

# Covid-19 : origine naturelle ou anthropique ?

15 avril 2020, 19:04 CEST

<https://theconversation.com/covid-19-origine-naturelle-ou-anthropique-136281>

**Auteur Alexandre Hassanin** Maître de Conférences (HDR) à Sorbonne Université, ISYEB - Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité (CNRS, MNHN, SU, EPHE, UA), Muséum national d'histoire naturelle (MNHN)

Des virus proches du SARS-CoV-2 découverts chez des chauves-souris du genre *Rhinolophus* et le pangolin malais (*Manis javanica*) suggèrent que ces animaux ont joué un rôle clef dans l'émergence de la pandémie de Covid-19. Mais où et comment le patient zéro a-t-il pu être contaminé ? Par quel animal ? Et dans quelles conditions ?

Les deux tiers des premiers patients atteints du [Covid-19](#) étaient passés par le [marché de Huanan](#) (Wuhan, Hubei), spécialisé dans les produits de la mer mais dont une partie était consacrée à la faune sauvage (jusqu'à sa récente fermeture par les autorités). Même si le premier patient répertorié n'a pas fréquenté ce marché, il a de toute évidence côtoyé des personnes impliquées dans le commerce d'animaux sauvages, auxquelles il a transmis le virus.

Cela nous rappelle l'[épidémie de SARS de 2002-2003](#), qui avait débuté dans la province chinoise de Guangdong pour ensuite s'exporter dans une trentaine de pays, faisant au total 8 096 cas et 774 décès. Le coronavirus responsable, le SARS-CoV, fait partie du groupe des *Sarbecovirus*, tout comme le SARS-CoV-2, mais ces deux virus appartiennent à deux lignées divergentes (82 % d'identité génomique) qui se sont séparées il y a quelques décennies. Pour mieux appréhender les hypothèses sur l'origine du SARS-CoV-2, il est primordial de revenir sur les connaissances scientifiques accumulées sur le SARS-CoV car ces deux virus montrent de nombreux points communs.

## Les chauve-souris rhinolophes sont le réservoir des *Sarbecovirus*

Après l'épidémie de 2002-2003, plusieurs équipes de virologues ont prospecté à travers le monde à la recherche de coronavirus. Ces études ont révélé une grande diversité de *Sarbecovirus* chez les chauves-souris du genre *Rhinolophus* (communément appelées rhinolophes), en particulier en [Chine](#), mais aussi en Europe ([Bulgarie](#)) et en Afrique de l'Est ([Kenya](#)). Il ne fait donc aucun doute qu'une ou plusieurs espèces de rhinolophes constituent le réservoir naturel de l'ensemble des *Sarbecovirus*. La lignée du SARS-CoV est représentée dans les banques de séquences par des dizaines de génomes détectés chez plusieurs espèces de rhinolophes, telles que *R. affinis*, *R. ferrumequinum*, *R. macrotis*, *R. monoceros*, *R. pearsoni*, *R. pusillus* et *R. sinicus*.

La lignée du SARS-CoV-2 compte actuellement seulement trois génomes de virus de chauves-souris, tous isolés à partir de rhinolophes collectés en Chine. [Deux génomes identiques](#) entre eux à 97 % ont été séquencés à partir d'individus de l'espèce *R. sinicus* collectés en 2015 et 2017 dans une grotte de la ville de Zhoushan (province de Zhejiang). Ils présentent 89 % de similarité avec le SARS-CoV-2.

Le [troisième génome](#) est beaucoup plus proche du SARS-CoV-2, puisqu'il est identique à 96 % ; il a été découvert chez une chauve-souris de l'espèce *R. affinis* collectée en 2013 dans la mine abandonnée de Mojiang dans la province du Yunnan. En raison du Covid-19, les recherches sur le terrain vont s'intensifier et il est certain que beaucoup d'autres virus de cette lignée seront découverts dans les années à venir.

Toutes ces données indiquent que de nombreux *Sarbecovirus* circulent et évoluent depuis des décennies dans les colonies de rhinolophes cavernicoles de Chine et probablement aussi dans certains pays plus au Sud (Laos, Myanmar, Thaïlande et Vietnam). Beaucoup de chercheurs pensent que les chauves-souris sont insensibles à ces virus, mais cette hypothèse *ad hoc* n'a jamais été véritablement testée. Même si elles luttent efficacement contre la prolifération virale, il est fort probable que les populations de chiroptères soient touchées, chaque année, par une forte mortalité causée par ces virus. Cela a par exemple été montré dans des colonies de chauves-souris africaines de l'espèce *Rousettus aegyptiacus*, identifiée comme le réservoir du [virus Marburg](#).

