

SANTÉ ET BIODIVERSITÉ À L'ÈRE DE L'ANTHROPOCÈNE

Moutou François¹



RÉSUMÉ

L'émergence à répétition d'épidémies, d'épizooties, voire de pandémies depuis deux ou trois décennies interroge. Comment peut-on interpréter la succession de ces maladies microbiennes, parfois sévères, toujours imprévues dans leur évolution et dans leur histoire naturelle ? Le champ de la microbiologie s'est considérablement enrichi avec la prise de conscience de l'existence d'une très grande diversité de microorganismes encore inconnus et à découvrir. Ce constat voit s'affronter deux schémas possibles. Dans le premier, le monde sauvage représente un formidable réservoir d'agents pathogènes potentiels et donc doit être à considérer avec prudence. Inversement, l'autre approche consiste à dire que cette biodiversité sauvage est en train de s'effondrer mais que c'est cette disparition qui pourrait représenter la vraie menace pour la santé humaine et celle de ses animaux domestiques. Quels seraient les arguments dans un sens et dans l'autre et quel rôle l'espèce humaine joue-t-elle aujourd'hui dans ce défi du début du XXI^e siècle ? La notion d'anthropocène peut-elle aider l'épidémiologie et les épidémiologistes ?

Mots-clés : émergences, épidémies, biodiversité, anthropocène.

ABSTRACT

The many emergences of epidemics, epizootics, or even pandemics during the last two or three decades, ask a lot of questions. How is it possible to understand all these microbial diseases, sometimes quite serious, but always not foreseen in their evolution as well as in their natural history? The field of microbiology is now much broader than last century when taking into account the reality of the existence of such a large diversity of microorganisms, so many being still unknown, to be discovered and to be studied. The difficulty is that two possible points of view are facing each other. On one side wildlife can be seen as a large reservoir of possible new pathogens, and so, should be observed and managed with caution. On the other side, wild biodiversity is in danger of extinction today and this regression may be the real threat for human health, as well as for the health of domestic animals. What could be the arguments for both positions? Today, what is the importance of human beings in this confrontation, at the beginning of the XXIth century? Is the concept of Anthropocene able to help epidemiology and epidemiologists?

Keywords: Emergences, Epidemics, Biodiversity, Anthropocene.



I - INTRODUCTION

L'émergence de nouvelles maladies infectieuses et contagieuses depuis la fin du XX^e siècle renvoie régulièrement à diverses espèces animales. Dès l'apparition du SIDA, plusieurs primates non humains sont cités. Les bovins étaient au cœur du cycle de l'ESB. Les chiroptères sont pointés du doigt

avec la découverte de nouveaux rhabdoviridés et du genre *Henipavirus* (virus Hendra et Nipah, paramyxoviridés). Les coronaviridés font parler de la civette palmiste masquée, du dromadaire et enfin des pangolins.

¹ francoismoutou@orange.fr

En limitant cette courte énumération aux seuls mammifères, on peut noter que les espèces citées sont soit domestiques et semblaient assez bien étudiées (bovins, dromadaire), soit sauvages et ne sont pas toutes vraiment connues, ni d'un point de vue biologique, ni d'un point de vue épidémiologique.

Énoncer que les deux-tiers, voire les trois-quarts, de ces maladies infectieuses et contagieuses devenues humaines sont d'origine animale ne résout pas grand-chose car, l'espèce humaine étant elle-même d'origine animale, on ne fait que confirmer que nous partageons un « bagage microbien » en partie commun. Or ce bagage va bien au-delà des seuls agents responsables de maladies mais non représentatifs de la biodiversité. En effet, le point de vue qui sera présenté ici voudrait insister sur le fait que cette diversité animale comme microbienne n'est pas à considérer comme la menace latente à

partir de laquelle de nouvelles épidémies vont émerger de manière aléatoire et toujours imprévue. L'étude de quelques maladies déjà mentionnées suggère plutôt que les activités humaines elles-mêmes jouent un rôle non négligeable dans ces émergences. Une coexistence apaisée entre l'ensemble des formes vivantes semble tout à fait possible. Encore faut-il tirer les leçons des événements passés. Il faut également définir ce que signifient des termes comme « *biodiversité* », y compris à l'échelle microbiologique, et comme « *anthropocène* ». Ensuite, la présentation de quelques exemples de crises sanitaires récentes illustrera comment l'impact de facteurs anthropiques peut agir sur l'origine et surtout sur l'amplification de ces crises. Quelles seraient donc les bons gestes, les bonnes démarches, pour améliorer la santé globale tout en conservant la plus large diversité biologique possible ?

II - MICROBES ET BIODIVERSITÉ

La notion de microbiote renouvelle assez considérablement le champ de la microbiologie. Le corps humain héberge autant de bactéries, nécessaires, que de cellules humaines, voire un peu plus. Les mitochondries de toutes les cellules eucaryotes sont d'anciennes bactéries devenues symbiotiques et indispensables.

La cellule eucaryote s'explique sans doute par la fusion de deux cellules procaryotes, l'une devenant le noyau de l'autre, ou plutôt du nouvel ensemble, et les chromosomes des mammifères, auxquels nous appartenons, contiennent à hauteur de près de 10 % du total, des séquences de gènes probablement d'origine virale et acquises au cours des temps géologiques [Selosse, 2017 ; Baptiste, 2018 ; Ar Gouilh et Moutou, 2019].

