



Deltacoronavirus Porcin (DCVP)

POTENTIEL DE TRANSMISSION INTER-ESPÈCES

Fiche de renseignement
mai 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.

Dans un rapport rétrospectif, [Lednicki et al \(2021\)](#) décrivent la détection du delta coronavirus porcine (DCVP) chez trois enfants haïtiens. Dans le cadre de la surveillance continue de la santé des enfants qui fréquentaient l'école, les échantillons de plasma de 369 enfants présentant une maladie fébrile aiguë indifférenciée ont été recueillis entre mai 2014 et décembre 2015. Les échantillons ont été testés pour les agents pathogènes courants qui causent la fièvre, notamment les virus de la dengue, du chikungunya et Zika, ainsi que le parasite responsable du paludisme.

Les échantillons qui n'ont pas obtenu de résultats positifs pour les agents pathogènes communs ont été placés sur des cellules VERO E6 pour déterminer si des virus étaient présents. Un effet cytopathologique très subtil a été observé pour trois des échantillons. Au moyen de méthodes de tests moléculaires supplémentaires et de la microscopie électronique en transmission, il a été déterminé qu'il y avait présence d'un coronavirus.

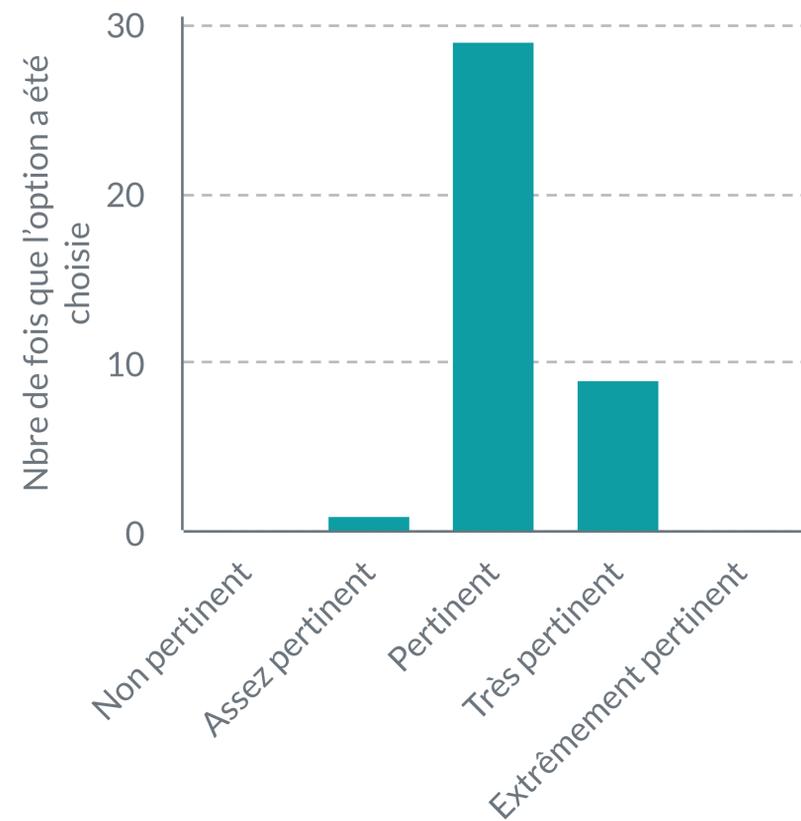
Le séquençage génétique a démontré qu'il y avait au moins deux événements zoonotiques distincts avec des souches non recombinantes de delta coronavirus porcine. On a découvert que deux enfants d'une école étaient porteurs d'un coronavirus présentant une similarité de séquence de 99,8 % avec une souche chinoise de DCVP, tandis qu'un enfant d'une deuxième école était infecté par une souche américaine de DCVP.

Les trois enfants se sont rétablis sans problème.



