



HAL
open science

Perte de biodiversité, prélude aux émergences virales

Benjamin Roche, Serge Morand

► **To cite this version:**

Benjamin Roche, Serge Morand. Perte de biodiversité, prélude aux émergences virales. Médecine/Sciences, 2022, 38 (12), pp.1039-1042. 10.1051/medsci/2022160 . hal-03897505

HAL Id: hal-03897505

<https://hal.science/hal-03897505>

Submitted on 13 Dec 2022

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

► Aujourd'hui, l'émergence de zoonoses est un phénomène des plus préoccupants. Avec les exemples récents du virus Ebola, des virus responsables des gripes aviaires, ou des coronavirus, cette menace s'intensifie et fait craindre des pandémies de la même ampleur que celle de la Covid-19. Dans cette synthèse, nous dressons l'état des connaissances sur les mécanismes impliqués dans ces émergences, que ce soit l'impact de l'homme sur les écosystèmes, l'élevage intensif d'animaux domestiques, ou encore le commerce de la faune sauvage. Nous concluons sur l'importance d'adopter une réelle approche intégrée « Une seule santé » (*One health*) afin d'implémenter des solutions au début de ce processus d'émergence et ainsi de prévenir de nouvelles catastrophes. ◀

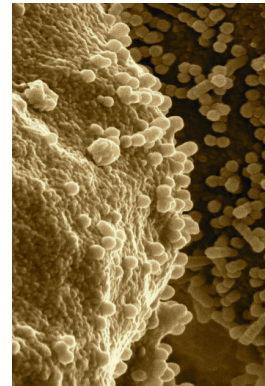
Maladies émergentes et zoonoses. Que sait-on ?

Depuis de nombreuses années, de nouvelles maladies infectieuses émergent continuellement dans le monde [1, 2]. Si la communauté médicale pensait pouvoir fermer le chapitre du fardeau infectieux grâce aux vaccins, antibiotiques et autres thérapies, il est clair que nous sommes passés d'une ère qui semblait ne comprendre que quelques « grandes » maladies (tuberculose, paludisme et maladies infantiles principalement) à une période où de nombreuses maladies peu connues, voire jamais observées, émergent et ré-émergent de plus en plus fréquemment [3]. Si le fardeau global des maladies infectieuses s'est heureusement érodé, leurs diversités et leurs distributions ont drastiquement changé, compliquant d'autant plus leurs contrôles.

En mars 2020, la France, comme de nombreux pays de la planète, est entrée dans un confinement sans précédent afin de réduire la circulation d'un virus, le SARS-CoV-2 (*severe acute respiratory syndrome-*

Perte de biodiversité, prélude aux émergences virales

Benjamin Roche, Serge Morand



Maladies infectieuses et vecteurs : écologie, génétique, évolution et contrôle (MIVEGEC), Université de Montpellier, CNRS, IRD, Montpellier, France
serge.morand@umontpellier.fr
benjamin.roche@ird.fr

related coronavirus-2), qui peu après son émergence, s'est propagé de manière pandémique. En l'absence de vaccins et de thérapies, seul l'isolement des populations permettait de préserver le plus de vies possibles tout en évitant l'effondrement des systèmes hospitaliers. Il s'en est suivi des périodes de relâchement et de re-confinement, plus ou moins strictes, avec des conséquences économiques et sur la santé mentale des populations particulièrement importantes.

Cet événement était malheureusement attendu par la communauté scientifique, tant les épidémies se sont multipliées ces dernières années. La Covid-19 (*coronavirus disease 2019*), causée par le SARS-CoV-2, en est l'exemple récent le plus emblématique, mais seulement le dernier d'une longue liste, que ce soit Ebola, le SARS-CoV, le MERS-CoV (*Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus*), la grippe H1N1, les gripes dites aviaires, et même le sida (syndrome d'immunodéficience acquise) [4, 5]. Pour mieux combattre cette nouvelle menace, il est important de savoir d'où elle provient. Et le constat est sans appel. L'immense majorité de ces agents pathogènes qui émergent chez l'homme possèdent la particularité d'être à l'origine de zoonoses, c'est-à-dire de maladies infectieuses initialement animales qui peuvent infecter de façon plus ou moins importante les hommes [3].

