculture and Consumer Protection, 2009; Landbouw, natuur en voedselkwaliteit, 2009). L'origine de cette introduction virale n'avait pas été identifiée, cependant, l'hypothèse d'une introduction liée à une utilisation illégale du vaccin produit par Onderstepoort, acquis légalement en Afrique du Sud, avait été retenue comme plausible (Landbouw, natuur en voedselkwaliteit, 2009).

Les informations sur les développements de la situation de la FCO à BTV-14 en Europe seront tenues à jour sur le site Internet de la Plateforme nationale d'épidémiologie en santé animale <http://www.survepi.org>.

Références bibliographiques

Defra (2012a) Bluetongue virus in Estonia, Latvia, Lithuania and Poland, preliminary outbreak assessment, 28 November 2012 <http://www.defra.gov.uk/animal-diseases/files/poa-btv-20121128.pdf>.

Defra (2012b) Vaccine strain BTV-14 in Latvia and Poland, update outbreak assessment, 30 November 2012 <http://www.defra.gov.uk/animal-diseases/files/poa-btv14-20121130.pdf>.

Federal Agency for the Safety of the Food Chain (2009) Report on the occurrence of a BTV11 strain in Belgium http://ec.europa.eu/food/animal/diseases/controlmeasures/docs/BT_belgium_report.pdf.

Federal Ministry of Food, Agriculture and Consumer Protection (2009) Bluetongue update on the situation in the Federal Republic of Germany. Committee on the Food Chain and Animal Health, Brussels, 04/03/2009 http://ec.europa.eu/food/animal/diseases/controlmeasures/docs/BT_germany_report.pdf.

Food and Veterinary Service (Partikas un Veterinarais Dienests) (2012) Bluetongue situation in Latvia. Committee on the Food Chain and Animal Health, Brussels, 04/12/2012 http://ec.europa.eu/food/committees/regulatory/scfcah/animal_health/presentations/04122012_bluetongue_latvia%20.pdf

Landbouw, natuur en voedselkwaliteit (2009) Epidemiological report BTV 6 in the Netherlands. 10p http://ec.europa.eu/food/animal/diseases/controlmeasures/docs/epidemiological_report_en.pdf.

Ministerio de Agricultura, Alimentación y medio ambiente (2012) BTV-14 detection on consignments coming from intra-community trade. Committee on the Food Chain and Animal Health, Brussels, 04/12/2012 http://ec.europa.eu/food/committees/regulatory/scfcah/animal_health/presentations/04122012_bluetongue_spain.pdf.

OIE (2011) Bluetongue in Russia: Immediate notification report 30/12/2011 Report N° 11439 http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Reviewreport/Review?reportid=11439.

Panferova A, Koltsov A, Novikova M, Tsybanov S, Kolbasov D. (2012) Detection of Bluetongue outbreak in Smolensk region of Russia in 2011. Abstracts of the 6th Annual Meeting Epizone 12-14 June 2012, Brighton, United Kingdom http://www.epizone-eu.net/media/23365/6th%20EPIZONE%20Viruses%20on%20the%20Move%20Abstracts%20Booklet_July%202012b%20.pdf.

Brève. Détection chez des chauves-souris européennes et africaines de nouveaux coronavirus proches du Bétacoronavirus humain 2cEMC/2012

Short item. Detection in European and African bats of new coronaviruses closely related to human 2cEMC/2012

Elodie Monchatre-Leroy (1) (elodie.monchatre-leroy@anses.fr), Astrid Vabret (2), François Moutou (3)

(1) Anses, Laboratoire de la rage et de la faune sauvage de Nancy, Malzéville, France.

(2) Université de Caen Basse-Normandie, EA 4655, Unité de recherche Risques microbiens, Caen, France

(3) Anses, Laboratoire de santé animale de Maisons-Alfort, France

Mots clés: Coronavirus, chauves-souris, lien génétique

Key-words: Coronavirus, bats, genetic relatedness

Cette brève a été publiée en avant-première sur la page internet du *Bulletin épidémiologique* le 2 février 2013.