## Les chauves-souris, à l'origine des contaminations humaines ?

Les trois événements épidémiques liés aux *Sarbecovirus* ont débuté en Chine au début de l'hiver, en novembre 2002 et décembre 2003 dans la province de Guangdong et très probablement en novembre 2019 dans la province de Hubei. Même si les climats de ces deux provinces sont différents (subtropical à Guangdong et tempéré à Hubei), les températures minimales sont inférieures à 10 °C de décembre à février à [Guangdong](#) et de novembre à février à [Hubei](#).

À de telles températures, les chauves-souris hibernent car elles ne peuvent plus trouver les insectes dont elles se nourrissent. Cette adaptation est apparue plusieurs fois au cours de l'évolution des chauves-souris. Dans les grottes, plusieurs espèces de chauves-souris coexistent, et notamment plusieurs espèces de rhinolophes. Certaines cavités hébergent ainsi des centaines, voire des milliers de chauves-souris. La promiscuité et l'activité régnant en période de préhibernation (*swarming* en septembre-octobre) pourraient favoriser la transmission du virus entre espèces de chauves-souris.

*Synthèse des faits et des hypothèses liés à l'origine du virus SARS-CoV-2.* Alexandre Hassanin

Une telle concentration d'animaux sauvages attire parfois les chasseurs, qui pour la plupart connaissent très bien les cycles saisonniers des animaux. Même si ce sont plutôt les grosses chauves-souris frugivores (taille corporelle : 8-30 centimètres) des régions tropicales qui sont généralement consommées pour leur viande, les petites chauves-souris comme les rhinolophes (taille corporelle : 4-8 centimètres) sont aussi parfois consommées, faute de mieux. La chasse représente donc une source possible de contamination humaine. Pour que cette hypothèse soit recevable, encore faut-il que des *Sarbecovirus* soient capables d'infecter l'organisme humain. Même si des expériences en laboratoire ont suggéré que certains virus de rhinolophes proches du SARS-CoV étaient capables d'infecter des [cellules humaines](#), aucune donnée épidémiologique n'est venue étayer cette hypothèse. La contamination indirecte, c'est-à-dire via un hôte intermédiaire, reste donc l'hypothèse la mieux soutenue. Dans quels contextes peut-on envisager une transmission virale des chauves-souris vers une autre espèce animale ? Tout d'abord, il faut rappeler que les braconniers ne chassent pas uniquement des chauves-souris ; ils tuent ou attrapent une grande diversité d'espèces.

Pour eux, certaines espèces sont plus intéressantes si elles sont piégées vivantes car elles seront vendues beaucoup plus cher sur les marchés. C'est le cas des petits carnivores et des pangolins. Si des chauves-souris récemment tuées ou même capturées vivantes sont placées à proximité de carnivores ou de pangolins vivant en cage, on comprend alors comment une transmission interanimale a pu s'opérer.

Mais une autre hypothèse de transmission, cette fois-ci en milieu naturel, ne peut être écartée. En effet, les chauves-souris blessées ou mourantes qui tombent au sol dans les grottes sont susceptibles d'être consommées par des charognards, qui pourraient alors contracter le virus. Plusieurs espèces de petits carnivores sont connues pour se nourrir occasionnellement de charognes, comme les civettes et le chien viverrin (*Nyctereutes procyonoides*), trouvés positifs au SARS-CoV [par le passé](#), sans oublier les blaireaux et les blaireaux-furets. Par ailleurs, tous ces petits carnivores peuvent aussi attraper des

chauves-souris vivantes suspendues un peu trop bas dans les cavités. Les pangolins, même s'ils consomment presque exclusivement des fourmis et des termites, peuvent aussi entrer en contact avec des chauves-souris. Puisque de nombreuses espèces de fourmis se nourrissent de charognes, il peut arriver que des pangolins lèchent des cadavres de chauves-souris et soient ainsi contaminés par des *Sarbecovirus*.

## Le trafic d'animaux sauvages, à l'origine des épidémies ?

Dans le cas du SARS-CoV, il a été montré que ce ne sont pas les chauves-souris qui ont transmis le virus à l'homme. Lors de l'épidémie de 2002-2003, l'enquête sur les premiers patients a permis de cibler un restaurant de Shenzhen (province de Guangdong) où était servie de la viande sauvage. Ensuite, [l'analyse des animaux vendus sur le marché de Shenzhen](#) a révélé un virus identique à 99,8 % au SARS-CoV chez plusieurs civettes masquées (*Paguma larvata*).

Ce petit carnivore est nocturne et arboricole ; il est « élevé » pour sa viande dans de nombreuses fermes chinoises. Cette espèce a aussi été identifiée comme la cause d'une deuxième contamination humaine en 2003-2004 dans la ville de Guangzhou, toujours dans la province de Guangdong, et cela seulement quelques mois après la levée de l'interdiction de consommation de civettes par les autorités chinoises. Sur les quatre personnes contaminées, deux avaient un lien avec un restaurant où six civettes vivaient dans des cages. Toutes les civettes ont été [testées positives](#) pour la présence d'un virus identique à 99,8 % au virus SARS-CoV. De façon étonnante, aucun virus n'a été détecté chez les [1 107 civettes échantillonnées](#) dans 25 fermes d'élevage et 12 provinces chinoises. Tous ces éléments suggèrent donc que les civettes testées positives dans le restaurant de Guangzhou ont été contaminées lors de leur détention en cage en raison de leur promiscuité avec d'autres animaux sauvages.