C'est tout sauf anecdotique chez les mammifères puisque ce sont ces gènes qui ont permis la placentation, c'est-à-dire le non rejet du fœtus hors de l'utérus maternel durant la gestation. Ces gènes,

apportés par des rétrovirus, sont arrivés après l'apparition des premiers mammifères, restés ovipares comme les monotrèmes (échidnés et ornithorynques contemporains), avec la venue des placentaires, il y a probablement 100 à 150 millions d'années [Lavialle *et al.*, 2013 ; Funk *et al.*, 2019].

Dans ce contexte, la notion de « diversité biologique », rapidement popularisée sous l'appellation « *biodiversité* » à partir des années 1980, peut prendre un sens assez riche. Il s'agit de *l'ensemble des interactions reliant la totalité des êtres vivants* (animaux, végétaux, champignons, bactéries, archées, ici on peut ajouter les virus) *entre eux*. C'est donc bien plus qu'un catalogue, jamais à jour, des espèces décrites et cataloguées [Blondel, 2012]. Il faut comprendre la biodiversité comme le réseau de tous les types de relations pouvant s'établir entre les espèces, les mettre en lien. On peut citer la prédation, le parasitisme, l'infection, la contagion, le commensalisme, la symbiose, la consommation, *etc.*

III - IMPACTS DES FACTEURS HUMAINS SUR L'ÉVOLUTION DE LA BIODIVERSITÉ

Parallèlement aux émergences citées plus haut, un autre constat largement partagé est celui de l'effondrement actuel de cette biodiversité. Les

biologistes parlent de la sixième extinction, après les cinq premières survenues au cours des temps géologiques [Kolbert, 2015]. L'explication majeure

se trouve dans les conséquences des activités humaines, associées à *l'augmentation régulière et rapide de la population mondiale*.

Pour satisfaire les nouveaux besoins qui en découlent, la réponse actuelle est toujours fondée sur une croissance économique alimentée par des pratiques d'extraction et de prédation des ressources, renouvelables comme non renouvelables. La forme suivie par le développement associé à cette croissance n'est ni durable, ni égalitaire, ni respectueuse de la planète, êtres humains et non humains compris.

Le tableau 1 illustre l'accélération du phénomène démographique depuis le début du XX^e siècle. Une personne née en 1930 verra la population mondiale quadrupler en 2024, c'est-à-dire durant une existence de 94 années. Comme on admet

aujourd'hui que l'espèce humaine est apparue il y a 300 000 ans, l'accroissement en deux siècles est sans équivalent. On estime en effet que le premier milliard d'êtres humains a été atteint entre 1800 et 1850 [Gemenne et Rankovic, 2019 ; Moutou, 2021a]. Les diverses projections disponibles pour la fin du XXI^e siècle suggèrent un ralentissement démographique, déjà engagé sur plusieurs continents, et un effectif, en fait un possible plafonnement, pour l'année 2100, peut-être dès 2050, estimé autour de 10 ou 11 milliards de personnes. Certaines de ces personnes sont déjà nées et pourront témoigner des choix faits maintenant. Les questions posées sont bien autour de la qualité de vie qui leur sera offerte, ainsi qu'aux êtres non humains encore présents.

Tableau 1

Rythme d'apparition des milliards successifs de personnes sur Terre depuis l'émergence de l'espèce humaine il y a environ 300 000 ans [Gemenne et Rankovic, 2019]

Dates	1800-1850	1930	1960	1974	1987	1999	2011	2024
Milliards	1	2	3	4	5	6	7	8
Délai en années	300 000	130	30	14	13	12	12	13

Il en résulte des besoins toujours plus grands de nouveaux espaces, pour vivre, habiter, apprendre, travailler, se nourrir, se déplacer et se distraire. Les modifications de paysages et les changements d'usages des sols qui en résultent sont spectaculaires [Gemenne et Rankovic, 2019]. Au-delà des chiffres, c'est la rapidité de cette évolution qui impressionne. Nos sociétés sont-elles capables de s'adapter au rythme de leur propre croissance ? Les écosystèmes exploités survivront-ils à la vitesse de l'exploitation à laquelle ils sont actuellement soumis ?

Cela explique assez bien l'effondrement de la biodiversité avec le remplacement du foisonnement naturel par le petit nombre et l'homogénéité croissante des espèces végétales et animales domestiquées (tableau 2).

On estime aujourd'hui que la biomasse des mammifères sauvages terrestres représente à peine 4 % du total de la biomasse de l'ensemble des mammifères terrestres [Bar On *et al.*, 2018]. Les mammifères domestiques, dominés par les bovins, en représentent 60 %, et la population humaine, les 36 % restants. La figure 1 illustre cette évolution.

Pour la biomasse des oiseaux, les proportions seraient de 70 % pour les volailles et de 30 % pour les espèces sauvages.

Comment faut-il analyser cette régression ? La perte de la biodiversité sauvage signifie-t-elle la perte de nombreux microorganismes potentiellement pathogènes et donc une garantie de santé globale future meilleure ? Est-ce le seul regard possible à porter sur la biodiversité ? La réponse est probablement à nuancer. En effet, non seulement la diversité des espèces sauvages diminue, leurs effectifs fondent, mais, en plus, même au sein des espèces domestiques, la diversité régresse tandis que l'homogénéité des troupeaux modernes augmente pour satisfaire aux besoins des pratiques industrielles de transformation en aval. Or, très peu de lignées domestiques ont été sélectionnées sur des critères de résistance aux maladies ou aux variations climatiques ; la productivité est presque toujours passée avant.

Les conséquences sanitaires de cette orientation productiviste sont peut-être encore à venir. En effet, l'étude de la biodiversité naturelle suggère que les capacités d'adaptation et d'évolution résident dans la diversité, à tous les niveaux [Blondel, 2012]. Il faut y ajouter la taille du cheptel domestique actuellement présent auprès des populations humaines. Le rôle potentiel de réservoir et de multiplicateur de microorganismes de ces animaux ne doit pas être négligé.

