



# Le coronavirus du syndrome de la diarrhée aiguë porcine en Chine (CoV-SDAP)

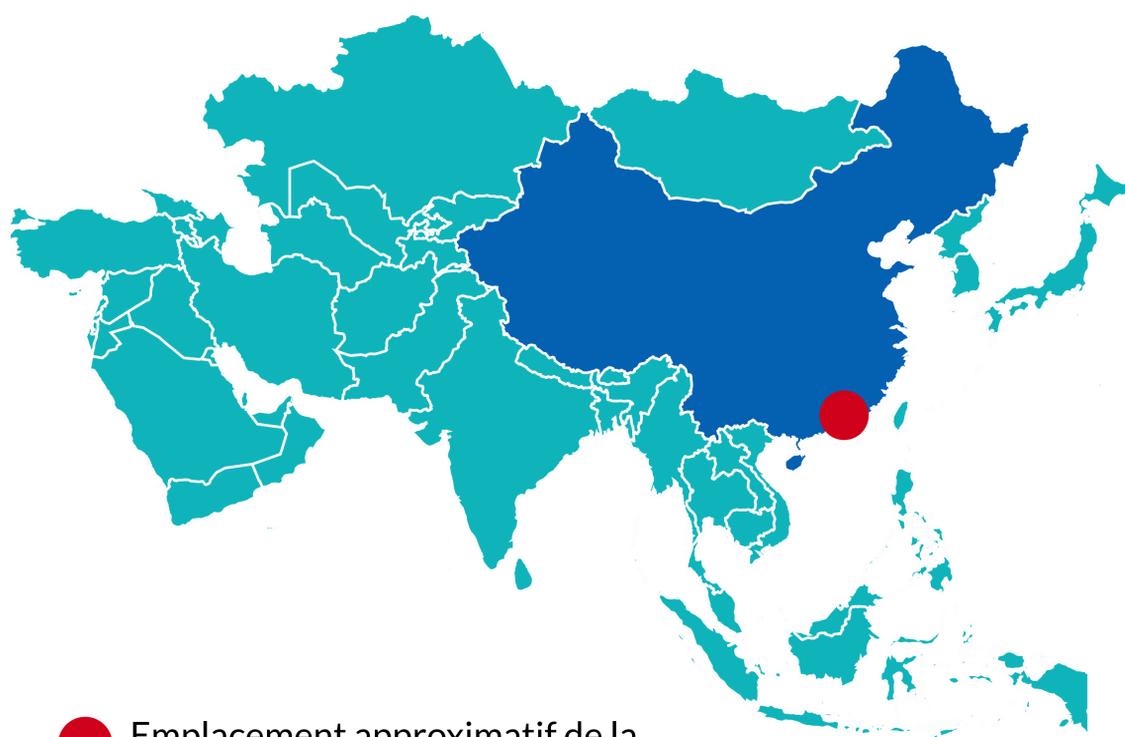
Profil de risque d'une maladie émergente  
Iteration 3  
Avril 2022

*Le présent document a été produit par la Communauté des maladies émergentes et zoonotiques. Il s'agit d'une évaluation préliminaire qui pourra être mise à jour lorsque de nouveaux renseignements seront accessibles. Les opinions qui y sont exprimées ne représentent pas nécessairement celles des institutions de leur auteur.*

D'octobre 2016 à mai 2017, une éclosion de coronavirus du syndrome de la diarrhée aiguë porcine (CoV-SDAP) a touché quatre élevages porcins de la province du Guangdong, en Chine. Depuis ce temps, aucun cas de la maladie n'a été signalé à Guangdong avant sa réémergence en février 2019 ([Zhou et al 2019](#)). Des enquêtes rétrospectives suggèrent que la maladie est présente dans les troupeaux de porcs du sud de la Chine depuis août 2016 ([Zhou 2018a](#)).

Comme dans le cas des autres coronavirus entériques porcins, les signes cliniques incluent une diarrhée et des vomissements aigus et une mortalité rapide (à l'intérieur de 2 à 6 jours) chez les porcelets de moins de 5 jours. Les truies infectées n'ont souffert que de diarrhée légère. Le taux de mortalité peut être aussi élevé que 90 % chez les porcelets. Les mesures de lutte contre la maladie incluaient la séparation des truies et des porcelets malades du reste du troupeau ([Zhou et al., 2018b](#)) et leur vaccination avec un vaccin inactivé contre le CoV-SDAP ([Zhou et al. 2019](#)).