Jusqu'à aujourd'hui, ces épidémies pouvaient mettre des années, voire des décennies à se répandre sur toute la planète, laissant des opportunités pour contrôler leur propagation. Désormais, la connectivité mondiale aidant, le moindre foyer épidémique sur la planète peut se transformer très rapidement en problème mondial. Il était donc très probable qu'une zoonose émergente pouvait dégénérer en pandémie. C'est ce que l'Organisation mondiale de la santé (OMS) avait déjà

Vignette (© Philippe Roingeard).

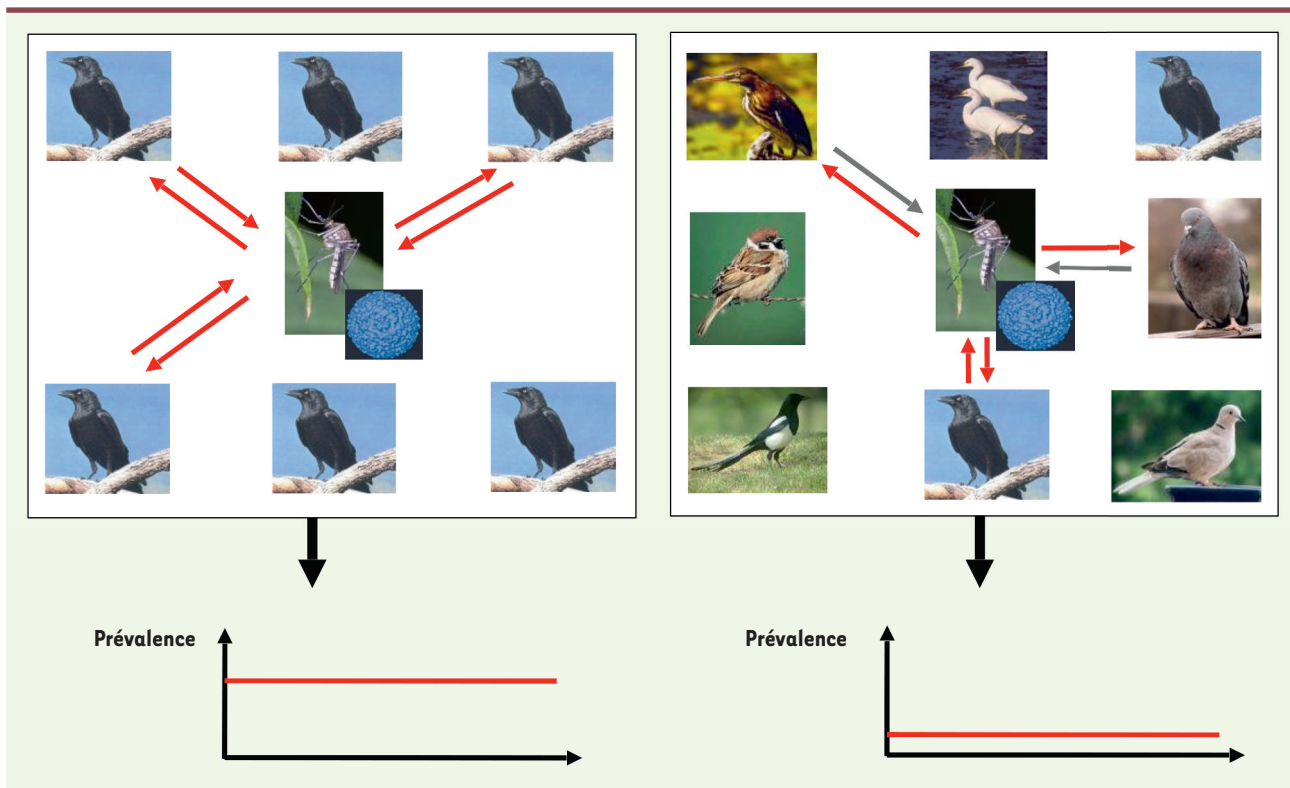


Figure 1. Exemple de l'effet de dilution sur des maladies à transmission vectorielle. À gauche : écosystème avec une faible biodiversité et des hôtes compétents, chaque piqûre infectante va pouvoir infecter un individu vertébré. À droite : écosystème avec forte biodiversité. Un plus grand nombre de piqûres infectantes va se réaliser sur des espèces non compétentes, ce qui va « diluer » la transmission du virus.

nommé « la maladie X »¹ et que nous appelons aujourd'hui Covid-19. Si nous ne comprenons pas les nouveaux écosystèmes dans lesquels ces agents pathogènes se transmettent et comment diminuer leurs circulations, de nouvelles pandémies seront inévitables.

Perte de biodiversité, effet de dilution, adaptation et émergence

L'émergence de zoonoses se déroule en trois étapes² [6]. Les agents pathogènes doivent premièrement circuler dans les écosystèmes à un niveau de transmission relativement élevé. Il est donc impératif de comprendre quels sont les facteurs qui participent à une augmentation de la transmission. Si de nombreux processus peuvent être mis en cause, une théorie qui a reçu beaucoup d'attention ces dernières années est celle de « l'effet de dilution » [7]. Au sein d'écosystèmes à forte biodiversité, de nombreuses espèces vont être incapables de devenir infectantes une fois exposées à un agent pathogène donné. C'est ce que l'on appelle un « hôte tangentiel ». Lorsqu'un individu

de cet « hôte tangentiel » entre en contact avec un individu infecté d'une espèce compétente, il n'y aura ainsi pas de transmission possible. De même, lorsqu'un écosystème est riche en diversité animale, les phénomènes de compétition et de prédation vont avoir pour conséquence de réduire l'abondance des espèces, dont les espèces les plus compétentes pour la transmission d'agents pathogènes, réduisant encore un peu plus le nombre d'animaux potentiellement infectés. Ces « hôtes tangentiels » vont ainsi fortement contraindre la transmission des agents pathogènes.