Figure 1
Évolution de la répartition de la biomasse des mammifères terrestres
du début du Néolithique à aujourd'hui.
Les trois catégories sont mammifères sauvages, mammifères domestiques et Homme.
 (© Vourc'h *et al.*, 2021)

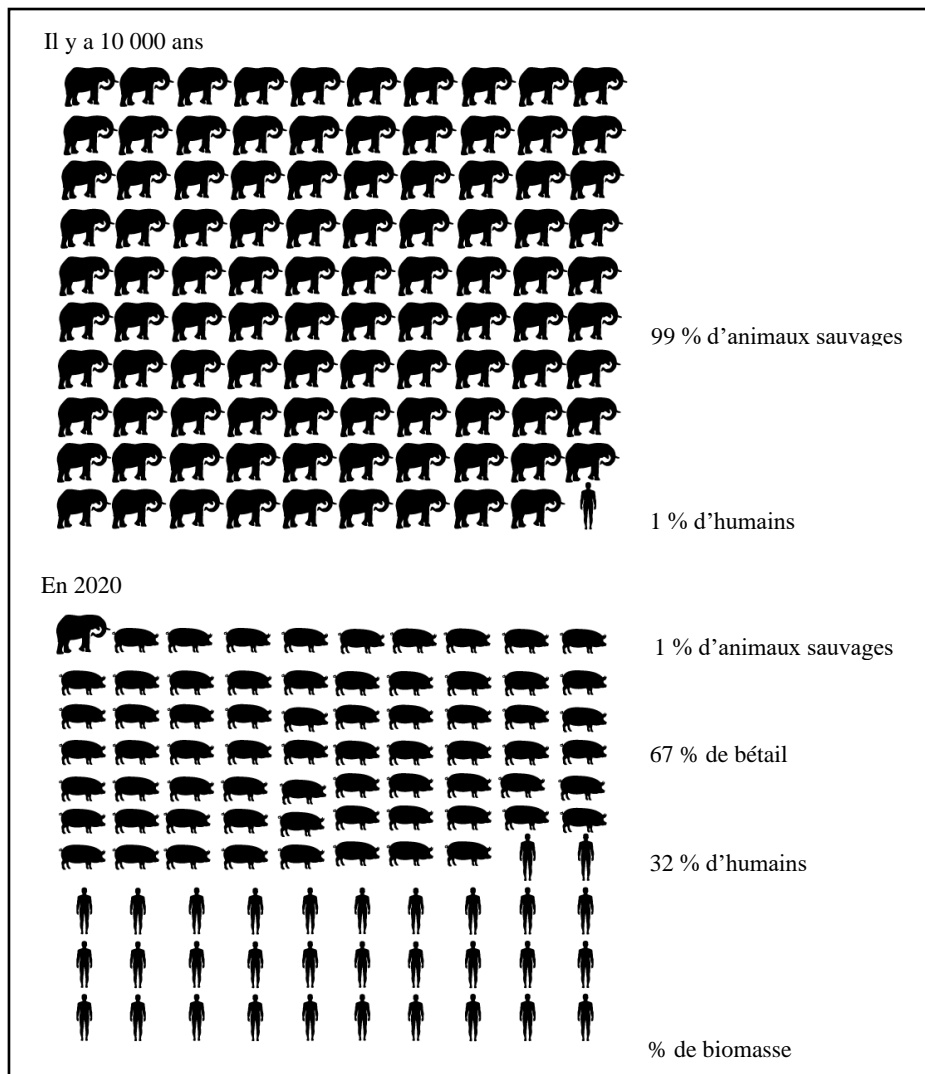


Tableau 2
Évolution des effectifs contemporains des principales espèces animales de rente
 (source FAO, <https://www.fao.org/faostat>)

Années	Bovins	Petits ruminants	Porcins	Volailles
1900	0,50 Mrd	0,75 Mrd	0,20 Mrd	
1965	1 Mrd	1,4 Mrd		
2014	1,45 Mrd	1,9 Mrd	0,98 Mrd	19,6 Mrds
2017	1,5 Mrd	2,5 Mrds	0,97 Mrd	22,8 Mrds

Mrd : milliard

Après la démographie humaine et la démographie des animaux de rente, on peut citer un autre paramètre important dans l'épidémiologie des

nouvelles comme des anciennes maladies. *La rapidité des échanges et l'augmentation des volumes des biens et des personnes déplacés*

représentent une autre caractéristique de ce début de XXI^e siècle. Initialement, tout se faisait à pied, même si les voyages maritimes sont certainement très anciens quand on pense aux peuplements d'archipels isolés ou aux activités commerciales sur le pourtour méditerranéen dans l'antiquité. Depuis la Renaissance, il suffit de rappeler que la traversée de l'Atlantique se comptait pratiquement en mois au XVI^e siècle (le premier voyage de Christophe Colomb a duré sept semaines), puis les délais se sont raccourcis : semaines au XVIII^e, jours au début du XX^e et ils ne durent maintenant que quelques heures avec les avions. Or, la plupart des maladies infectieuses ont des périodes d'incubation de quelques jours. Il est alors très facile de prendre l'avion, apparemment sain, de traverser un continent ou deux et de

