

Aneta Afelt

*Université de Varsovie*

ORCID : 0000-0001-8744-2992

## **Pandémie de Covid-19 dans une perspective des sciences de la nature.**

### **La pandémie de SARS-CoV-2 nous a-t-elle pris par surprise ? Mécanismes socio-écosystémiques d'induction du risque épidémiologique, exemple SARS-CoV-2**

**Abstract:** The SARS-CoV-2 virus is the third human coronavirus detected in the 21<sup>st</sup> century. It was only a few weeks between the first cases of atypical severe respiratory disease in Wuhan, China (late 2019), and the identification of the virus, its genetic structure and the development of a PCR test (January 2020). What processes and mechanisms at the interface between nature and human activities are responsible for the emergence of the new coronavirus? How was it possible that the virus has spread among humans so quickly? Is the spread of the virus limited to the human population only? How do Anthropocene conditions favor pathogens such as SARS-CoV-2? From a scientific point of view, the emergence of a new coronavirus is not surprising.

**Keywords:** SARS-CoV-2, pandemic, coronavirus, socio-ecosystem niche, Anthropocene, epidemiological risk

**Mots clés :** SARS-CoV-2, pandémie, coronavirus, niche socio-écosystémique, Anthropocène, risque épidémiologique

## 1. Introduction

Depuis la fin de l'automne 2019, les premiers rapports d'identification de nouveaux symptômes associés à la pneumonie atypique chez des patients diagnostiqués dans les centres médicaux de la région métropolitaine de Wuhan ont commencé à arriver de Chine. À la fin du mois de janvier 2020, un article de synthèse a été publié en ligne dans *Lancet*, présentant les caractéristiques épidémiologiques et cliniques de 99 patients d'un seul centre médical, le Wuhan Jinyintan Hospital ; les données ont été recueillies entre le 1<sup>er</sup> et le 20 janvier 2020 (Chen et al. 2020). L'identification de l'agent pathogène responsable des effets pathogènes s'est faite très rapidement, puisqu'en décembre 2019, il était déjà clair qu'un nouveau coronavirus, se propageant rapidement dans la communauté humaine, était responsable de la nouvelle entité pathologique, à l'époque encore sans nom. La notification officielle de la Chine à l'OMS concernant une forte augmentation de l'incidence de la pneumonie atypique dans la ville de Wuhan a été reçue le 31 décembre 2019, y compris la notification officielle du 5 janvier de 44 patients classés comme infectés par un agent pathogène inconnu et l'annonce du premier rapport officiel d'urgence épidémiologique, *First Disease Outbreak News* (OMS 2020a). Les activités ultérieures autorisées étaient les suivantes : (1) l'identification très rapide du nouvel agent pathogène – le 7 janvier (OMS 2020b) ; (2) l'identification de sa séquence génétique – le 12 janvier (OMSa 2020) ; (3) la dénomination du nouvel agent pathogène SARS-CoV-2 par le Comité international de taxonomie des virus – le 11 février 2020 (OMS 2020a). À partir de la mi-février environ, les premiers cas locaux (endémiques) d'infection (le 13 février, Thaïlande) et de décès (le 15 février, France) ont commencé à être signalés dans de nombreuses régions du monde et, fin février, des cas d'infection avaient déjà été signalés dans 11 pays européens. En Pologne, le premier patient a été officiellement identifié le 4 mars, à Zielona Góra, et 50 cas nationaux ont été diagnostiqués à la mi-mars (Chyz et al. 2020). Très rapidement, dès le 1<sup>er</sup> avril 2020, le premier million d'infections a été identifié dans le monde, et les données provenant d'Italie, d'Espagne, de France et d'Allemagne sur le nombre d'infections et de décès ont été des nouvelles sensationnelles quotidiennes dans la presse internationale (Chen et al. 2020).

L'affinité du nouveau coronavirus avec le virus du SARS détecté en 2002 dans la province de Guangdong, en Chine (79 % de parenté génétique, avec un taux de mortalité de 11 %) et avec le virus MERS détecté en 2012 dans la région de la péninsule arabique (50 % de parenté génétique, avec un taux de mortalité de 35 %) était particulièrement passionnante (Machhi et al. 2020 ; Hu et al. 2021). Les taux de mortalité élevés de coronavirus étroitement apparentés et la transmission par gouttelettes du SARS-CoV-2 ont suscité des inquiétudes quant à l'impact social et économique potentiel d'un virus mondial à propagation rapide.