Dans les écosystèmes riches en biodiversité, la circulation des microbes est en général diminuée par rapport à des écosystèmes à faible biodiversité, ou à biodiversité dégradée. La biodiversité procure en effet un service de « dilution » de la transmission des agents pathogènes (Figure 1). Le déclin de la biodiversité que l'on observe peut ainsi expliquer, au moins partiellement, la circulation plus intense de certains microbes depuis les années 1970. Cette théorie, popularisée au début des années 2000, a reçu des confirmations dans des contextes épidémiologiques très différents, allant de maladies à transmission vectorielle, comme la fièvre du Nil occidental (due à un arbovirus transmis par un moustique)

¹ Le schéma directeur de l'OMS en matière de recherche-développement, publié en 2016, définissait une liste de maladies prioritaires, dont le SRAS, le MERS et les maladies à coronavirus en général, ainsi que la « maladie X », due à un agent pathogène inconnu, et établissait une feuille de route pour la recherche sur chacune d'elles.

² Circulation enzootique ou épizootique dans le réservoir animal, transmission par débordement de l'animal à l'homme, et transmission inter-humaine.

ou la maladie de Lyme (due à une bactérie transportée par une tique) aux États-Unis, à des maladies à transmission directe, comme les hantavirus³ en Europe du nord ou au Mexique [8].

La deuxième étape de l'émergence de zoonoses, après celle de l'augmentation de la circulation des agents pathogènes, repose sur l'augmentation du contact entre populations humaines et populations animales. Si l'effondrement de la biodiversité peut expliquer l'observation d'une faune sauvage en réduction, mais de plus en plus infectée, celui-là est également un facteur modifiant fortement le contact entre animal et homme. En effet, les facteurs les plus importants impliqués dans la perte de biodiversité sont liés à la destruction des habitats naturels, à savoir, la déforestation, l'augmentation des plantations commerciales et l'agriculture intensive. Ces modifications dans l'usage des terres sont aussi intrinsèquement responsables de contacts de plus en plus fréquents entre les populations humaines et des espèces animales qui sont de plus en plus porteuses d'agents pathogènes [9].

