

Chauves-souris et virus ou comment cohabiter en harmonie

Auteur :

LARCHER Gérard, Secrétaire-général à la société française pour l'étude et la protection des mammifères (SFEPM),
Professeur à la Faculté de Pharmacie de l'Université d'Angers.

22-02-2022



Longtemps ignorées, voire méprisées, les chauves-souris sont l'objet depuis quelques années d'une attention croissante du public et des chercheurs. Dotées de capacités exceptionnelles comme le vol et l'écholocation, elles intriguent les premiers. Leur longévité inattendue compte tenu de leur taille et surtout un système immunitaire unique leur permettant de tolérer bon nombre de virus mal supportés par les mammifères terrestres, en font d'excellents modèles d'étude pour les seconds. Cette image alors améliorée vient cependant se ternir par la connaissance de leurs liens avec les virus pathogènes. En effet, les chauves-souris semblent jouer un rôle crucial dans les épidémies à virus émergents qui secouent de plus en plus fréquemment la population mondiale depuis quelques années. La pandémie actuelle de COVID-19 ne fait pas exception, et a de nouveau propulsé les chauves-souris sur le devant de la scène. Cette situation suscite de nombreuses interrogations : en quoi les chauves-souris constituent des hôtes privilégiés pour les virus pathogènes ? Quel rôle ont-elles joué dans l'origine de la pandémie de COVID-19 ? Sont-elles bien responsables de l'émergence des nouvelles maladies virales qui touchent de plus en plus les êtres humains et les animaux domestiques ?

1. Les chauves-souris sous le feu de l'actualité

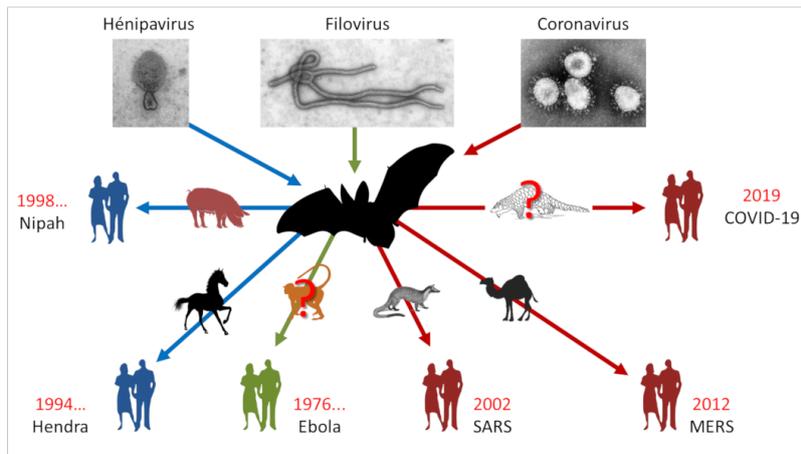


Figure 1. Les chauves-souris sont les hôtes naturels de nombreux virus émergents responsables d'épidémies. [Sources : Hénipavirus, CSIRO, CC BY 3.0, via Wikimedia Commons / Filovirus, Photo Credit : CDC/ Cynthia Goldsmith, Public domain, via Wikimedia Commons / Coronavirus, domaine public]

Le début de l'année 2020 a été marqué par l'émergence d'une maladie respiratoire qui s'est rapidement propagée dans la population mondiale à tel point qu'il a fallu admettre que les humains étaient en présence, après la pandémie relativement limitée de grippe A en 2009-2010, de la **première pandémie majeure** du XXI^e siècle (Lire [Les pandémies virales de l'ère moderne](#)). Il s'avère que l'agent pathogène responsable de cette pandémie est un coronavirus, proche de celui qui a été à l'origine d'une épidémie d'infections respiratoires principalement localisées en Chine en 2002-2003. Ce dernier avait alors reçu le nom de coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère ou SARS-CoV (en anglais, *severe acute respiratory syndrome*). Il a dernièrement été renommé en SARS-CoV-1 pour le différencier du nouveau SARS-CoV-2, responsable de la maladie nommée par l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) COVID-19 pour **CO**rona**VI**rus **D**isease **2019**.