Après les éclosions de CoV-SDAP dans les exploitations porcines, les chercheurs ont mené une enquête rétrospective et ont découvert des coronavirus liés au SDAP (souche HKU2) avec une parité de séquence à 96-98 % pour 9,8 % des écouvillons anaux (58 sur 591) prélevés chez les chauves-souris (principalement des chauves-souris fer à cheval: *Rhinolophus* spp.) dans le même secteur (Zhou et al., 2018b) ([Zhou et al., 2018b](#)).



● Emplacement approximatif de la province du Guangdong



## TRIAGE

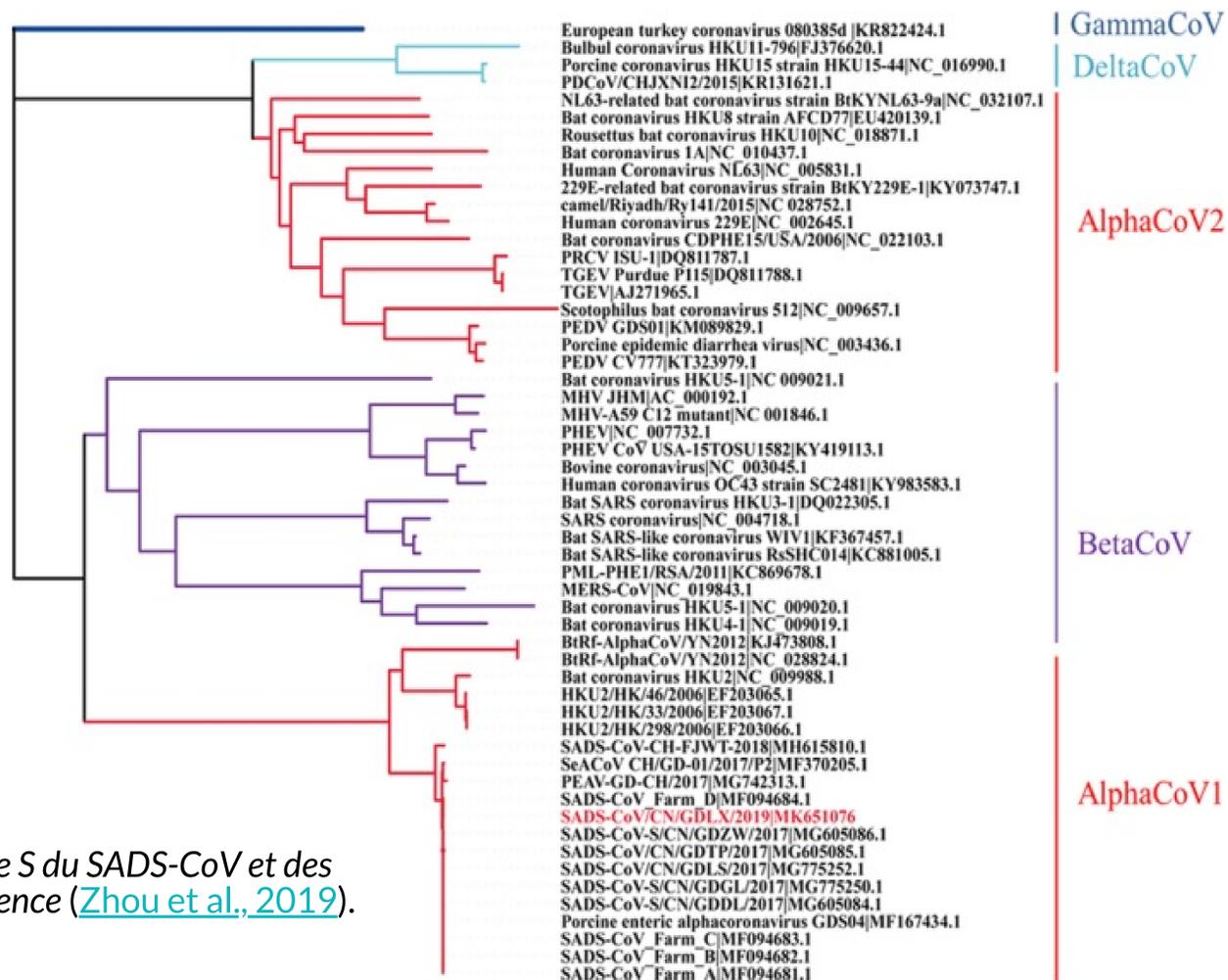
Cet événement a été considéré comme faisant partie du cadre d'activité de la Communauté des maladies émergentes et zoonotiques (CMEZ), et a essentiellement été jugé pertinent ou hautement pertinent par la communauté suite à la publication d'un premier rapport public en 2018. Il s'agit d'un nouveau virus qui n'a jusqu'à présent été signalé qu'en Chine, et sur lequel on a très peu de données. Une extrapolation basée sur le comportement de virus apparentés à celui-ci peut être faite, mais cela doit être interprété avec prudence. Lorsque des études ayant démontré la capacité du CoV-SDAP à se répliquer dans des cellules humaines ont été publiées, une discussion a eu lieu afin d'échanger sur le potentiel zoonotique de cet agent pathogène.