Les incertitudes initiales liées aux conditions de propagation du virus dans l'environnement social ont favorisé de nombreuses lacunes dans la limitation de sa transmission mondiale. Par exemple, le pourcentage de personnes infectées qui ne présentent pas de symptômes d'infection – c'est-à-dire les porteurs latents – était initialement inconnu, de même que le délai entre l'infection et l'apparition des symptômes et l'indication de la période de plus grande infectiosité des personnes infectées (Duszyński et al. 2020). Dans ce rapport, nous avons rappelé la nécessité de prendre des mesures de protection passive contre l'épidémie (masque, distance, désinfection) dans le cadre de la stratégie « Stay at home » adoptée par la plupart des pays, mais surtout nous avons rappelé les aspects sociaux et économiques de la pandémie dès septembre 2020.

## **2. Niche socio-écologique et risque de rupture de la barrière inter-espèces dans les conditions de l'Anthropocène**

Est-ce que l'apparition d'un nouveau coronavirus circulant dans la population humaine est une nouveauté ou une surprise d'un point de vue biologique ? Absolument pas. Les processus de percée inter-espèces, c'est-à-dire le franchissement par un agent pathogène (virus, bactéries, champignons, parasites) de la barrière individuelle entre différentes espèces d'animaux, de plantes et d'humains – sont assez courants dans les environnements naturels. Il est important de noter que la plupart des maladies infectieuses humaines sont des zoonoses<sup>1</sup>. Sur la liste des 1 415 micro-organismes connus à ce jour qui sont pathogènes pour l'homme, pas moins de 61 % sont d'origine zoonotique, et les micro-organismes qui ont plus d'un hôte ont deux fois plus de chances d'être associés à des maladies infectieuses (Pickering et al. 2008). Rien qu'entre 1980 et 2003, 35 nouvelles maladies infectieuses ont été identifiées chez l'homme, dont la plupart étaient des zoonoses (Steinmuller et al. 2006). Comme le montrent des découvertes récentes, la relation pathogène homme-animal n'est pas unidirectionnelle. Les humanoses (humanosis)<sup>2</sup> fonctionnant dans la littérature également comme des anthroponoses (anthroponosis) ne sont pas encore des cas fréquemment rapportés, mais leur émergence même en tant que problème environnemental est inquiétante (Olsen et al. 1993 ; Sjurseth et al. 2017).

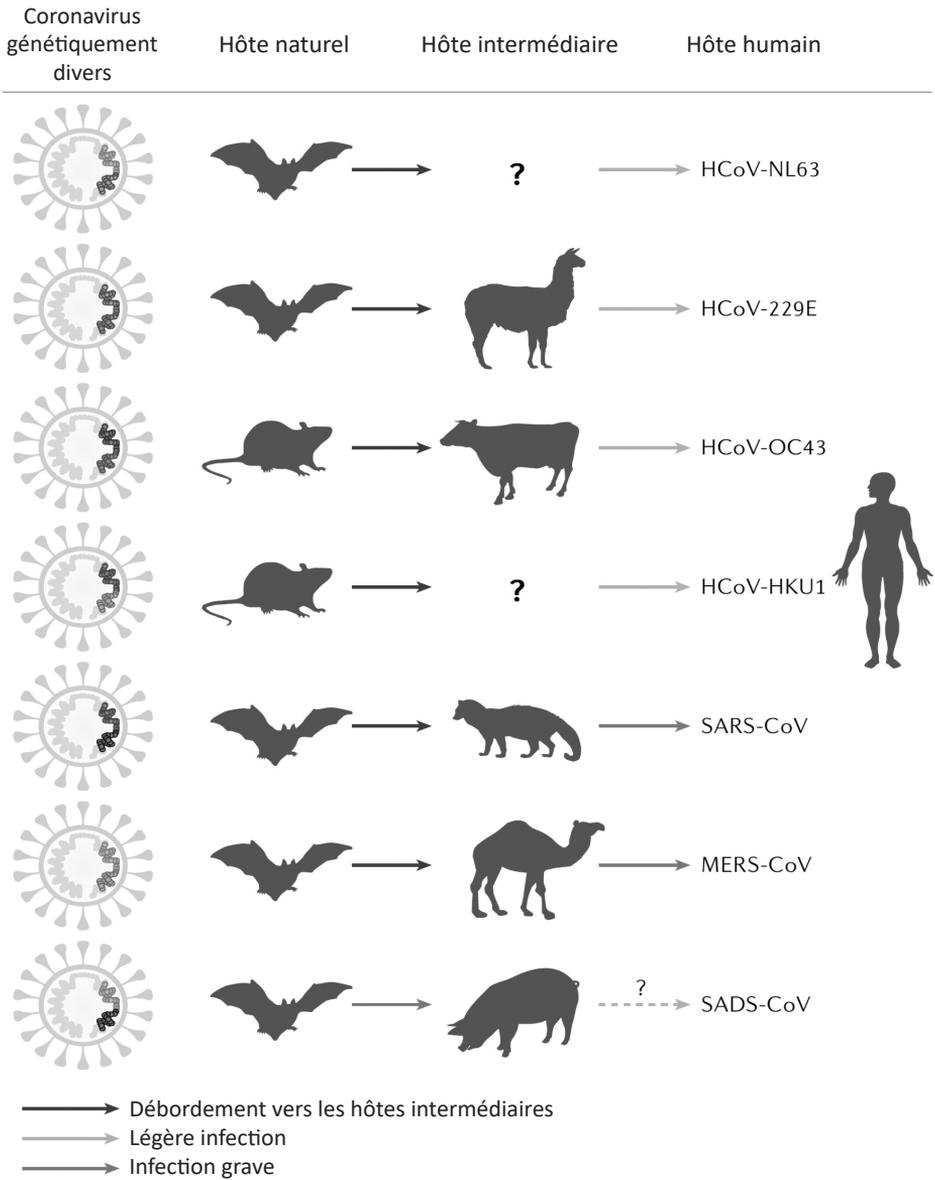
Le virus SARS-CoV-2 est un agent pathogène zoonotique typique, comme le sont le SARS et le MERS déjà mentionnés (Cui, Shi 2019). Les coronavirus