Comme pour le SARS-CoV-1, les chauves-souris semblent être impliquées dans la chaîne de transmission virale. En effet, des résultats préliminaires ont montré que le SARS-CoV-2 serait issu de la recombinaison d'un coronavirus de chauve-souris [1] avec un coronavirus de Pangolin malais (*Manis javanica*) [2]. Ce dernier, comme la Civette masquée (*Paguma larvata*) pour l'épidémie de 2002-2003, aurait joué le rôle d'hôte intermédiaire entre la chauve-souris et l'Homme pour donner naissance au SARS-CoV-2 qui s'avère très contagieux chez les êtres humains (Lire Focus [Chauves-souris et émergence des coronavirus](#)).

Ce n'est pas la première fois que les chauves-souris se retrouvent sous le feu de l'actualité. Il faut remonter à 1911 pour qu'une première mention soit faite d'un virus isolé chez des chauves-souris. A l'époque, on s'intéresse à la rage et on découvre qu'elle est transmise par les chauves-souris vampires communs du Brésil. Après une longue période d'oubli, on redécouvre durant les années 1990-2000 dans le cadre de programmes de surveillance sanitaire, que les **chauves-souris** sont les **hôtes naturels** de nombreux **virus émergents** tels que les hénipavirus (Hendra et Nipah), les filovirus (Ebola) et les coronavirus (SARS) [3] (Figure 1). De manière inattendue, on constate qu'elles ne sont pas affectées par la plupart de ces agents pathogènes. Démonstration est même faite, notamment pour les virus Hendra et Nipah, qu'elles peuvent **résister à des charges virales** qui sont normalement mortelles chez d'autres mammifères [4].

2. Chauves-souris et virus ?

2.1. Les chauves-souris représentent le quart des espèces de mammifères

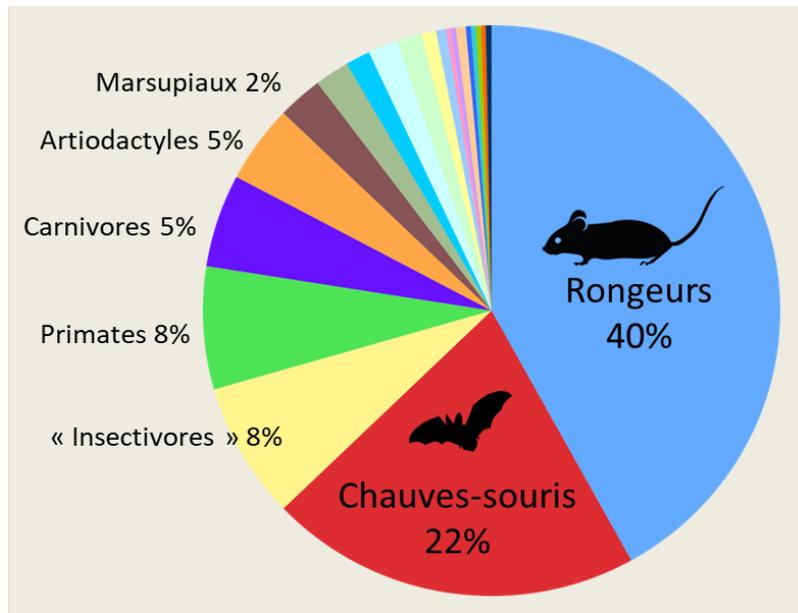


Figure 2. L'ordre des Chiroptères (les chauves-souris) représente près du quart des espèces de mammifères. [Source : Aranae, Public domain, via Wikimedia Commons]

Les chauves-souris sont les seuls mammifères volants regroupés dans l'ordre des Chiroptères dont le nom vient du grec *kheir*, « main » et *pteron*, « aile » signifiant « qui vole avec ses mains ». Cet ordre regroupe un grand nombre d'espèces estimé actuellement à plus de 1 428 soit à peu près le quart des 6 495 espèces de mammifères connues, le situant en **second après l'ordre des Rongeurs** (Figure 2).