TRIAGE

Cet événement a été considéré comme étant dans la portée de la Communauté des maladies émergentes et zoonotiques (CMEZ) et a été acheminé à l'origine sous la forme d'un sondage Ping à la communauté le 1er décembre 2021 afin d'obtenir des commentaires. Le rapport a été jugé comme étant assez pertinent à très pertinent par les membres de la communauté.

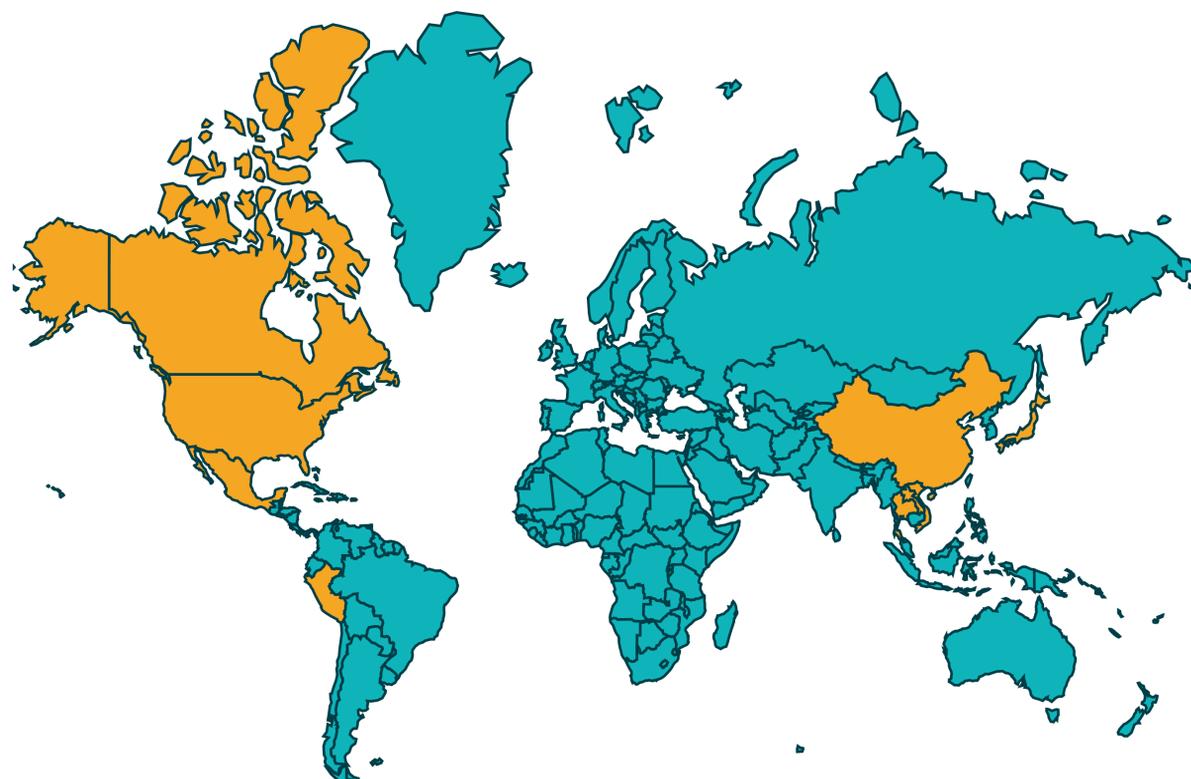


La pandémie de COVID-19 a sensibilisé le monde entier au potentiel zoonotique des coronavirus. Afin de mieux comprendre le potentiel de transmission inter-espèces du DCV, des experts en virologie et en santé porcine ont été consultés afin de partager leurs points de vue sur la présentation de la maladie chez les porcs et l'apparition du virus chez les enfants en Haïti. Cette fiche de renseignement fournit un résumé des informations disponibles sur le potentiel de transmission inter-espèces du DCVP.