Une mise à jour du profil de risque a été complétée en 2020, afin d'inclure de nouvelles informations sur les éclosions de 2019, d'examiner les implications zoonotiques des nouvelles recherches en 2020 et d'identifier les préoccupations, les écarts de données et les trajectoires/scénarios qui pourraient justifier un examen plus approfondi. Le profil a de nouveau été mis à jour en 2022, pour inclure un nouveau rapport sur la capacité du virus à infecter la volaille.



## ÉTIOLOGIE

Le CoV-SDAP (aussi appelé coronavirus alpha entérique porcin, ou CoVAeP) est un nouveau coronavirus alpha (ARN avec enveloppe) étroitement apparenté aux souches HKU2 présentes chez la chauve-souris. Selon une analyse phylogénétique, ([Gong et al., 2017](#); [Zhou et al., 2019](#)), les autres coronavirus alphas étroitement apparentés incluent diverses souches de coronavirus présentes chez la chauve-souris, le coronavirus humain 229E (qui cause le rhume commun) et le virus de la diarrhée épidémique porcine (VDEP). D'autres coronavirus légèrement plus éloignés incluent le coronavirus respiratoire porcine et le virus de la gastroentérite transmissible. Les coronavirus bêta, moins étroitement apparentés, incluent le CoV SDAP et le CoV-SRMO (voir figure 2). Le CoV-SDAP a montré une homologie et une phylogénie de séquence élevée avec tous les isolats de CoV-SDAP existants à ce jour ([Zhou et al., 2019](#)).



Analyse phylogénétique du gène S du SADS-CoV et des espèces de coronavirus de référence ([Zhou et al., 2019](#)).



## TRANSMISSION

D'après leur recherche et leur analyse phylogénétique, [Zhou et al. \(2018c\)](#) n'ont pas pu déterminer si le virus a été introduit chez le porc par la chauve-souris une seule ou bien à plusieurs reprises. Quoiqu'il en soit, le taux de mortalité indique qu'une fois que le virus est présent dans une exploitation, il peut se propager, à tout le moins, d'un porc à un autre durant une courte période.

Le virus apparenté VDEP est grandement transmissible, et la dose infectieuse est très faible. Le virus peut rester stable dans son milieu durant plusieurs semaines, surtout lorsque qu'il est exposé à de basses températures (Scott et al., 2016) ([Scott et al., 2016](#)).



## PATHWAYS OF INTRODUCTION TO CANADA

Le nouveau virus n'a pas encore été signalé dans d'autres régions du monde, mais maintenant qu'il a été identifié, la surveillance sera accrue. Les voies de propagation possibles entre les pays restent par conséquent inconnues; elles pourraient cependant être semblables à celles que l'on associe à des virus similaires, par exemple au virus diarrhée épidémique porcine (VDEP).