Une révision récente de l'ordre des Chiroptères à partir de données moléculaires l'a refondu en **deux nouveaux sous-ordres** plus cohérents phylogénétiquement (Lire : Focus [Chauves-souris et émergence des coronavirus](#)) :



Figure 3. Renards volants à lunettes (*Pteropus conspicillatus*) à Cairns (Australie). Elles vivent essentiellement dans la canopée des forêts tropicales humides. [Source : photo © François Moutou]

Les **Yinpterochiroptera** (Ptéropodiformes) dont font notamment partie les roussettes tropicales ou renards volants (Figure 3) ;

Les **Yangochiroptera** (Vespertilioniformes) qui inclut tous les microchiroptères à l'exception de cinq familles.

2.2. Une très grande variété de niches écologiques



Figure 4. Petit Rhinolophe (*Rhinolophus hipposideros*) en vol. Il affectionne les bocages constitués de prairies pâturées entrecoupées de haies arborées. [Source : photo © Louis-Marie Préau]

Les chauves-souris font preuve d'une **diversité exceptionnelle d'espèces** répandues sur tous les continents à l'exception des pôles Nord et Sud et occupent une très grande **variété de niches écologiques** (Figures 3 & 4). Concernant leur **régime alimentaire**, elles sont majoritairement frugivores ou insectivores mais elles peuvent aussi être nectarivores, pollinivores, carnivores (poissons, amphibiens, petits mammifères), omnivores et hémato-phages. Ce dernier régime ne concerne que trois espèces de chauves-souris appelées vampires, localisées en zone tropicale du continent américain. Bien que s'attaquant rarement aux humains, ces vampires sont l'objet de frayeurs non justifiées parmi le public. Néanmoins, ils peuvent transmettre le virus de la rage en ingurgitant le sang des mammifères. Ainsi, avant d'aller plus loin dans l'exposé, on constate que les chauves-souris constituent un « terrain » tout à fait favorable à la **multiplication**, aux **échanges** et à la **propagation des virus**.

2.3. Que sont les viromes de chauves-souris ?

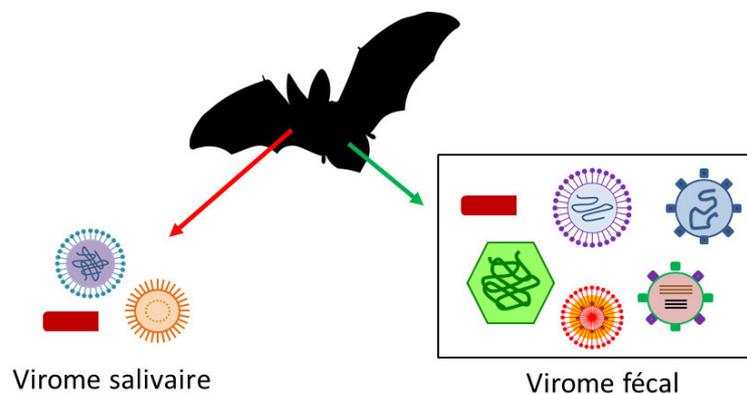


Figure 5. Analyse de différents viromes de chauves-souris. [Source : Figure de l'auteur]

La redécouverte relativement récente des liens chauves-souris / virus va susciter chez les chercheurs un intérêt dans cette nouvelle manière d'appréhender les maladies sous l'angle de l'**écologie** et de la **santé**. A cet engouement, vont s'ajouter les récentes avancées dans les méthodes d'investigation qui, par des **approches métagénomiques** et de séquençage haut débit, permettent d'analyser en un temps record et en évitant les étapes de culture l'ensemble des génomes viraux (virome) contenus dans un échantillon biologique. Tout ceci va entraîner une accélération des programmes d'études dont les objectifs sont d'améliorer la connaissance des **viromes** de chauves-souris (Figure 5). Seront ainsi lancées des campagnes de prélèvements aussi divers que guano (fèces), urines, écouvillonnages oraux ou anaux, voire d'organes dans les pays où le sacrifice de chauves-souris est autorisé [5].