GLOBAL DISTRIBUTION

Le DCVP a une large répartition à l'échelle mondiale, ayant été identifié à Hong Kong, aux États-Unis ([Wang et al, 2014](#)), en Chine continentale ([Dong et al, 2015](#)), en Corée du Sud ([Lee et al, 2016](#)), en Thaïlande, au Vietnam et Laos ([Saeng-Chuto et al, 2017](#)), au Canada ([Ajayi et al, 2018](#)), au Tibet ([Wang et al 2018](#)), au Japon ([Suzuki et al, 2018](#)), au Mexique ([Perez-Rivera et al 2019](#)), au Pérou ([Vicente-Huaman 2021](#)) et en Haïti ([Lednicki, 2021](#)).



 Pays avec des rapports publiés sur les détections de DCVP

TAXONOMIE VIRALE

Les coronavirus sont des virus à ARN simple brin, enveloppés, de sens positif, non segmentés, et membres de la famille des Coronaviridae dans l'ordre des Nidovirales.

Ils sont classés en quatre genres contenant des virus pathogènes pour les mammifères.

ALPHA

- Virus de la diarrhée épidémique porcine (VDEP)
- Virus responsable des gastro-entérites transmissibles (VRGET)
- Coronavirus du syndrome de la diarrhée aiguë porcine (SADS-CoV)
- Coronavirus entérique canin (CCoV)
- Virus de la péritonite infectieuse féline (VPIF)
- Rhume (HCoV-229E, HCoV-NL63)
- Multiples coronavirus des chauve-souris

GAMMA

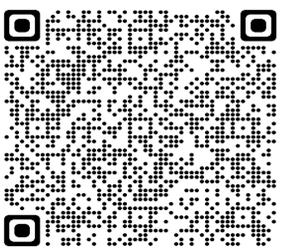
- Bronchite infectieuse (VBI)
- Coronavirus de la dinde (TCoV)
- Coronavirus du béluga (BWCoV-SW1)

BETA

- Coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV)
- COVID-19 (SRAS-CoV-2)
- Coronavirus du syndrome respiratoire du Moyen-Orient (SRMO-CoV)
- Virus de l'hépatite murine (VHM)
- Coronavirus bovins
- Virus de la sialodacryoadénite du rat
- Virus de l'encéphalomyélite hémagglutinante porcine
- Coronavirus respiratoire canin
- Coronavirus équin
- Coronavirus humain (HCoV-OC43)

DELTA

- Coronavirus de moineau (SpCoV HKU17)
- Coronavirus de la grive (ThCoV HKU12)
- Le delta coronavirus porcin (DCVP) est apparu assez récemment et fait partie de ce groupe.