Dans le cas du Covid-19, un lien a clairement été établi entre les premiers patients de l'épidémie et le marché d'animaux sauvages de Wuhan. Par ailleurs, deux souches virales de la lignée SARS-CoV-2 ont récemment été publiées chez des pangolins malais (*Manis javanica*) saisis par les douanes (et dont l'origine géographique exacte est de fait inconnue) dans les provinces de Guangdong et Guangxi. Il est important de rappeler ici que l'espèce *M. javanica* n'est pas présente en Chine, [à l'exception de la pointe sud du Yunnan](#). En conséquence, il est admis que tous les animaux séquencés proviennent d'un trafic illégal en provenance d'[Asie du Sud-Est](#).

Les génomes des virus isolés chez les pangolins présentent entre 86 et 92 % de similarité avec le SARS-CoV-2. De tels niveaux de divergence suggèrent qu'ils se sont séparés du SARS-CoV-2 il y a plusieurs décennies. De ce fait, il est certain que les virus actuellement détectés chez les pangolins ne sont pas ceux qui ont fait émerger l'épidémie de Covid-19. En revanche, la souche de Guangdong est très particulière puisqu'elle présente 97,4 % de similarité au niveau des séquences en acides aminés dans une région particulière de la protéine S, le domaine de liaison au récepteur ACE2 (*Angiotensin Converting Enzyme 2*) qui permet au virus d'entrer dans les cellules humaines pour les infecter. Cela suggère que ce virus aurait pu contaminer un être humain. Plusieurs autres virus similaires ont été décrits chez d'autres pangolins malais par [deux autres équipes chinoises](#). Les résultats confirment que la plupart des pangolins confisqués par les douanes sont contaminés par des *Sarbecovirus* et qu'ils présentent des [symptômes pulmonaires ayant potentiellement entraîné leur mort](#). Cela montre que les pangolins sont très sensibles au virus de la lignée SARS-CoV-2.

On peut donc envisager deux hypothèses. La première implique une contamination naturelle dans leur forêt d'origine en Asie du Sud-Est, suite à des contacts avec des chauves-souris. Cette hypothèse est toutefois peu probable car la grande sensibilité des pangolins aux *Sarbecovirus* constitue un énorme frein à la diffusion de ces virus dans leurs populations. Cela est d'autant plus vrai que les pangolins sont des animaux rares dans la nature (ils sont menacés d'extinction !) et surtout solitaires, ce qui

suppose peu d'évènements de rencontre avec leurs congénères et donc des chaînes de transmission virale très vite stoppées.

Selon la deuxième hypothèse, la contamination est d'origine anthropique en lien avec leur captivité ; elle a pu se faire durant le transport des pangolins depuis l'Asie du Sud-Est, ou lors de leur stockage en Chine ou bien encore dans les marchés de faune sauvage. Une telle contamination est très probable en raison des conditions de captivité déplorables. Les cages sont souvent posées les unes contre ou sur les autres, ce qui permet une diffusion rapide du virus à l'ensemble des animaux enfermés et cette diffusion peut être accélérée si les espèces contaminées acceptent et amplifient le virus.

De ce point de vue, il est important de préciser que plusieurs espèces de carnivores sont sensibles au SARS-CoV-2 ([chats, chiens et furets domestiques, tigre du Zoo de New York](#)), comme l'était la civette masquée avec le SARS-CoV.

Les carnivores sauvages vendus sur les marchés chinois sont donc des espèces à privilégier pour les futures recherches virologiques.

Si l'on revient à l'origine du Covid-19, tous ces éléments indiquent que l'épidémie est la conséquence directe du trafic illégal de faune sauvage. En effet, les nombreux virus de la lignée SARS-CoV-2 identifiés chez des pangolins destinés à la vente prouvent que ces virus circulent depuis plusieurs années déjà dans les marchés des provinces du sud de la Chine et très probablement aussi dans les provinces du Nord, comme celle de Hubei. Il est donc urgent d'interdire non pas temporairement mais définitivement le commerce de vertébrés sauvages potentiellement responsables de zoonoses.

*Nous croyons à la libre circulation de l'information Reproduisez nos articles gratuitement, sur papier ou en ligne, en utilisant notre licence Creative Commons.*

*Avant que vous ne partiez... Soutenez une information de qualité au quotidien produite par une collaboration unique entre experts et journalistes. Devenez adhérent-e de notre média. **L'équipe de The Conversation France***