En septembre 2012, un nouveau coronavirus est isolé au Moyen-Orient d'un patient présentant une symptomatologie respiratoire évoquant le SRAS (Syndrome respiratoire aigu sévère). Ce patient décèdera d'une insuffisance rénale aiguë. Depuis cette date, huit autres cas humains ont été confirmés dont quatre décès tous en rapport avec le Moyen-Orient. Cet épisode a été suivi de près par les autorités internationales de santé publique qui gardaient en mémoire l'épisode du SRAS de 2002-2003. Si les signes cliniques observés ici et dans le cas du SRAS sont similaires, les deux virus sont différents. Le nouveau coronavirus appelé EMC/2012 fait partie des bêtacoronavirus 2c alors que celui du SRAS est un bêtacoronavirus 2b. Les coronavirus ont été récemment reconsidérés et sont maintenant classés en quatre genres; alpha, bêta (de bêta-a à bêta-d), delta et gamma-coronavirus.

Les bêtacoronavirus 2c ne comprennent à ce jour que des virus de chauves-souris: le *Tylonycteris* bat coronavirus HKU4 et le

Pipistrellus bat coronavirus HKU5. Aussi et sachant que les réservoirs vraisemblables du SRAS en Asie sont des chauves-souris de la famille des rhinolophidés, une étude récente (Annan *et al.*, 2013) a recherché la présence de l'ARN viral de coronavirus 2c dans des prélèvements fécaux (guano) effectués sur différentes espèces de chauves-souris au Ghana (dont *Nycteris gambiensis*) et sur des Pipistrelles européennes (*Pipistrellus kuhlii*, *P. pipistrellus*, *P. nathusii* et *P. pygmaeus*). Dans 15 % (n = 272) des échantillons fécaux testés des Pipistrelles européennes et 25 % (n = 185) des Nyctères africaines, des coronavirus 2c inconnus à ce jour ont été mis en évidence. Il a été montré plus de 98 % d'identité nucléotidique sur une séquence de 816 paires de bases dans le gène de l'ARN-polymérase ARN dépendante entre le virus isolé chez une Pipistrelle commune (*P. pipistrellus*) et le virus EMC/2012.

La détection chez des chauves-souris européennes et africaines d'ARN viral d'un bêtacoronavirus proche génétiquement de la nouvelle

souche virale EMC/2012 suggère que l'épidémiologie du SRAS apparue en 2002-2003 et celle de l'épisode du Moyen-Orient pourraient être comparables. L'évolution naturelle du virus du SRAS avait dû faire probablement intervenir un coronavirus de chauves-souris qui avait dû être transmis et évoluer *via* des hôtes intermédiaires retrouvés sur les marchés d'animaux chinois comme la civette palmiste masquée (*Paguma larvata*) ou le chien viverrin (*Nyctereutes procyonoides*). L'épidémie au sein de la population humaine n'a été possible que par des mutations plus tardives du virus. La différence notée entre le virus du SRAS isolé chez les patients humains et les virus SRAS-like isolés chez les civettes palmistes masquées est, au minimum, une délétion de 29 nucléotides. Cette délétion a eu lieu avant ou après le passage à l'espèce humaine. L'épisode du SRAS semble donc avoir suivi toutes les étapes décrites dans la Figure 1.