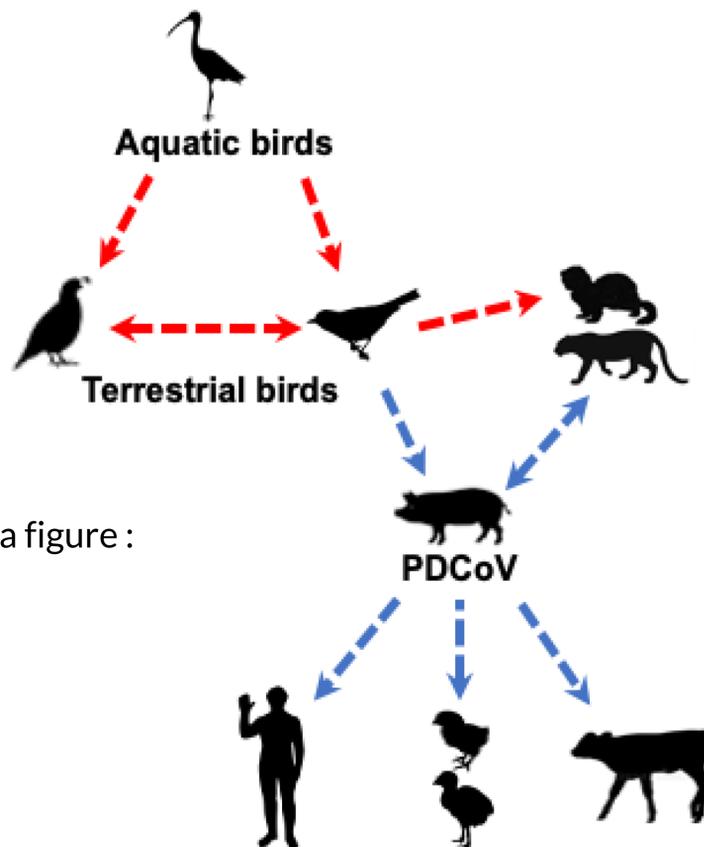


Scanner le code QR pour voir
l'arbre taxonomique des
coronavirus



ORIGIN VIRALE DU DCVP

Selon le séquençage du génome de 18 delta coronavirus aviaires et de 100 DCVP, [Ye et al \(2020\)](#) ont construit des arbres phylogénétiques qui indiquent que le DCVP partage un ancêtre commun avec un coronavirus du moineau et que le DCVP est probablement apparu en Asie dans les années 1990. [Kong et al 2022](#), identifient que l'ancêtre le plus probable est d'origine aviaire, et que le moins probable provient d'un autre hôte mammifère. Toutefois, des virus très proches ont été trouvés chez des chats-léopards asiatiques et des blaireaux-furets de Chine.



Mention de source de la figure :
[Kong et al 2022](#)

Figure 2 : Origine et voies probables de transmission inter-espèces du DCVP. La ligne pointillée rouge indique la transmission potentielle, mais inconnue, des δ -CoV des espèces aviaires aux espèces mammifères; la ligne pointillée bleue indique la transmission potentielle du DCVP selon des études épidémiologiques ou expérimentales.



UTILISATION DES RÉCEPTEURS

L'aminopeptidase N porcine (APNp) a été identifiée comme un récepteur d'entrée auquel se fixe la protéine de spicule du DCVP ([Li et al 2018](#), [Everest et al 2022](#)). Il ne s'agit pas nécessairement du seul mécanisme d'attachement et d'entrée dans les cellules, car des études expérimentales ont montré que les cellules épithéliales intestinales porcines désactivées par l'APNp peuvent encore être infectées par le DCVP ([Zhu, 2018](#)) mais à un taux réduit ([Li et al, 2018](#)). D'autres virus porcins qui utilisent l'APNp comme récepteur sont le VRGET et le VDEP. On a identifié un coronavirus humain (HCoV-229E) qui utilise l'APN comme récepteur ([Bonavia et al, 2003](#))

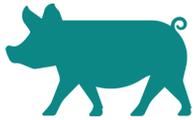
L'aminopeptidase (APN) est une enzyme métalloprotéase qui remplit diverses fonctions physiologiques; elle joue un rôle dans la sensation de douleur, la régulation de la pression sanguine, la motilité des spermatozoïdes, l'adhésion de cellules et les fonctions physiologiques de l'angiogenèse et des métastases liées au cancer ([Chen et al, 2012](#)). L'APN contient un domaine conservé inter-espèces ([Li et al, 2018](#)).

SENSIBILITÉ DES ESPÈCES ET SIGNES CLINIQUES

Le DCVP s'est révélé capable, à différents degrés, d'infecter les porcs, les poulets, les dindes, les bovins et les humains.



Les résultats chez l'homme se limitent à la détection du DCVP chez trois enfants haïtiens atteints d'une maladie fébrile aiguë indifférenciée ([Lednicki, 2021](#)).



