

virologie

Un nouveau coronavirus en Chine : il cible le porc

Le 4 avril, un communiqué de presse des *National Institutes of Health* (NIH) alerte : un nouveau coronavirus a émergé en Chine, dans la même région était apparu en 2002 le coronavirus du SRAS (SRAS-CoV : syndrome respiratoire aigu sévère). Ce nouveau pathogène était responsable, à cette date, de la mort de près de 25 000 porcelets (piglets) en 2016-2017. Il a reçu le sigle SADS-CoV pour *swine acute diarrhea syndrome coronavirus*. Comme le SRAS, son vecteur est la chauve-souris.

D'après les données recueillies par les épidémiologistes américains, le SADS ne semble pas devoir infecter l'humain, contrairement au SRAS-CoV, qui contamina plus de 8 000 personnes dans le monde et en tua 774, les derniers cas ayant été identifiés en 2004, rappellent les NIH [1]. Les mêmes données précisent que le SADS-CoV a initialement été identifié dans quatre élevages de porcs (*swine*) de la province de Guangdong, grâce à une collaboration américano-chinoise, notamment le NIAID (*National Institute of Allergy and Infectious Diseases*, une agence spécialisée des the NIH). Ce travail a été publié dans la revue *Nature* [2].

Les auteurs soulignent à juste titre que l'identification du vecteur animal d'un nouveau virus est essentielle pour déterminer sa capacité à infecter les populations et permettre ainsi de réduire la menace qu'il peut représenter pour l'humain.

Ainsi en 2015 on a pu confirmer que les camélidés étaient des vecteurs des 5 variants du MERS-CoV, le *Middle East respiratory syndrome coronavirus* au Moyen-Orient notamment [NDLR].

Les premiers décès de porcs dus au SADS-CoV ont été enregistrés en octobre 2016, ils ont été attribués dans un premier temps au virus de la diarrhée épidémique porcine (*porcine epidemic*

diarrhea virus/PEDV), un type de coronavirus du porc. Quand le PEVD ne fut plus détecté, mais que des porcs continuaient à mourir, c'est en janvier 2017 qu'on dut rechercher un autre pathogène.

Par ailleurs, en mettant à l'isolement du reste des troupeaux les porcs mâles et femelles malades, on parvint à faire cesser l'épidémie.

Le SADS-CoV avait été identifié sur des chauves-souris entre 2013 et 2016 dans la province de

Guangdong. La transmission au porc a été confirmée par la découverte du nouveau virus dans l'intestin grêle des animaux décédés, dont le séquençage confirma la similitude avec le virus porté par les chauves-souris.

La recherche du portage du SADS-CoV chez l'humain (35 éleveurs testés) s'est révélée négative (à la date de la publication dans *Nature*).

Aujourd'hui 6 coronavirus sont connus pour déclencher une infection chez l'humain, mais seulement deux d'entre eux – SARS-CoV et MERS-CoV – ont été responsables de larges flambées et de létalité dans les populations, soulignent les auteurs. ■■

Jean-Marie Manus

Références

[1] www.nih.gov/news-events/news-releases/new-coronavirus-emerges-bats-china-devastates-young-swine

[2] Zhou P, Fan H, Lan T, et al. Fatal swine acute diarrhea syndrome caused by an HKU2-related coronavirus of bat origin. *Nature* 2018. Apr;556(7700):255-258.



© Anatolii/ stock.adobe.com

Le SADS-CoV a initialement été identifié dans quatre élevages de porcs de la province de Guangdong

Double immunothérapie pour le CCR

Dans une étude française [1] présentée au Gastrointestinal Cancers Symposium à San Francisco (Thierry André et coll., CHU Saint-Antoine, Paris), l'association de deux immunothérapies : nivolumab (Opdivo®) et ipilimumab (Yervoy®) dans le cancer colorectal métastatique précédemment traité chez les patients porteurs d'un déficit mismatch repair (dMMR) permet chez plus de la moitié une réponse thérapeutique. Sur 119 sujets, 65 ont répondu à cette association (immunotherapy combo), ont précisé les auteurs dans leur communication, avec une stabilisation de la maladie de 80 % et 85 % des patients demeuraient en vie à un an. Ces données ont été publiées simultanément dans le *Journal of Clinical Oncology*. Les auteurs ont souligné la sécurité d'emploi des 2 molécules, avec un faible taux d'interruptions de traitement pour effets adverses. ■■

J.-M. M.

Référence

[1] <http://ascopubs.org/doi/abs/10.1200/JCO.2017.76.9901>