Pour l'épisode du Moyen-Orient, les modalités de contamination des hommes sont inconnues, soit par des hôtes intermédiaires restant à déterminer, soit directement par des sécrétions de chauves-souris. Aujourd'hui, les cas humains du Moyen-Orient ne semblent pas liés entre eux, ce qui supposerait que la contamination s'est faite auprès des animaux pour chacun des cas humains. Or, une des caractéristiques majeures de HCoV-EMC est sa capacité à infecter de nombreuses lignées de cellules de chauve-souris, de porc et des lignées humaines. Les premières études montrent qu'il n'utilise pas la molécule ACE2 comme récepteur, à la différence du SARS-CoV. Il s'agirait d'un virus plus « généraliste », utilisant un récepteur cellulaire conservé au sein des chiroptères, des porcs et des hommes (Müller *et al.*, 2012). Ceci suggère que la barrière d'espèce pourrait être facile à franchir.

Les connaissances actuelles à propos de cet épisode de 2012 ne permettent pas de savoir s'il agit d'un passage sporadique de la barrière d'espèce (« spillover » entre la faune sauvage et l'Homme sur la figure) sans conséquence majeure en termes d'épidémie ou si le virus peut acquérir une capacité de transmission élevée d'homme à homme (« human amplification » sur la figure), constituant ainsi un réel danger d'émergence. L'apparente facilité pour HCoV-EMC à franchir la barrière d'espèce n'est pas suffisante pour que l'émergence soit réussie : il reste à ce virus à optimiser sa répllication chez l'Homme, et ensuite à acquérir la capacité à se transmettre entre individus. L'identification du récepteur du virus est donc une étape très importante à acquérir ;

en effet, la distribution tissulaire de cette molécule permettra de mieux appréhender la pathogénicité et les capacités de transmission inter-humaine de ce virus potentiellement émergent. Ainsi, la localisation pulmonaire profonde du récepteur du SARS-CoV, la molécule ACE2, explique dans le SRAS l'atteinte pulmonaire sévère et la nécessité d'une dose virale infectante importante pour la transmission inter-humaine.

La question de l'origine de l'épisode du Moyen-Orient demeure. Les pipistrelles sont des espèces de chauves-souris qui sont retrouvées communément au Moyen-Orient, comme dans une grande partie de la planète et il serait intéressant de voir si elles sont partout porteuses de bêta-coronavirus 2c. Si c'était le cas, comment expliquer la survenue de l'épisode de cas humains seulement en 2012 et seulement au Moyen-Orient. L'utilisation assez répandue des chauves-souris (consommation de certaines grandes espèces) et de leur production (guano) en Afrique pourrait être le lien comme l'étaient les marchés d'animaux de Chine en 2002-2003.

Références bibliographiques

- Annan, A., Baldwin, HJ., Corman, VM., Klose, SM., Owusu, M., Nkrumah, EE., Badu, EK., Anti, P., Agbenyega, O., Meyer, B., Oppong, S., Sarkodie, YA., Kalko, EKV., Lina, PHC., Godlevska, EV., Reusken, C., Seebens, A., Gloza-Rausch, F., Vallo, P., Tschapka, M., Drosten, C., Felix, J., 2013. Human Betacoronavirus 2c EMC/2012-related viruses in Bats, Ghana and Europe. *Emerg. Infect. Dis.* 19, Number 3 – March 2013 in press.
- Karesh, WB., Dobson, A., Lloyd-Smith, JO., Lubroth, J., Dixon, MA., Bennett, M., Aldrich, S., Harrington, T., Formenty, P., Loh, EH., Machalaba, CC., Thomas, MJ., Hymann, DJ., 2012. Ecology of zoonoses: natural and unnatural histories. *Lancet*; 380: 1936-45.
- Müller, MA., Raj, VS., Muth, D., Meyer, B., Kallies, S., Smits, SL., Wollny, R., Bestebroer, TM., Specht, S., Suliman, T., Zimmermann, K., Binger, T., Eckerle, I., Tschapka, M., Zaki, AM., Osterhaus, AD., Fouchier, RA., Bart L. Haagmans, BL., Drosten, C., 2012. Human Coronavirus EMC does not require the SARS-Coronavirus receptor and maintains broad replicative capability in Mammalian cell lines. *mBio* Dec 11 3(6) e00515-12.