Les porcs de tous âges peuvent être affectés par le DCVP, mais les nouveau-nés sont les plus sensibles. Les signes cliniques chez les porcelets néonataux comprennent la diarrhée, la déshydratation, les vomissements, la léthargie, l'anorexie et des niveaux variables de mortalité ([Duan, 2022](#)). L'ensemble de l'intestin est touché, mais les principaux sites d'infection sont le jéjunum et l'iléon. Les signes du DCVP sont beaucoup moins graves que ceux de la diarrhée épidémique porcine (DEP) et de la gastro-entérite transmissible (GET). ([Jung et al, 2015](#)). La dose infectieuse minimale est beaucoup plus faible chez les porcelets néonataux que chez les porcelets sevrés ([Thomas et al, 2015](#)).



Les volailles peuvent être infectées expérimentalement par le ([Boley et al, 2020](#)). Des poulets de 14 jours infectés expérimentalement par le DCVP ont présenté une diarrhée transitoire, la majorité des oiseaux infectés présentant une diarrhée dans les deux jours suivant l'inoculation. L'infection a également été transmise aux oiseaux non infectés qui cohabitaient avec eux dans un intervalle de deux jours. La pathologie de l'intestin des oiseaux n'était visible que pendant la première semaine suivant l'infection et était normale 14 jours après l'infection. Les dindonneaux étaient un peu plus sensibles au DCVP et présentaient encore une diarrhée modérée 14 jours après l'infection. Pendant toute la durée de l'étude, l'examen pathologique brut des intestins de tous les dindonneaux a montré que le tractus gastro-intestinal était distendu et contenait du liquide jaune et du gaz.



Pour déterminer la sensibilité des veaux, [Jung et al \(2017\)](#) ont infecté expérimentalement quatre animaux gnotobiotiques âgés de 3 à 7 jours. Aucun des animaux infectés n'a présenté de signes cliniques de la maladie, cependant les quatre ont excrété de l'ARN du DCVP dans les excréments. Au même moment, quatre autres veaux ont été soumis à une épreuve expérimentale avec le VDEP, et aucun virus n'a pu être détecté dans les excréments des animaux pendant l'expérience. Aucune lésion histologique n'a été trouvée dans les intestins des animaux.



DIAGNOSTICS

Les tests de diagnostic du DCVP sont facilement disponibles dans les laboratoires de diagnostic vétérinaire au Canada. Les échantillons typiques comprennent les excréments, les écouvillons fécaux ou les fluides oraux qui peuvent être testés à l'aide de techniques de diagnostic moléculaire; le sang est un échantillon moins fiable, car la virémie peut ne pas être prolongée ([Neiderwerder et al, 2016](#)).



TRANSMISSION DU DCVP

Le principal mode de transmission du DCVP est par voie féco-orale ([Goyal, 2015](#), [Neiderwerder et al, 2016](#)). Des études de laboratoire indiquent la possibilité d'une transmission par aérosol du DCVP ([Vitosh-Silman et al, 2016](#)), cependant, on pense que le mécanisme d'infection est en fait l'ingestion orale du virus aérosolisé, plutôt qu'une véritable propagation par aérosol. ([Neiderwerder et al, 2016](#)). [McCluskey et al, 2015](#) ont cherché à utiliser une analyse rétrospective pour déterminer la source d'introduction du DCVP aux États-Unis en 2014, cependant, ils n'ont pas pu définir les voies d'introduction probables.

De plus amples informations sont disponibles sur les mécanismes de transmission et l'épidémiologie du VDEP en raison de ses effets plus graves, et les contrôles du VDEP devraient servir de modèle pour le contrôle du DCVP.



SURVIE DANS L'ENVIRONNEMENT

Le DCVP peut survivre pendant plus de 21 jours en dehors de l'hôte et il est difficile de l'inactiver complètement. Des températures plus élevées et une humidité plus faible sont plus efficaces pour inactiver le virus. Le DCVP survit pendant de longues périodes dans les excréments, les aliments pour animaux et les ingrédients des aliments pour animaux; les durées varient de >3 à >7 semaines selon le milieu testé et les conditions environnementales. Cette survie prolongée peut être réduite par la chaleur ([Goyal, 2015](#)). Étant donné la longue période de viabilité, l'exposition par voie féco-orale est possible sur de longues périodes.