Grâce à ces prélèvements, un grand nombre de **séquences virales** ont ainsi pu être identifiées dont certaines se sont révélées être similaires à celles de nombreux virus connus comme pathogènes chez les êtres humains [6]. Néanmoins, attention à ne pas,

comme cela a parfois été fait un peu vite, et conclure que les chauves-souris de toutes les maladies virales qui affectent les êtres humains ! Si ces méthodes ont apporté des avancées significatives dans la connaissance des liens entre virus et chauves-souris, il faut toutefois rester prudent dans l'interprétation de la masse considérable de données obtenues compte tenu de la **faiblesse des moyens d'analyse**.

Cependant, il est étonnant de constater que l'ensemble de ces avancées est venu conforter de simples observations faites en 1974 qui révélaient déjà la propension des chauves-souris à être les hôtes d'une grande variété de virus à ARN et à ADN [7].

2.4. L'anagramme de « chauves-souris » est « souche à virus » ! Est-il justifié ?

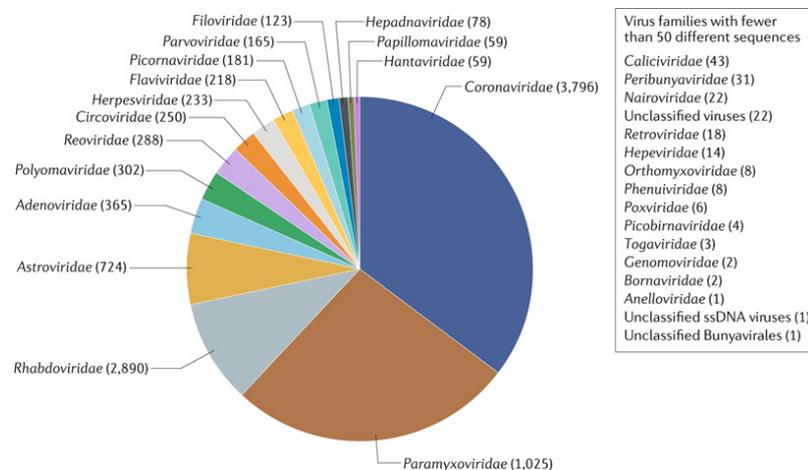


Figure 6. Diversité des virus trouvés chez les chauves-souris. Les coronavirus sont les plus nombreux mais les études ne sont qu'à leur début. [Source : Schéma de Letko et al. [11] Livre de droits / lien : doi: 10.1038/s41579-020-0394-z]

Bien que les Rongeurs constituent le 1^{er} ordre en nombre d'espèces parmi les Mammifères, une étude comparative [8] du nombre de **virus zoonotiques** présents chez eux et les Chiroptères a certes montré que leur nombre est plus important chez les Rongeurs, 68 contre 61, mais qu'en faisant le rapport du total des virus par espèce, celui-ci fait passer les Chiroptères en tête (1,79 contre 1,48). Plus récemment, une étude menée par Peter Daszak et ses collègues et publiée dans la revue *Nature* [9] a démontré que l'on pouvait prédire à partir du nombre total de virus qui infectent une espèce de mammifère la proportion de virus capables d'engendrer des zoonoses. Une des conclusions de ce travail est que les chauves-souris abritent proportionnellement un **nombre plus élevé de virus zoonotiques** que dans tous les autres ordres de Mammifères.

Concernant plus précisément les coronavirus, une autre vaste étude comparative [10] a été menée chez plus de 19 000 animaux appartenant aux chauves-souris, rongeurs et primates non-humains. Elle a montré que **98 % des coronavirus** retrouvés provenaient des chauves-souris. Une présence massive et diverse puisque, sur cent types de coronavirus identifiés, 91 étaient issus des Chiroptères. La proportion d'individus positifs à un coronavirus était de 8,6 % chez les chauves-souris et de 0,2 % chez les autres animaux. En extrapolant ces résultats à l'ensemble des espèces de chauves-souris, elles seraient porteuses à travers le monde de pas moins de **3 200 coronavirus**. Ce nombre a récemment été ré-évalué à 3 796 (Figure 6) [11]. Les chauves-souris semblent donc présenter des aptitudes particulières.