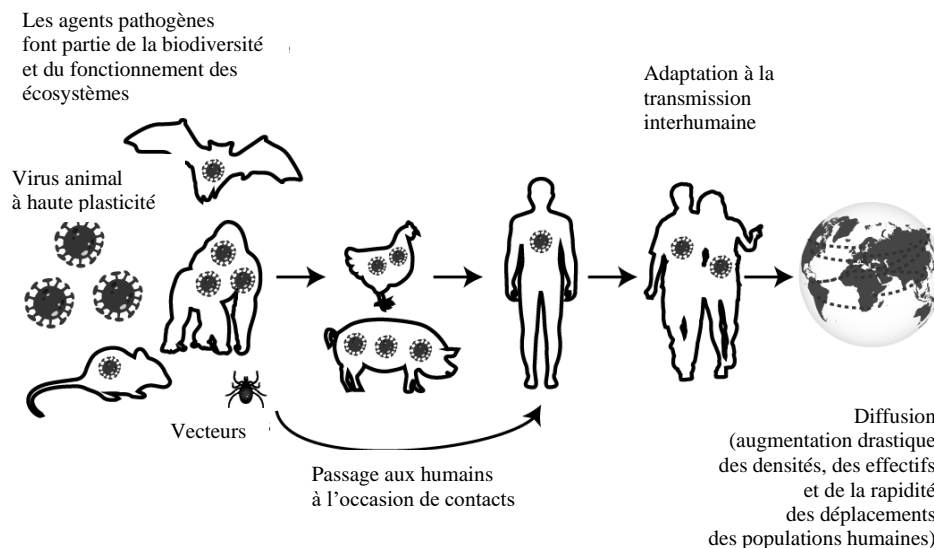
développer une infection transmissible, pas toujours clinique, à l'autre bout de la planète. Les foyers peuvent alors se répandre rapidement et déclencher plusieurs épidémies, quelles que soient les origines du premier cas. En 2019, les avions ont transporté quatre milliards de passagers [Gemenne et Rankovic, 2019].

La figure 2 résume ces données. Aujourd'hui, les flèches horizontales, celles qui font passer les microorganismes d'un compartiment à un autre (faune sauvage à faune domestique puis à l'Homme, de l'échelle globale à l'échelle mondiale) sont majoritairement sous la dépendance de facteurs anthropiques.

Figure 2

**Schéma de circulation des microorganismes entre les trois compartiments considérés :
faune sauvage, faune domestique, Homme, à l'échelle planétaire**

(© Vourc'h *et al.*, 2021)



IV - TRAVAILLER ENSEMBLE

Pour certains auteurs, l'impact des activités agricoles, industrielles et commerciales depuis le XIX^e siècle sur l'évolution de certains paramètres physiques de la planète justifie l'idée *que l'ère géologique actuelle peut être appelée « anthropocène »* [Gemenne et Rankovic, 2019]. Le changement climatique en est une des illustrations possibles. Cette évolution peut donc avoir des impacts sur les paramètres de nombreux cycles épidémiologiques, comme sur les facteurs de risque propres aux maladies microbiennes et parasitaires. La question n'est pas le risque que représente la

biodiversité mais le risque que les activités humaines font courir à l'humanité au travers des comportements « à risque ».

Il faut donc bien distinguer la notion de danger de celle de risque. La biodiversité rassemble certainement de nombreux microorganismes et donc une longue liste de dangers microbiens potentiels. Tant qu'ils restent dans leurs réservoirs ou vecteurs sauvages, le risque, c'est-à-dire la probabilité que la maladie correspondante se développe dans la population humaine, reste faible, mais non nul bien sûr.

Le défi n'est évidemment pas d'empêcher un premier cas (c'est sans doute difficile, voire impossible), mais de le repérer rapidement. Pour cela, il faut des systèmes d'épidémiosurveillance capables de les identifier rapidement et de proposer aussitôt une intervention corrective adaptée à la gravité de l'événement. Ceci impose deux niveaux de coopération.

D'une part, entre pays, comme dans le cas de la météorologie, puisque ni les virus, ni les nuages ne connaissent les frontières.

D'autre part, au sein des pays afin que les divers services de santé sachent échanger entre eux pour travailler ensemble (médecins, ingénieurs sanitaires, pharmaciens, épidémiologistes, modélisateurs, économistes, sociologues, microbiologistes, écologues, entomologistes, zoologues, vétérinaires, etc.), avant, pendant et après une crise. En effet, l'idée n'est pas seulement d'attendre le premier malade humain, mais de suivre aussi les populations d'oiseaux, de rongeurs, de tiques ou de diptères, les tendances climatiques et l'évolution des paysages. Il faut donc des équipes de recherche pluridisciplinaires. Je rappelle qu'à ma connaissance aucun retour d'expérience national, avec tous les ministères, services, institutions, acteurs concernés, n'a encore eu lieu sur les grandes épidémies de la fin du XX^e siècle et du début de ce XXI^e siècle (SIDA, vache folle, fièvre aphteuse, SRAS, influenza aviaire, fièvre catarrhale ovine, grippe).