La gamme d'espèces qui peuvent être infectées par le DCVP n'est pas clairement connue, étant donné la conservation du récepteur APN entre les espèces, il est possible que d'autres espèces, en plus de la volaille, des porcs, des veaux gnotobiotiques et des humains, soient susceptibles d'être infectées par le virus.

Les coronavirus sont connus pour se recombiner à un taux relativement élevé, en partie en raison de leurs très grands génomes à ARN ([Lai et al, 1996](#)). De multiples exemples de recombinaison de CoV sont disponibles chez d'autres espèces, notamment les coronavirus félines ([Herrewegh et al, 1998](#)), le coronavirus humain OC43 ([Zhang, 2015](#)), et les delta coronavirus aviaires ([Wang et al, 2022](#)). La capacité des bêtacoronavirus (p. ex. le SRAS et le SRMO) à se recombiner a été modélisée ([Bannerjee et al, 2020](#)).

Fréquemment, l'infection par le DCVP chez les porcs se produit en même temps que celle d'autres coronavirus entériques. La fréquence de recombinaison des coronavirus porcins n'est pas clairement décrite, et la probabilité de modification du virus est donc inconnue.

L'infection humaine par le DCVP ne peut être quantifiée compte tenu des données disponibles. En dehors des trois cas d'enfants haïtiens, aucune détection du DCVP chez l'homme n'a été signalée dans le monde, malgré le grand nombre de personnes en contact étroit avec des porcs. Dans les cas haïtiens de l'école A, deux enfants présentaient un virus presque identique, mais il n'a pas été possible de dire si l'infection s'est produite d'humain à humain ou à partir d'une source commune. Il est important de prendre note qu'étant donné le grand nombre de séquençages du génome entier des coronavirus qui ont été effectués dans le monde entier en raison de la pandémie de COVID-19, il est peu probable que l'infection humaine par le DCVP soit un phénomène répandu.

RÉFÉRENCES

Ajayi T, Dara R, Misener M, Pasma T, Moser L, Poljak Z. Herd-level prevalence and incidence of porcine epidemic diarrhoea virus (PEDV) and porcine deltacoronavirus (PDCoV) in swine herds in Ontario, Canada. *Transbound Emerg Dis*. 2018;65(5):1197–1207.

<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/tbed.12858>

Bannerjee A, Doxey A, Tremblay B, Mansfield M, Subudhi S, Hirota J, Miller M, McArthur A, Mubareka S, Mossman K Predicting the recombination potential of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 and Middle East respiratory syndrome coronavirus 2020 *Journal of General Virology* 2020;101:1251–1260 <http://dx.doi.org/10.1099/jgv.0.001491>

Boley PA, Alhamo MA, Lossie G, Yadav K, Vasquez-Lee M, Saif LJ, et al. Porcine Deltacoronavirus Infection and Transmission in Poultry, United States. *Emerg Infect Dis*. 2020;26(2):255-265.

<https://doi.org/10.3201/eid2602.190346>

Bonavia, A.; Zelus, B.D.; Wentworth, D.E.; Talbot, P.J.; Holmes, K.V. Identification of a receptor-binding domain of the spike glycoprotein of human coronavirus HCoV-229E. *J. Virol*. 2003, 77, 2530–2538.

<https://journals.asm.org/doi/10.1128/JVI.77.4.2530-2538.2003>

Duan C (2022) An Updated Review of Porcine Deltacoronavirus in Terms of Prevalence, Pathogenicity, Pathogenesis and Antiviral Strategy. *Front. Vet. Sci*. 8:811187.

<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fvets.2021.811187/full>

Dong N, Fang L, Zeng S, Sun Q, Chen H, Xiao S. Porcine deltacoronavirus in mainland China. *Emerg Infect Dis*. 2015;21(12):2254–2255. <https://doi.org/10.3201/eid2112.150283>

Duan C (2022) An Updated Review of Porcine Deltacoronavirus in Terms of Prevalence, Pathogenicity, Pathogenesis and Antiviral Strategy. *Front. Vet. Sci*. 8:811187.