Enfin, la troisième étape de cette émergence réside dans la capacité de l'agent pathogène à s'adapter aux populations humaines afin de s'assurer d'une transmission inter-humaine suffisamment efficace. Dans ce contexte, l'identité de l'espèce animale réservoir dans laquelle le microbe circule peut jouer un rôle important. En effet, des virus circulant chez des espèces de primates non humains (PNH) auront une probabilité plus importante de s'adapter aux populations humaines, car la similarité du patrimoine génétique entre PNH et homme rend les réponses immunitaires sensiblement similaires, et le « saut évolutif » que doit faire l'agent pathogène pour s'adapter à son nouvel hôte est moins important. Les chauve-souris, dont le système immunitaire est si particulier, peuvent abriter une grande diversité de virus, pouvant, par simple hasard, produire des variants aptes à s'adapter facilement à l'homme. D'autres espèces domestiquées, en particulier le porc, partagent beaucoup de similarités immunitaires avec l'homme. L'abondance de cette espèce domestique augmente ainsi la fréquence de contacts avec les populations humaines. Nous avons ici aussi un cocktail parfait pour l'émergence de zoonoses au travers d'espèces domestiques, comme cela avait été le cas en 2009 pour la pandémie de grippe mexicaine ou grippe porcine, due au virus influenza A(H1N1) initialement détecté au Mexique.

Le rôle de l'élevage

L'augmentation du cheptel au cours des dernières décennies apparaît comme une cause majeure du déclin de la biodiversité et de l'altération des habitats naturels [10]. Selon les données de la FAO (Organisation des Nations Unies pour l'agriculture et l'alimentation), le nombre de bovins est passé d'un peu moins d'un milliard de têtes en 1960, à plus d'un milliard 600 millions en 2020. Sur la même période, le nombre de porcs est passé de 500 millions à 1,5 milliard, et celui des poulets de 5 milliards à plus de 30 milliards. Le bétail a ainsi une biomasse totale plus élevée que la biomasse totale des êtres humains [11]. Le nombre

de volailles est du même ordre de grandeur que celui de l'ensemble des oiseaux sauvages, dont les effectifs ont chuté, de 200 à 300 milliards d'individus en 1997 [12] à 50 milliards en 2021 [13].

L'accroissement du nombre d'animaux d'élevage contribue à la fois à la crise de la biodiversité et à l'amplification du nombre d'épidémies de zoonoses. L'augmentation du nombre d'épidémies de maladies infectieuses affectant les hommes, comme d'ailleurs les épidémies touchant les animaux d'élevage, est en effet directement reliée à l'accroissement du bétail [14].

Les animaux domestiques, d'élevage et de compagnie, constituent des ponts épidémiques qui favorisent le passage d'agents infectieux hébergés dans la faune sauvage vers les hommes, tout en assurant leur amplification. Des études comparatives récentes montrent ainsi que les animaux domestiques ont un rôle central dans les réseaux de partage d'agents infectieux entre la faune sauvage et les hommes. Pour les virus hébergés chez les chauve-souris, on peut en effet noter le rôle du cochon domestique pour le virus Nipah, du cheval pour le virus Hendra, ou encore du dromadaire pour le MERS-CoV. Les animaux sauvages nouvellement mis en élevage jouent également ce rôle d'espèce pont, comme dans le cas de la civette pour le SARS-CoV.