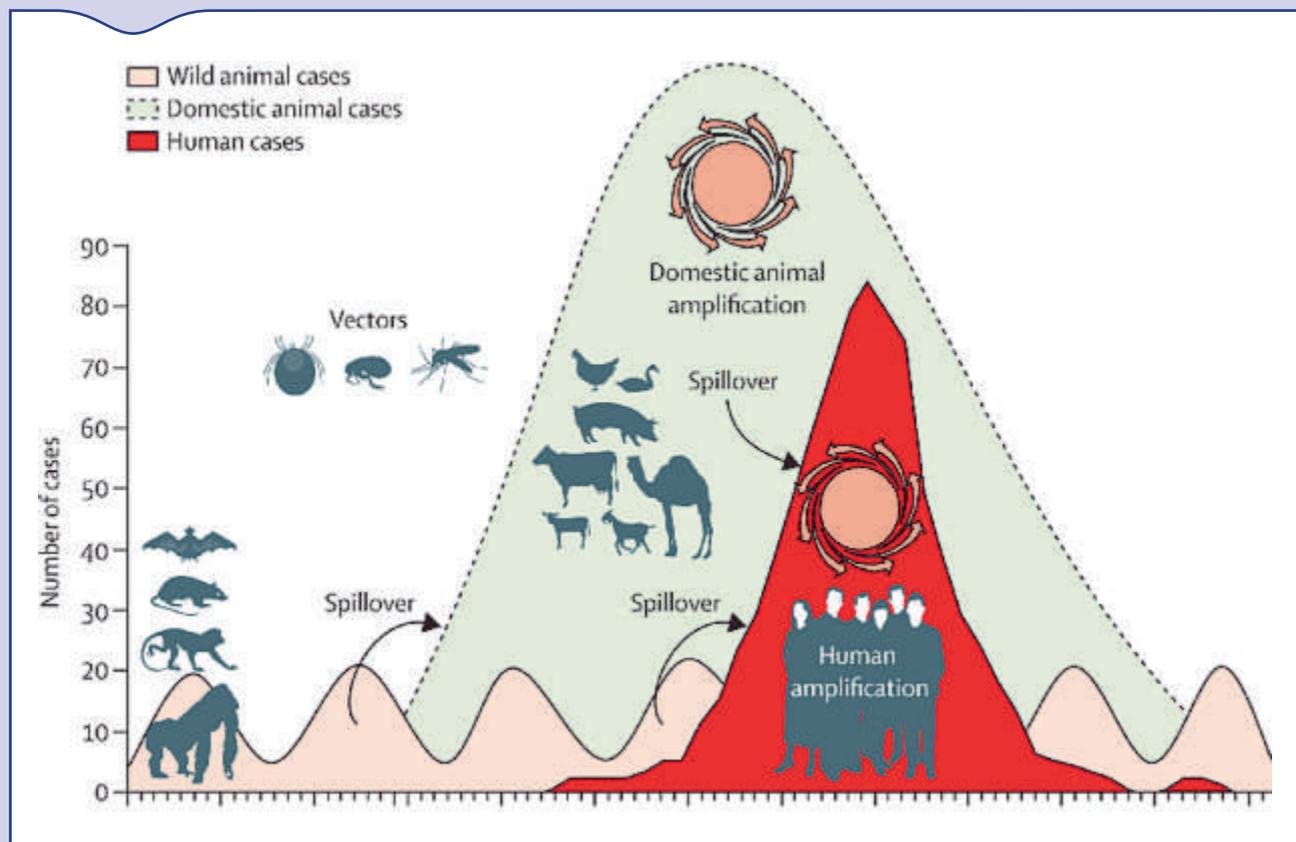


Figure 1. Pertinence clinique de l'écologie des maladies (Karesh *et al.*, 2012). Modèle de transmission et d'amplification d'une infection virale illustrant les possibilités de franchissement de barrières d'espèces des coronavirus