<https://doi.org/10.3389/fvets.2021.811187>

Everest, H.; Stevenson, Leggett, P.; Bailey, D.; Bickerton, E.; Keep, S. Known Cellular and Receptor Interactions of Animal and Human Coronaviruses: A Review. *Viruses* 2022, 14, 351.

<https://www.mdpi.com/1999-4915/14/2/351>

Herrewegh, A. A., I. Smeenk, M. C. Horzinek, P. J. Rottier, and R. J. de Groot. 1998. Feline coronavirus type II strains 79–1683 and 79–1146 originate from a double recombination between feline coronavirus type I and canine coronavirus. *J. Virol*. 72:4508–4514.

<https://doi.org/10.1128/JVI.72.5.4508-4514.1998>

Jung K, Hu H, Eyerly B, Lu Z, Chepngeno J, Saif LJ. Pathogenicity of 2 Porcine Deltacoronavirus Strains in Gnotobiotic Pigs. *Emerg Infect Dis*. 2015;21(4):650-654. <https://doi.org/10.3201/eid2104.141859>

RÉFÉRENCES

- Lednicky, J.A., Tagliamonte, M.S., White, S.K. et al. Independent infections of porcine deltacoronavirus among Haitian children. *Nature* 600, 133–137 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41586-021-04111-z>
- Lee JH, Chung HC, Nguyen VG, Moon HJ, Kim HK, Park SJ, Lee CH, Lee GE, Park BK. Detection and phylogenetic analysis of porcine deltacoronavirus in Korean swine farms, 2015. *Transbound Emerg Dis.* 2016;63(3):248–252. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/tbed.12490>
- Li, W.; Hulswit, R.J.G.; Kenney, S.P.; Widjaja, I.; Jung, K.; Alhamo, M.A.; van Dieren, B.; van Kuppeveld, F.J.M.; Saif, L.J.; Bosch, B.J. Broad receptor engagement of an emerging global coronavirus may potentiate its diverse cross-species transmissibility. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 2018, 115, E5135–E5143. <https://www.pnas.org/doi/full/10.1073/pnas.1802879115>
- Niederwerder M.C., Hesse R.A. Swine enteric coronavirus disease: a review of 4 years with porcine epidemic diarrhoea virus and porcine deltacoronavirus in the United States and Canada. *Transboundary and Emerg Dis.* 2018;65:660–675. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/pdfdirect/10.1111/tbed.12823>
- Perez-Rivera C, Ramirez-Mendoza H, Mendoza-Elvira S, Segura-Velazquez R, Sanchez-Betancourt JI. First report and phylogenetic analysis of porcine deltacoronavirus in Mexico. *Transbound Emerg Dis.* 2019;66(4):1436–1441. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/tbed.13193>
- Saeng-Chuto K, Lorsirigool A, Temeeyasen G, Vui DT, Stott CJ, Madapong A, Tripipat T, Wegner M, Intrakamhaeng M, Chongcharoen W, Tantituvanont A, Kaewprommal P, Piriyapongsa J, Nilubol D. Different lineage of porcine deltacoronavirus in Thailand, Vietnam and Lao PDR in 2015. *Transbound Emerg Dis.* 2017;64(1):3–10. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/tbed.12585>
- Suzuki, T.; Shibahara, T.; Imai, N.; Yamamoto, T.; Ohashi, S. Genetic characterization and pathogenicity of Japanese porcine deltacoronavirus. *Infect. Genet. Evol.* 2018, 61, 176–182 <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29621617/>
- Thomas JT, Chen Q, Gauger PC, Giménez-Lirola LG, Sinha A, Harmon KM, et al. (2015) Effect of Porcine Epidemic Diarrhea Virus Infectious Doses on Infection Outcomes in Naïve Conventional Neonatal and Weaned Pigs. *PLoS ONE* 10(10): e0139266. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0139266>
- Vicente-Huaman, J., & Gómez-Quispe, O. E. (2021). Evaluation of a Porcine deltacoronavirus eradication program in a full-cycle pig farm in Peru. *Journal of advanced veterinary and animal research*, 8(2), 300–306. <https://doi.org/10.5455/javar.2021.h515>
- Thomas JT, Chen Q, Gauger PC, Giménez-Lirola LG, Sinha A, Harmon KM, et al. (2015) Effect of Porcine Epidemic Diarrhea Virus Infectious Doses on Infection Outcomes in Naïve Conventional Neonatal and Weaned Pigs. *PLoS ONE* 10(10): e0139266. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0139266>