Le rôle du commerce de la faune sauvage et de sa mise en élevage

L'augmentation du commerce international de la faune sauvage, qu'il soit légal ou illégal, accroît les risques d'émergence d'agents pathogènes, par de nouveaux contacts avec les hommes, comme les risques de leur dissémination à large échelle. Cependant, un récent rapport de l'IUCN (*International Union for Conservation of Nature*) se fondant sur une revue exhaustive des émergences associées à la faune sauvage, suggère que leur commerce n'a contribué que très marginalement aux émergences et aux épidémies [15]. En revanche, le rapport souligne des risques importants associés à la mise en élevage, à différentes fins (fourrure, alimentation, médecine traditionnelle, nouveaux animaux de compagnie), de nombreuses espèces. En République populaire de Chine, par exemple, un peu plus de 14 millions de personnes vivent de l'industrie de la faune sauvage et l'émergence du SARS-CoV s'est produite après l'accroissement spectaculaire des élevages des civettes dans les années qui ont précédé. En Europe, le SARS-CoV-2 s'est également répandu dans des élevages de visons, dont plusieurs millions d'individus ont été abattus afin de stopper la propagation du virus.

³ Les infections à hantavirus sont des zoonoses virales transmises par des rongeurs sauvages infectés.

Le rôle du commerce international

L'extension géographique des épidémies et l'apparition de pandémies sont directement liées à l'augmentation des transports de voyageurs et de marchandises. Selon les données de la Banque mondiale⁴, les transports de voyageurs et de marchandises ont augmenté de manière exponentielle au cours des dernières décennies. Le nombre total de passagers aériens est passé de 332 millions en 1970 à plus de 4 milliards en 2017 (soit une augmentation de 1 250 %). Le volume total de fret aérien est passé, quant à lui, d'environ 15 500 millions de tonnes par km parcouru à plus de 220 000 millions de tonnes en 2017 (soit une augmentation de 1 400 %).

Le tourisme global n'est pas en reste. Dans le monde, les arrivées de touristes internationaux sont passées de 25 millions en 1950 à 1,4 milliard en 2016 (soit 5 600 % d'augmentation) et les projections de l'Organisation mondiale du tourisme (OMT) donnaient, avant la pandémie de Covid-19, un chiffre de 1,8 milliard de touristes d'ici 2030.

La corrélation observée entre l'augmentation des épidémies de maladies infectieuses et l'augmentation des transports est en faveur de l'hypothèse selon laquelle la mondialisation économique accélère le risque pandémique pour de nombreuses maladies infectieuses. Les modélisations mathématiques montrent qu'un accroissement de la mobilité se traduit par une propagation plus rapide et plus globale d'une épidémie, nécessitant l'établissement de mesures diminuant la mobilité afin de ralentir la propagation des agents infectieux. Les réductions précoces des déplacements mises en œuvre au début des épidémies permettent en effet de diminuer considérablement le nombre de villes dans le monde touchées par une épidémie majeure [16].

Conclusion

La Covid-19, due à l'émergence du virus SARS-CoV-2, est en passe de rejoindre le fardeau des maladies infectieuses endémiques. Les possibilités d'éradication de la maladie sont des plus faibles, avec un virus qui montre des capacités remarquables d'évolution avec l'apparition de nouveaux variants. Le passage de tels variants chez la faune sauvage (visons, rongeurs, cervidés) offre des opportunités pour le virus de se maintenir dans de nouveaux réservoirs.

Comme les précédentes épidémies, la Covid-19 nous démontre que la biosurveillance et les mesures de préparation, bien qu'indispensables, ne suffisent pas pour se prémunir des risques de nouvelles pandémies. Il convient de traiter les causes des épidémies et pas seulement leurs conséquences. Il est donc nécessaire d'investir dans la prévention et, pour cela, réduire les facteurs de risques épidémiques liés à l'intensification agricole, l'accroissement de l'élevage, la déforestation et l'extension des plantations commerciales, le développement des infrastructures, l'augmentation des échanges internationaux. De telles mesures, qui doivent être imaginées avec l'ensemble des acteurs locaux, nationaux et internationaux, s'articulant aux échelons territoriaux comme internationaux, auraient l'avantage de contribuer efficacement à la réduction des impacts du changement climatique, à la protection de

la biodiversité et à la sécurité alimentaire, tout en diminuant les risques sanitaires pour les hommes. ♦