Une enquête sur la source du virus a conclu que la voie d'introduction la plus probable du VDEP aux États-Unis était les contenants souples utilisés pour le transport des aliments du bétail en vrac ([Scott et al., 2016](#)). Ces contenants pourraient être contaminés dans le pays source en raison d'une exposition à un contenu contaminé, à des oiseaux sauvages, à des eaux d'inondation ou à d'autres sources ([Scott et al., 2016](#)).

Le Règlement sur les aliments du bétail du Canada ne restreint pas spécifiquement l'utilisation ni la réutilisation des matériaux d'emballage utilisés pour les aliments du bétail ([ministère de la Justice Canada, 1983](#)). Le Règlement sur la santé des animaux exige des procédures pour prévenir la contamination croisée, mais cela ne concerne que les aliments pour les ruminants et le matériel interdit (généralement, les protéines provenant de mammifères autres que le porc ou le cheval) ([ministère de la Justice Canada, 2018](#)).

Le Canada ne reconnaît pas la Chine comme étant officiellement exempte de toute maladie porcine. Il ne permet donc pas l'importation de porcs vivants, de matériel génétique ou de produits d'origine porcine crus ou non comestibles. En outre, le système chinois d'abattage de porcs n'a pas été approuvé donc ni le porc cru ni le porc transformé n'est admissible pour l'importation. Ces marchandises ne seraient pas acceptées par le biais d'un transit depuis les États-Unis ou depuis n'importe quel autre pays.

L'importation des produits à mâcher transformés (traités à la chaleur) pour animaux domestiques contenant des ingrédients porcins et provenant d'installations manufacturières chinoises approuvées par l'ACIA est actuellement autorisée. La pratique consistant à utiliser des aliments ou des friandises pour animaux domestiques dans les rations porcines est toutefois interdite au Canada ([Agence canadienne d'inspection des aliments, 2012](#)).



## VOIES D'INTRODUCTION AU CANADA

[Scott et al. \(2016\)](#) ont envisagé l'introduction du VDEP aux États-Unis par les déplacements humains, mais cette voie d'introduction a été jugée improbable en raison des mesures de biosécurité appliquées lors des déplacements et des pratiques de biosécurité dans les installations porcines commerciales. L'introduction par l'entremise de la présence du virus dans les voies nasales humaines a été jugée plausible. La transmission mécanique par les oiseaux migrateurs a également été examinée, mais a été jugée improbable, à cause des longs trajets empruntés par les oiseaux depuis l'Asie ([département de l'Agriculture des États-Unis, 2015](#)).

Le bioterrorisme et les pratiques d'importation illégales constituent aussi des voies d'introduction potentielles.



## VULNÉRABILITÉ DE L'ESPÈCE

Le récepteur d'entrée du CoV-SDAP n'a pas été identifié ; il a été démontré qu'il n'utilise aucun des récepteurs connus pour l'entrée cellulaire (Yang et al, 2019), ce qui rend plus difficiles les évaluations de la transmission entre espèces. Il a récemment été démontré que le CoV-SDAP est également capable d'infecter expérimentalement des poulets à la fois in vitro et in vivo, identifiant ainsi la volaille comme un réservoir potentiel ([Mei et al., 2022](#)).

On n'a actuellement aucune preuve d'infection chez les humains. Les travailleurs agricoles qui ont été en contact étroit avec les porcs infectés ont été soumis à des analyses de détection des anticorps du virus, mais aucune analyse ne s'est révélée positive pour les 35 travailleurs testés ([Zhou et al., 2018c](#)). Il ne s'agit cependant que de données très préliminaires sur un nouveau virus. De plus, les coronavirus ont de longs génomes qui présentent une plasticité élevée, ce qui leur confère une propension à changer d'hôte ([Forni et al., 2017](#)).

De récentes études en laboratoire indiquent que le CoV-SDAP est capable de se répliquer efficacement dans les lignées cellulaires de singes, cochons, chats et primates (incluant les humains). Cependant, le virus n'utilise pas les récepteurs humains pour la fixation et la pénétration ([Edwards et al., 2020](#)). Le virus de la diarrhée épidémique porcine, qui circulait parmi les populations porcines depuis plusieurs années, démontre également la capacité du virus à se répliquer dans les cellules in vitro humaines, sans preuve de transmission du virus dans des populations humaines ([Liu et al., 2015](#)).