Néanmoins, tout ceci est à relativiser car il existe dans ces études des **biais d'échantillonnage**. L'ordre des Chiroptères avec ses 1 428 espèces occupant le deuxième rang chez les Mammifères, les chauves-souris se retrouvent forcément sur le devant de la scène. Récemment, des chercheurs ont montré qu'en allant au-delà des mammifères et en incluant les oiseaux, le risque de zoonoses virales reste **homogène** quelle que soit l'appartenance des espèces hôtes aux ordres aviens et mammaliens, et donc que le nombre de zoonoses par ordre taxinomique augmente en fonction de l'abondance en espèces [12]. Ainsi, pour les chauves-souris et les rongeurs, le nombre élevé de virus zoonotiques serait tout simplement relié à la **richesse spécifique des deux ordres** qu'ils représentent.

En réalité, les explications sur le rôle privilégié que jouent les chauves-souris dans les émergences virales sont plutôt à rechercher du côté de leur **écoéthologie particulière**, de leurs caractéristiques physiologiques et immunitaires inhabituelles mais aussi de leurs capacités à échanger des virus à ARN plus intensément que chez d'autres espèces animales. Enfin, il faut y ajouter la façon dont les **humains** par leur action sur les écosystèmes **créent des conditions favorables** pour mettre tous ces éléments en synergie.

3. Pourquoi les chauves-souris sont des hôtes privilégiés de virus

pathogènes ?

3.1. La cohabitation virus/chauves-souris est ancienne

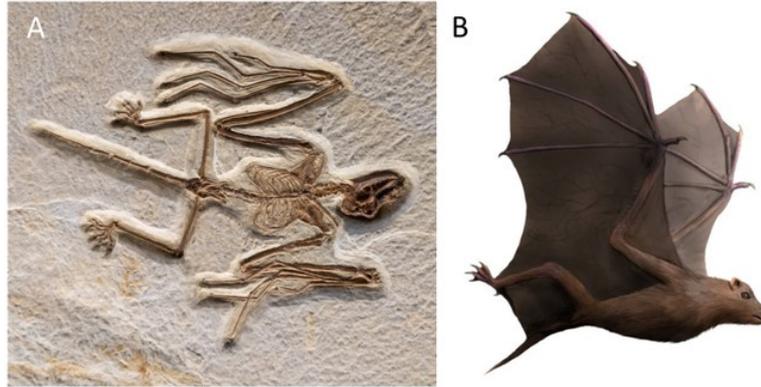


Figure 7. Ancienneté des chauves-souris. A, fossile d'*Onychonycteris finneyi*, l'un des plus anciens fossiles de chiroptère (Musée royal de l'Ontario) datant de 52,5 millions d'années (Eocène). Il a été découvert dans le Wyoming en Amérique du Nord. Cette chauve-souris volait mais était également capable de grimper aux arbres. Elle chassait les insectes en se servant de sa vue et de son odorat n'étant pas encore doté du système d'écholocation. [Source : A, photo © Matthew Dillon, CC BY 2.0, via Flickr]. B, représentation probable de *O. finneyi*. [schéma © N. Tamura ; licence CC BY-SA].