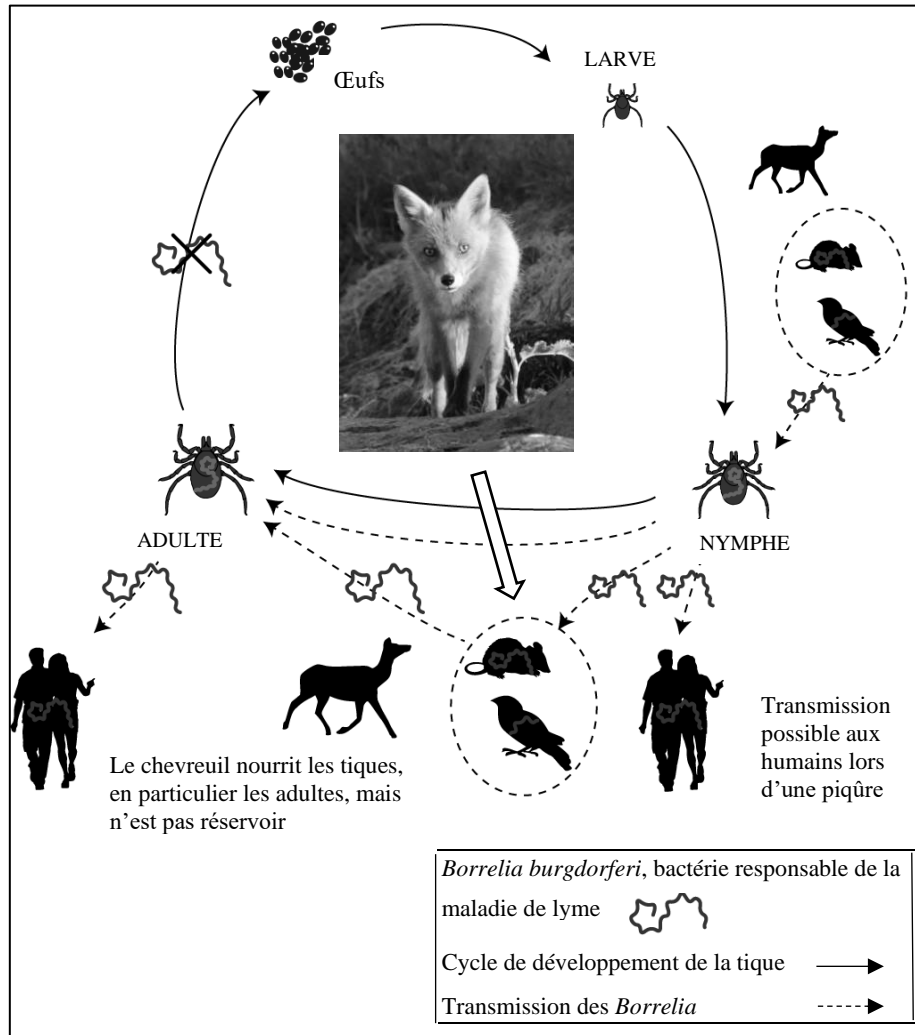
C'est ainsi que l'on peut mettre en évidence et analyser deux des conséquences possibles de l'évolution démographique évoquée plus haut et de la réduction de la biodiversité. Il s'agit de l'effet de seuil et de l'effet de dilution, deux phénomènes épidémiologiques importants.

Dans le cas de *l'effet de seuil*, certains événements ne peuvent apparaître que si la population cible atteint un certain effectif, ou une certaine densité, ou un certain nombre d'interactions entre les individus qui la composent. On a longtemps pris l'exemple de l'Islande et de la rougeole [Mourez *et al.*, 2019]. La population de l'île, d'environ 350 000 habitants aujourd'hui, est toujours inférieure à l'effectif nécessaire au maintien du virus dans une population humaine (environ 500 000 personnes). Chaque introduction du virus, propre à l'espèce humaine, par un voyageur infecté pouvait entraîner une série de cas, mais la rapidité de la transmission, l'acquisition d'une immunité post-infection, même avant la vaccination, ne permettaient plus au virus de trouver des individus réceptifs et il disparaissait. Dans un effectif plus important, avec un plus grand brassage et des naissances, le virus peut circuler nettement plus longtemps, voire de manière pérenne.

L'accroissement des effectifs et des échanges est donc favorable à de nombreux agents microbiens. Des villes de plus de 10 millions, voire dépassant 20 millions d'habitants, représentent aujourd'hui de formidables défis de santé publique. Puisqu'aucune ville n'est vide d'animaux, voulus ou non, le défi est forcément multiple. Entre les animaux de compagnie, parfois des animaux de production, les espèces commensales et les invertébrés possiblement vecteurs de microorganismes et de parasites, de nombreuses spécialités professionnelles sont concernées et nécessaires.

L'effet de dilution a été observé de manière naturelle lors de l'invasion du continent américain par le virus du Nil occidental (West Nile) à partir de 1999 et au début du XXI^e siècle. Cet arbovirus, propre à l'Ancien Monde jusque-là, a été introduit à New York par avion, probablement par le déplacement commercial d'oiseaux de volière porteurs. Les moustiques locaux se sont avérés compétents. La traversée de l'Amérique du Nord en quelques années, d'est en ouest et du nord au sud, a été spectaculaire et sévère avec plus de 2 000 décès humains et des milliers de morts animales, domestiques (chevaux) et sauvages (surtout des oiseaux). Le virus est d'abord un virus d'oiseaux et il se transmet par piqûres de moustiques [Mourez *et al.*, 2019]. Curieusement, l'arrivée en Amérique du Sud a été beaucoup plus discrète, avec beaucoup moins de pertes enregistrées [Komar et Clark, 2006 ; Swaddle et Calos, 2008]. Il faut, bien sûr, savoir interpréter les données à leur juste valeur. Une absence de données ne signe pas nécessairement l'absence du phénomène étudié. Mais en regardant de manière critique les informations disponibles, il semble que les cas ont été vraiment moins nombreux en Amérique tropicale qu'en Amérique tempérée et boréale. Une explication avancée est la plus grande richesse en espèces de moustiques et en espèces d'oiseaux au sud qu'au nord, avec un effet de dilution du virus chez des espèces chez lesquelles il se multiplie peu et se maintient mal. La conséquence est un risque de transmission diminué vers les êtres humains. Le même phénomène de dilution est observé en Amérique du Nord et en Europe pour la borréliose de Lyme [Levi *et al.*, 2012]. Là où la guildes des carnivores mangeurs de rongeurs est la plus riche, la densité de tiques porteuses de la bactérie est la plus faible. Il faut certainement rester prudent avant de généraliser ces résultats mais ils donnent des indications intéressantes sur les liens pouvant exister entre la biodiversité et certains paramètres épidémiologiques. La figure 3 rappelle le cycle épidémiologique de la borréliose de Lyme. Les prédateurs de petits mammifères peuvent intervenir lorsque la bactérie est hébergée chez les rongeurs.