---

<sup>1</sup> Les zoonoses sont des maladies qui se transmettent des animaux aux êtres humains. L'Autorité européenne de sécurité des aliments de l'UE (EFSA) publie un rapport annuel des zoonoses chez l'homme et de leurs agents étiologiques, tant chez l'homme que chez les animaux et les aliments (Osek, Wiczorek 2013).

<sup>2</sup> Les humanoses (humanosis) sont des maladies habituellement typiques de l'homme qui sont transmises aux animaux.

appartiennent à la sous-famille des Coronavirinae, à la famille des Coronaviridae, à l'ordre des Nidovirales (Comité international sur la taxonomie des virus), en distinguant les genres Alpha-, Beta-, Gamma- et Delta-. Les deux premiers genres sont portés par des mammifères et les deux derniers, presque sans exception, par des oiseaux. La rupture de la barrière inter-espèces par les coronavirus entre les animaux et les humains n'est pas non plus une nouveauté du XXI<sup>e</sup> siècle. Cela est présenté de manière assez détaillée par Cui et Shi (2019), qui dressent une liste des coronavirus humains avec une indication des hôtes naturels (primaires) et intermédiaires – où la recombinaison du virus a eu lieu en l'adaptant à de nouveaux hôtes (animaux intermédiaires et humains) (Fig. 1) (Cui, Shi 2019). Il convient de noter qu'avant l'épidémie de SARS-CoV-2, nous avons identifié au moins 7 coronavirus humains dont le réservoir primaire du virus se trouvait chez des animaux non domestiqués avec lesquels l'homme n'entre généralement pas en contact intentionnel et régulier (chauvesouris, rongeurs), tandis que les hôtes intermédiaires étaient souvent des animaux domestiqués ou utilisés par l'homme (porcs, bovins, chameaux, lamas) (Cui, Shi 2019 ; Hu et al. 2021). En outre, le cycle complet des percées interspécifiques entre le vecteur/hôte primaire et l'homme peut impliquer plus d'une espèce intermédiaire. Les expériences de l'automne 2020 où une transmission interhumaine a été détectée dans des élevages de fourrures aux Pays-Bas, au Danemark, en France, en Grèce, en Italie, en Espagne, en Pologne, en Lituanie, au Canada et aux États-Unis démontrent que les propriétés du virus lui permettent de circuler de manière multidirectionnelle entre les espèces (Fenollar et al. 2021). Il existe également des rapports très inquiétants en provenance des États-Unis sur la transmission du SARS-CoV-2 à des cervidés vivant dans des conditions naturelles (Chandler et al. 2021).



**Figure 1** : Coronavirus humains connus avant l'exposition du SARS-CoV-2, d'après Cui et al. (2018).