## DÉTECTION ET PROPAGATION

La capacité du CoV-SDAP de se propager rapidement d'une exploitation à une autre n'est pas connue; on sait cependant que lorsque le VDEP est entré aux États-Unis, il s'est propagé dans plus de 200 troupeaux dans 13 États en moins de 2 mois. Une fois le virus présent en Amérique du Nord, plusieurs des mécanismes de propagation potentiels du VDEP, par exemple les camions, les aliments pour le bétail, les animaux, le fumier et d'autres vecteurs passifs, pourraient également servir à propager le CoV-SDAP ([Scott et al., 2016](#)). Neuf mois après la découverte du VDEP aux États-Unis, on a détecté ce virus au Canada. Les éléments de preuve recueillis lors de l'enquête sur l'écllosion laissent croire que celle-ci était associée aux aliments pour les porcs contenant un lot contaminé de plasma porcin séché par pulvérisation ([Aubry et al., 2017](#)).

Des essais de détection moléculaire du matériel génomique du CoV-SDAP et des épreuves sérologiques de détection des anticorps contre le CoV-SDAP ont été mis au point ([Zhou et al., 2018b](#); [Zhou et al., 2018c](#)). Au Canada, le Centre national des maladies animales élabore des outils pour la détection moléculaire (RT-PCR) du CoV-SDAP, notamment un témoin synthétique positif pour évaluer la PCR. La maladie causée par le CoV-SDAP ne figure pas dans les listes de maladies de l'OIE, de l'ACIA et celles des provinces. La maladie causée par le VDEP est cependant une maladie à notification immédiate ou à déclaration obligatoire dans plusieurs provinces

Le CoV-SDAP est un nouveau virus associé à un degré élevé d'incertitude. Les lacunes liées aux connaissances comprennent :

- La diversité du coronavirus et la répartition chez la chauve-souris et, en particulier, la vulnérabilité au CoV-SDAP des espèces de chauves-souris d'Amérique du Nord;
- La prévalence du CoV-SDAP chez le porc en Chine et dans le monde;
- L'infectiosité entre les porcs et capacité du virus à maintenir la transmission dans une population de porcs en l'absence de chauve-souris;
- La survie du CoV-SDAP dans l'environnement;
- La vulnérabilité des humains et des autres espèces au CoV-SDAP;
- L'excrétion du CoV-SDAP dans les matières fécales des porcs infectés, par les gouttelettes du système respiratoire et dans les matières présentes dans le système reproducteur.
- La persistance du CoV-SDAP dans les tissus porcins : sang, abats, porc, etc.

Les principales préoccupations associées à l'événement incluent les suivantes:

- La région de la Chine concernée semble être un point chaud pour l'émergence de maladies, par exemple le SRAS.
- Le potentiel du CoV-SDAP d'atteindre la population canadienne de porcs par une voie semblable à celle du VDEP, et l'impact économique de celui-ci pour l'industrie porcine.
- L'impact potentiel encore inconnu sur la santé humaine, ou mutation du virus le rendant pathogène pour les humains.

## RÉFÉRENCES

Aubry P, Thompson JL, Pasma T, Furness MC & Tataryn J, 2017. Weight of the evidence linking feed to an outbreak of porcine epidemic diarrhea in Canadian swine herds. *Journal of Swine Health and Production* 25 (2): 69-72. at <https://www.aasv.org/shap/issues/v25n2/v25n2p69.html>

Canadian Food Inspection Agency, 2012. RG-3 Regulatory Guidance: Pet Food Not Approved for Use in Livestock Feed. Available at: <http://www.inspection.gc.ca/animals/feeds/regulatory-guidance/rg-3/eng/1328857998346/1328858082861> (last accessed 20 April 2020).