Figure 3
Cycle épidémiologique de la borréliose de Lyme.
Les prédateurs des rongeurs peuvent faire baisser le risque d'exposition humaine
 (© Vourc'h *et al.*, 2021)



V - VIRUS DE MAMMIFÈRES

La prise de conscience de l'immense diversité microbienne, bactérienne et surtout virale, a inspiré diverses études. Une comparaison du nombre de virus aujourd'hui connus par ordre de mammifères semble indiquer que le chiffre est relativement proportionnel au nombre d'espèces connues dans chaque ordre, sachant que très peu des plus de 2 000 espèces de rongeurs et des plus de 1 400 espèces de chauves-souris ont été explorées. Le risque semble néanmoins assez homogène [Mollentza et Streicker, 2020 ; Vourc'h *et al.*, 2021]. Il semble également que par proximité et durée de cohabitation, les espèces domestiques représentent

un risque de transmission globalement plus élevé pour les personnes que les espèces sauvages, plus lointaines [Vourc'h *et al.*, 2021]. Une autre démarche consiste à identifier le plus possible de virus par groupes zoologiques avec l'espoir d'identifier le futur agent responsable de la prochaine pandémie. C'est ainsi qu'il existe le projet PREDICT pour les virus de chiroptères [Grange *et al.*, 2021]. Disons qu'à ce jour, cette démarche n'a pas encore apporté d'information très pertinente et que, par exemple, le virus animal responsable du SRAS de 2002-2003 et celui à l'origine de la COVID-19, ne sont toujours pas connus. Quant aux

coronavirus de chauves-souris identifiés à ce jour, ils ne sont associés à aucune maladie ou infection humaine. Il n'est donc pas du tout évident qu'il soit possible de prédire qu'un nouveau virus isolé chez un mammifère, quel qu'il soit, sera ou ne sera pas dangereux pour les humains. Aurait-il été possible d'anticiper que parmi les filovirus du groupe Ebola, les souches Zaïre sont pathogènes contrairement aux souches Reston, à la seule lecture de leurs génomes respectifs ? Le réservoir naturel des espèces du genre *Ebolavirus* n'est d'ailleurs toujours pas connu, contrairement à celui du genre *Marburgvirus* (chiroptères de la famille des ptéropodidés).

Si les chauves-souris sont devenues, à leur corps défendant, d'étonnants modèles pour étudier les relations hôtes-virus chez des mammifères, il faudrait davantage les voir comme une source de solutions possibles face à certains risques que comme un sujet de préoccupation [Moutou, 2021b]. Les liens entre leurs capacités réparatrices de l'ADN, conséquences du métabolisme oxydatif élevé associé au vol battu, et une résistance à certains virus, ont été avancés [Zhang *et al.*, 2013]. La longévité de certaines petites espèces (40 ans pour une masse de 50 grammes) est remarquable [Foley *et al.*, 2018]. Enfin, leur capacité de réaction face au phénomène inflammatoire intrigue [Goha *et al.*, 2020].

VI - EXEMPLES

Quelques illustrations peuvent rappeler les liens existants entre espèces de mammifères quand il s'agit d'échanger des microorganismes, avec un exemple bactérien et deux exemples viraux [Vourc'h *et al.*, 2021].

Les mycobactéries permettent d'illustrer plusieurs cas de figure. *Mycobacterium tuberculosis* semble propre à l'espèce humaine et aurait été acquis par *Homo sapiens* avant sa sortie d'Afrique. La bactérie aurait ainsi été introduite progressivement hors d'Afrique. Elle serait arrivée tardivement en Amérique avec les premiers humains durant la dernière glaciation depuis l'Asie par le pont de terre de la Bérिंगie présent entre les deux continents au nord de l'océan Pacifique. Cette bactérie pourrait avoir été à l'origine de la disparition d'une espèce de proboscidiens propre à l'Amérique du Nord, un mastodonte, espèce qui se serait révélée très sensible à la bactérie [Nickell et Moran, 2017]. Dans le cas des bovins fraîchement domestiqués au Néolithique, la bactérie humaine serait devenue *M. bovis*, adaptation à *Bos taurus*, forme domestique de l'aurochs (*Bos primigenius*), de la mycobactérie humaine [Moutou, 2020]. Cela aurait pu se faire au moment de l'introduction des bovins domestiques en Afrique [Loiseau *et al.* 2020].

La relation humains-bovins est ancienne et dense. Dans le cas d'un *Morbillivirus* (famille des paramyxoviridés) l'échange s'est fait en sens inverse. L'ancêtre de tous les bovins domestiques, l'aurochs, aujourd'hui éteint, hébergeait probablement le virus responsable de la peste bovine. Cette maladie a ravagé les élevages de bovins de l'Ancien Monde jusqu'au début du XX^e siècle. Les analyses virologiques suggèrent fortement que ce virus est à l'origine du virus de la

rougeole humaine, par adaptation et donc « humanisation » après la domestication de cette espèce qui a donné tous les bovins domestiques, à bosse et sans bosse. L'Homme est le seul primate connu avec un *Morbillivirus* [Düx *et al.*, 2020]. Curieusement, il a été possible d'éradiquer la peste bovine de la planète par vaccination généralisée des cheptels alors qu'il semble toujours plus difficile de vacciner les enfants contre les maladies infantiles dans certaines régions du monde. En Europe même, la rougeole a fait un retour remarqué au début du XXI^e siècle [Moutou, 2014].