RÉFÉRENCES

Vicente-Huaman, J., & Gómez-Quispe, O. E. (2021). Evaluation of a Porcine deltacoronavirus eradication program in a full-cycle pig farm in Peru. *Journal of advanced veterinary and animal research*, 8(2), 300–306. <https://doi.org/10.5455/javar.2021.h515>

Vitosh-Sillman S, Loy JD, Brodersen B, et al. Experimental infection of conventional nursing pigs and their dams with Porcine deltacoronavirus. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*. 2016;28(5):486-497. [doi:10.1177/1040638716654200](https://doi.org/10.1177/1040638716654200)

Wang L, Byrum B, Zhang Y (2014) Detection and genetic characterization of deltacoronavirus in pigs, Ohio, USA. *Emerg Infect Dis*. 2014;20(7):1227–1230. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24964136/Wang>

Wang M, Wang Y, Baloch AR, Pan Y, Tian L, Xu F, Shivaramu S, Chen S, Zeng Q. Detection and genetic characterization of porcine deltacoronavirus in Tibetan pigs surrounding the Qinghai-Tibet Plateau of China. *Transbound Emerg Dis*. 2018;65(2):363–369. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/tbed.12819>

Wang Q, Zhou Z-J, You Z, et al. Epidemiology and evolution of novel deltacoronaviruses in birds in central China. *Transbound Emerg Dis*. 2022;69:632–644. <https://doi.org/10.1111/tbed.14029>

Woo PC, Lau SK, Lam CS, Lau CC, Tsang AK, Lau JH, et al. Discovery of seven novel mammalian and avian coronaviruses in the genus Deltacoronavirus supports bat coronaviruses as the gene source of alphacoronavirus and betacoronavirus and avian coronaviruses as the gene source of gammacoronavirus and deltacoronavirus. *J Virol*. 2012;86:3995–4008. <https://doi.org/10.1128/JVI.06540-11>.

Ye, X.; Chen, Y.; Zhu, X.; Guo, J.; Da, X.; Hou, Z.; Xu, S.; Zhou, J.; Fang, L.; Wang, D.; et al. Cross-Species Transmission of Deltacoronavirus and the Origin of Porcine Deltacoronavirus. *Evol. Appl.* 2020, 13, 2246–2253 <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/eva.12997>

Zhang J. Porcine deltacoronavirus: overview of infection dynamics, diagnostic methods, prevalence and genetic evolution. *Virus Res*. 2016;226:71–84. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2016.05.028>

Zhang Y., Li J., Xiao Y, Zhang J., Wang Y., Chen L., Paranhos-Baccalà G, Ren L., Wang J., Genotype shift in human coronavirus OC43 and emergence of a novel genotype by natural recombination. *Journal of Infection*, Volume 70, Issue 6, 2015, Pages 641-650 <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2014.12.005>

Zhu, X.; Liu, S.; Wang, X.; Luo, Z.; Shi, Y.; Wang, D.; Peng, G.; Chen, H.; Fang, L.; Xiao, S. Contribution of porcine aminopeptidase N to porcine deltacoronavirus infection. *Emerg. Microbes Infect.* 2018, 7, 65. <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1038/s41426-018-0068-3>