Edwards CE, Yount BL, Graham RL, Leist SR, Hou YJ, Dinnon KH,[...] Baric RS, 2020. Swine acute diarrhea syndrome coronavirus replication in primary human cells reveals potential susceptibility to infection. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 117 (43): 26915-26925.  
<https://doi.org/10.1073/pnas.2001046117>

Forni D, Cagliani R, Clerici M & Sironi M, 2017. Molecular Evolution of Human Coronavirus Genomes. *Trends in Microbiology* 25 (1): 35-48. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2016.09.001>

Gong L, Li J, Zhou Q, Xu Z, Chen L, Zhang Y,[...] Cao Y, 2017. A New Bat-HKU2-like Coronavirus in Swine, China, 2017. *Emerging Infectious Diseases* 23 (9): 1607-1609.  
<https://doi.org/10.3201/eid2309.170915>

Justice Department of Canada, 1983. Feeds Regulations, 1983 (SOR/83-593). Available at: <http://laws-lois.justice.gc.ca/eng/regulations/SOR-83-593/> (last accessed 20 April 2022).

Justice Department of Canada, 2018. Health of Animals Regulations (C.R.C., c. 296). Available at: [https://laws-lois.justice.gc.ca/eng/regulations/C.R.C.,\\_c.\\_296/index.html](https://laws-lois.justice.gc.ca/eng/regulations/C.R.C.,_c._296/index.html) (last accessed 20 April 2022).

Liu C, Tang J, Ma Y, Liang X, Yang Y, Peng G,[...] Li F, 2015. Receptor usage and cell entry of porcine epidemic diarrhea coronavirus. *J Virol* 89 (11): 6121-6125. <https://doi.org/10.1128/jvi.00430-15>

## RÉFÉRENCES

- Mei XQ, Qin P, Yang YL, Liao M, Liang QZ, Zhao Z, [...] Huang YW, 2022. First evidence that an emerging mammalian alphacoronavirus is able to infect avian species. *Transboundary and Emerging Diseases*. Accepted Author Manuscript. <https://doi.org/10.1111/tbed.14535>
- Scott A, McCluskey B, Brown-Reid M, Grear D, Pitcher P, Ramos G,[...] Singrey A, 2016. Porcine epidemic diarrhea virus introduction into the United States: Root cause investigation. *Preventive Veterinary Medicine* 123: 192-201. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2015.11.013>
- United States Department of Agriculture, 2015. Swine Enteric Coronavirus Introduction to the United States: Root Cause Investigation Report. 1-50 pp.  
[https://www.aphis.usda.gov/animal\\_health/animal\\_dis\\_spec/swine/downloads/secd\\_final\\_report.pdf](https://www.aphis.usda.gov/animal_health/animal_dis_spec/swine/downloads/secd_final_report.pdf)
- Yang Y-L, Qin P, Wang B, Liu Y, Xu G-H, Peng L, Zhou J, Zhu SJ, Huang Y-W. 2019. Broad cross-species infection of cultured cells by bat HKU2-related swine acute diarrhea syndrome coronavirus and identification of its replication in murine dendritic cells in vivo highlight its potential for diverse interspecies transmission. *J Virol* 93:e01448-19. <https://doi.org/10.1128/JVI.01448-19>.
- Zhou L, Sun Y, Lan T, Wu R, Chen J, Wu Z,[...] Ma J, 2018a. Retrospective detection and phylogenetic analysis of swine acute diarrhoea syndrome coronavirus in pigs in southern China. *Transboundary & Emerging Diseases* 66 (2): 687-695. <https://doi.org/10.1111/tbed.13008>
- Zhou L, Sun Y, Wu J-l, Mai K-j, Chen G-h, Wu Z-x,[...] Ma J-y, 2018b. Development of a TaqMan-based real-time RT-PCR assay for the detection of SADS-CoV associated with severe diarrhea disease in pigs. *Journal of Virological Methods* 255: 66-70. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2018.02.002>
- Zhou L, Li QN, Su JN, Chen GH, Wu ZX, Luo Y,[...] Ma JY, 2019. The re-emerging of SADS-CoV infection in pig herds in Southern China. *Transboundary & Emerging Diseases* 66 (5): 2180-2183.  
<https://doi.org/10.1111/tbed.13270>
- Zhou P, Fan H, Lan T, Yang X, Shi W, Zhang W,[...] Ma J-Y, 2018c. Fatal swine acute diarrhoea syndrome caused by an HKU2-related coronavirus of bat origin. *Nature* 556: 255-258. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0010-9>