Dans le cas du SRAS, apparu fin 2002 et disparu mi-2003, le vecteur ayant transmis le virus à l'Homme semble connu : il s'agit de la civette palmiste masquée (*Paguma larvata*), mais la véritable origine du *Coronavirus* responsable n'a toujours pas été mise en évidence plus de 15 ans après [Moutou, 2020]. Un virus de chauve-souris de la famille des rhinolophidés est suspecté mais pas encore identifié. Le schéma conduisant à la COVID-19 présente quelques points communs, mais les histoires naturelles de ces deux maladies sont différentes. Si des pangolins, représentés par huit espèces de mammifères insectivores de l'ordre des pholidotes et de la famille des manidés, ont été rapidement cités, il s'agit probablement d'une coïncidence. En effet, en septembre 2019, une publication décrit quelques virus de pangolins, dont des *Coronavirus*. Les animaux ont été saisis par les douanes chinoises au printemps 2019 et transmis à un laboratoire de virologie du sud du pays [Liu *et al.*, 2019]. C'est donc avant le début de la pandémie. La comparaison des souches de pangolins et du SARS-CoV-2 ne suggère pas une origine commune.

VII - CONCLUSION

Quelles leçons tirer fin 2021 de la pandémie de COVID-19 et de la crise associée, toujours en cours ? Si le virus vient bien des chiroptères, il semble aujourd'hui qu'aucun isolement viral n'a encore permis de trouver son point de départ. Rien n'avait donc été anticipé. La COVID-19 correspond plus à la définition d'une « maladie d'origine animale », comme la rougeole, qu'à celle d'une « zoonose », maladie dont l'agent circule régulièrement et naturellement entre plusieurs espèces dont l'espèce humaine. Curieusement, le virus SARS-CoV-2 est bien zoonotique. Des personnes infectées ont contaminé diverses espèces animales, essentiellement domestiques, ou sauvages captives (visons d'Amérique d'élevage), ou encore sauvages vivant en liberté (cerf de Virginie en Amérique du Nord). Dans le cas des visons d'élevage, le virus a même pu revenir vers des personnes.

Il manque toujours l'origine, comme pour le SRAS de 2002-2003. Il est et sera difficile de faire un retour d'expérience pertinent avec cette lacune de connaissance. Pourtant quelle que soit la localisation géographique de l'émergence de la COVID-19, l'enjeu est planétaire. Ici, c'est plus le processus « d'humanisation » d'un virus de chauve-souris que l'isolement d'un nouveau virus de chiroptère qu'il importerait de connaître et de comprendre. La surveillance serait probablement plus à cibler vers les tout premiers cas humains, lorsque le virus zoonotique existe déjà, que vers de nouveaux virus animaux, futurs et très hypothétiques virus zoonotiques selon des processus non identifiés. L'accélération des contacts humains-non humains sans anticipation des enjeux sanitaires représente un facteur de risque d'émergence.

La rapidité de la mise au point de vaccins courant 2020, les premiers étant déjà disponibles en décembre, représente un succès. Faut-il y voir la preuve que la technique pourra résoudre tous les problèmes, y compris ceux en partie causés par les activités humaines ? Il est trop tôt pour le dire. On peut néanmoins constater que la disponibilité de ces vaccins n'est pas encore optimale et pas vraiment équitablement répartie entre les pays fin 2021.

En 2015, l'ONU a proposé une liste de 17 « objectifs du développement durable » (ODD). Clairement, les

données et les prévisions associées aux retombées du changement climatique ne permettent plus de douter beaucoup des conséquences prochaines des activités anthropiques à l'échelle planétaire. C'est bien à cette échelle que tout doit être repensé [Gemenne et Rankovic, 2019]. Déjà en 2015, la population humaine était devenue urbaine à 85 %, sachant que 300 villes concentrent 22 % de cette population mondiale. D'un point de vue épidémiologique, ce schéma est nouveau et unique, sans précédent. Le grand défi contemporain consistera à répartir les évolutions nécessaires de manière juste entre pays, entre continents. Aujourd'hui, environ 10 % de la population mondiale émet 50 % du CO₂ alors que 50 % de cette même population n'en émet que 10 %. En 2014, on estime que si l'humanité consommait comme la moyenne de la population française, cette même année, il aurait fallu 2,8 planètes pour lui offrir un niveau de consommation équivalent. Ces chiffres suggèrent assez simplement que de nouveaux critères de « réussite » seraient à conceptualiser.

Parmi les 17 ODD de l'ONU évoqués ci-dessus, on peut en noter deux particuliers. Le 3 s'appelle « Bonne santé et bien-être » et le 8 « Travail et croissance économique ». On peut se poser la question, en 2021, de savoir s'il existe une adéquation possible et positive entre les deux objectifs. Un ouvrage récent comme celui d'Eloi Laurent interroge la pertinence des indicateurs de croissance contemporains [Laurent, 2020]. Le fameux PIB (produit intérieur brut) peut être tiré vers le haut par les plus grandes fortunes alors que la pauvreté nationale croît. Le titre et le sous-titre du livre « *Et si la santé guidait le monde ? L'espérance de vie vaut mieux que la croissance* » posent une belle question à un épidémiologiste. En prolongeant le raisonnement on peut suggérer que cette notion de santé n'est pas limitée exclusivement à la seule espèce humaine. On peut facilement y associer la santé des animaux domestiques, qu'ils soient de compagnie ou de rente. Étendre aux non domestiques est alors assez aisé. La notion de « Une seule santé » n'est plus très loin, avec quelques déclinaisons possibles [Morand *et al.*, 2020]. L'idée sous-jacente est de ne pas envisager l'amélioration globale de la santé au seul profit de l'espèce humaine mais de faire en sorte que la santé soit la mieux partagée possible.