SUMMARY

Biodiversity loss, first step for viral emergences

Today, the emergence of zoonoses is one of the biggest concerns for human health. With the recent examples of the Ebola virus, avian flu or coronaviruses, this threat is intensifying and raising fears of pandemics of the same magnitude as Covid-19. In this article, we review the state of knowledge about the mechanisms involved in these emergences, especially the impact of human activities on ecosystems, the intensive breeding of domestic animals or wildlife trade. We conclude on the importance of adopting a real integrated "One Health" approach in order to implement solutions at the beginning of this process of emergence and thus prevent new catastrophes. ♦

LIENS D'INTÉRÊT

Les auteurs déclarent n'avoir aucun lien d'intérêt concernant les données publiées dans cet article.

RÉFÉRENCES

1. Morens DM, Folkers GK, Fauci AS. The challenge of emerging and re-emerging infectious diseases. *Nature* 2004 ; 430 : 242-9.
2. Smith KF, Goldberg M, Rosenthal S, et al. Global rise in human infectious disease outbreaks. *J R Soc Interface* 2014 ; 11 : 20140950.
3. Jones KE, Patel NG, Levy MA, et al. Global trends in emerging infectious diseases. *Nature* 2008 ; 451 : 990-4.
4. Murray L, Vos T, Lozano R, et al. Disability-adjusted life years (DALYs) for 291 diseases and injuries in 21 regions, 1990-2010: A systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2010. *Lancet* 2012 ; 380 : 2197-223.
5. Vos T, Barber RM, Bell B, et al. Global, regional, and national incidence, prevalence, and years lived with disability for 301 acute and chronic diseases and injuries in 188 countries, 1990-2013: A systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2013. *Lancet* 2015 ; 386 : 743-800.
6. Lloyd-Smith JO, George D, Pepin KM, et al. Epidemic Dynamics at the Human-Animal Interface. *Science* 2009 ; 326 : 1362-7.
7. Keesing BF, Ostfeld RS. Is biodiversity good for your health? *Science* 2015 ; 349 : 235-7.
8. Ostfeld RS, Keesing F. Effects of Host Diversity on Infectious Disease. *Annu Rev Ecol Syst* 2012 ; 43 : 157-82.
9. Morand S, Lajunie C. Outbreaks of vector-borne and zoonotic diseases are associated with changes in forest cover and oil palm expansion at global scale. *Front Vet Sci* 2021 ; 24 : 661063.
10. Alkemade R, Reid RS, van den Berg M, et al. Assessing the impacts of livestock production on biodiversity in rangeland ecosystems. *Proc Natl Acad Sci USA* 2013 ; 110 : 20900-5.
11. Bar-On YM, Phillips R, Milo R. The biomass distribution on Earth. *Proc Natl Acad Sci USA* 2018 ; 115 : 6506-11.
12. Gaston KJ, Blackburn TM. Evolutionary age and risk of extinction in the global avifauna. *Evol Ecol* 1997 ; 11 : 557-65.
13. Callaghan CT, Nakagawa S, Cornwell WK. Global abundance estimates for 9,700 bird species. *Proc Natl Acad Sci USA* 2021 ; 118 : e2023170118.
14. Morand S. Emerging diseases, livestock expansion and biodiversity loss are positively related at global scale. *Biol Conserv* 2020 ; 248 : 108707.
15. Kock R, Caceres-Escobar H. *Situation analysis on the roles and risks of wildlife in the emergence of human infectious diseases*. Gland, Switzerland : IUCN, 2022 : 112p.
16. Cooper BS, Pitman RJ, Edmunds WJ, et al. Delaying the international spread of pandemic influenza. *PLoS Med* 2006 ; 3 : e212.

TIRÉS À PART

B. Roche

⁴ <https://donnees.banquemondiale.org/indicateur/IS.AIR.GOOD.MT.K1>