BIBLIOGRAPHIE

- Ar Gouilh M. et Moutou F. - Infections zoonotiques et émergences virales. In : Mourez T et coll, ed, *Traité de Virologie médicale*. 2^e éd. Paris : Société Française de Microbiologie, Société Française de Virologie, 2019, 97-106.
- Bapteste E. - *Tous entrelacés ! Des gènes aux super-organismes : les réseaux de l'évolution*, Belin, 2018.
- Bar-On Y.M., Rob Ph., Ron M. - The biomass distribution on Earth. *PNAS*, 2018
www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1711842115
- Blondel J. - *L'Archipel de la vie. Essai sur la diversité biologique et une éthique de sa pratique*, Buchet Chastel, 2012.
- Düx A. *et al.* - Measles virus and rinderpest virus divergence dated to the rise of large cities. *Science*, 2020, **368**(6497), 1367-1370.
Doi:10.1126/science.aba9411.
- Foley N.M. *et al.* - Growing old, yet staying young: The role of telomeres in bats' exceptional longevity. *Sci. Adv.*, 2018, **4**(2), eaao0926.
Doi: 10.1126/sciadv.aao0926.
- Funk M. *et al.* - Capture of a hyena specific retroviral envelope gene with placental expression associated in evolution with the unique emergence among carnivorans of hemochorial placentation in Hyaenidae. *J. Virol.*, 2019, **93**, e01811-18.
https://doi.org/10.1128/JVI.01811-18.
- Gemenne F., Rankovic A. - *Atlas de l'Anthropocène*. Paris : Presses de Sciences Po, 2019.
- Goha G. *et al.* - Complementary regulation of caspase-1 and IL-1 β reveals additional mechanisms of dampened inflammation in bats. *PNAS*, 2020, **117**(46), 28939-28949.
- Grange Z.L. *et al.* - Ranking the risk of animal-to-human spillover for newly discovered viruses. *PNAS*, 2021, **118** No, 15 e2002324118.
- Kolbert E. - *La 6e extinction*. Vuibert, 2015.
- Komar N., Clark G.G. - West Nile Virus activity in Latin America and the Caribbean. *Rev. Panam. Salud Publica*, 2006, **19**(2), 112-7.
- Laurent E. - *Et si la santé guidait le monde ? L'espérance de vie vaut mieux que la croissance*. Les Liens qui Libèrent, 2020.
- Lavialle C. *et al.* - Paleovirology of 'syncytins', retroviral env genes exapted for a role in placentation. *Phil. Trans. R. Soc. B*, 2013, **368**, 20120507.
http://dx.doi.org/10.1098/rstb.2012.0507
- Levi T. *et al.* - Deer, predators, and the emergence of Lyme disease. *PNAS*, 2012, **109**(27), 10942-10947.
- Liu P. *et al.* - Viral Metagenomics Revealed Sendai Virus and Coronavirus Infection of Malayan Pangolins (*Manis javanica*). *Viruses*, 2019, **11**, 979.
doi:10.3390/v11110979
- Loiseau C. *et al.* - An African origin for *Mycobacterium bovis*. *Evolution, Medicine, and Public Health*, 2020, 49-59.
- Mollentzea N., Streicker D.G. - Viral zoonotic risk is homogenous among taxonomic orders of mammalian and avian reservoir hosts. *PNAS*, 2020, **117**(17), 9423-9430.
- Morand S., Guégan J.-F., Laurans Y. - De *One Health* à *Ecohealth*, cartographie du chantier inachevé de l'intégration des santés humaine, animale et environnementale. Iddri, *Décryptage*, 2020, N°04/20.
- Mourez T., Burrell S., Boutelleau D., Pillet S. (eds) - *Traité de Virologie médicale*. 2^e éd. Société Française de Microbiologie, Société Française de Virologie, 2019.
- Moutou F. - La deuxième éradication : la peste bovine. *Bull. Soc. Pathol. Exot.*, 2014, **107**, 135-136.
- Moutou F. - *Des épidémies, des animaux et des Hommes*. 2^e éd. Le Pommier, 2020.
- Moutou F. - *Adopte un virus.com*. Delachaux et Nestlé, 2021a.
- Moutou F. - De la découverte des chauves-souris à l'émergence de la chiroptérologie. In : Keck F, Morvan A. (ed.) (2021) *Chauves-souris. Rencontres aux frontières entre les espèces*. CNRS Éditions, 2021b, 17-34.
- Nickell Z.D., Moran M.D. - Disease Introduction by Aboriginal Humans in North America and the Pleistocene Extinction. *Journal of Ecological Anthropology*, 2017, **19**(1), 29-41.

Selosse M. A. - *Jamais seul. Ces microbes qui construisent les plantes, les animaux et les civilisations*, Actes Sud, 2017.

Swaddle J.P., Calos S.E. - Increased Avian Diversity Is Associated with Lower Incidence of Human West Nile Infection: Observation of the Dilution Effect. *PLoS ONE*, 2008, **3**(6), e2488.
doi:10.1371/journal.pone.0002488

Vourc'h G., Moutou F., Morand S. Jourdain E. - *Les zoonoses, ces maladies qui nous lient aux animaux*. Editions Quae, 2021.

Zhang G. *et al.* - Comparative Analysis of Bat Genomes Provides Insight into the Evolution of Flight and Immunity. *Science*, 2013, **339**, 456-460.