La **cohabitation virus/chauve-souris** a pu s'établir il y a très longtemps puisque les plus anciennes chauves-souris fossiles connues apparaissent avec certitude à l'Eocène il y a plus de 50 millions d'années (Figure 7). Malgré la crise biologique du Crétacé-Tertiaire survenue seulement 10 millions d'années auparavant, la diversité des chauves-souris à l'**Eocène** est déjà remarquable. Une publication récente [13] est venue confirmer l'ancienneté des Chiroptères et apporter un éclairage nouveau sur l'origine des chauves-souris qui était jusque-là une énigme. En comparant les génomes de 6 espèces de chauves-souris avec ceux connus d'autres espèces de mammifères, les chercheurs ont montré que les Chiroptères font bien partie des **laurasiathériens**, un super-ordre de mammifères placentaires mais qu'ils partagent un ancêtre commun avec le clade des Fereuungulata qui regroupe 5 ordres (chameaux, porcs, cétacés, chevaux, rhinocéros, carnivores et pangolins) dont ils se sont séparés, repoussant d'autant la date d'apparition des Chiroptères à **plus de 65 millions d'années**.

3.2. Une longue durée de coévolution entre virus et chauves-souris

Les virus ont ainsi disposé d'une très longue durée pour s'adapter à leurs hôtes Chiroptères et **coévoluer** intimement. Une lente sélection des capacités des virus à infecter leur hôte s'est opérée, engendrant une **adaptation virale** de plus en plus étroite à certaines molécules présentes à la surface des cellules de chauves-souris. Ces molécules jouant le rôle de récepteurs, elles vont avoir un rôle crucial dans la pénétration du virus dans les cellules de l'hôte. Etant par ailleurs engagées dans un certain nombre de processus physiologiques fondamentaux, ces **molécules réceptrices** sont restées hautement conservées dans le monde animal. Ceci explique l'aisance avec laquelle les virus se jouent des barrières d'espèces et circulent rapidement parmi les hôtes mammifères.

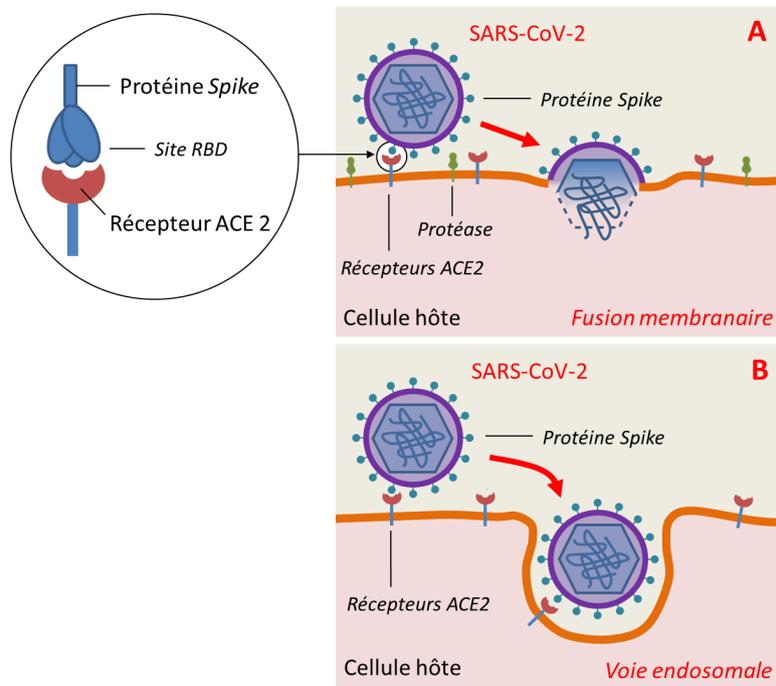


Figure 8. Après fixation par la protéine Spike du SARS-CoV-2 sur le récepteur de la cellule hôte constitué par l'enzyme de conversion 2 de l'angiotensine I (ACE2) et activation par clivage de Spike par une protéase membranaire, la fusion du complexe viral se réalise directement à la surface de la cellule (A). En l'absence de protéase, le virus pénètre dans la cellule par endocytose (B). [Source : Figure de l'auteur]

Dans le cas du SARS-CoV-2, le récepteur a rapidement été identifié comme étant l'**enzyme de conversion 2 de l'angiotensine I (ACE2)** (Figure 8). Intervenant dans la régulation de la pression artérielle, elle est très répandue chez les Vertébrés et on la trouve à la surface des cellules de nombreux tissus et organes (poumons, cœur, artères, rein et appareil digestif). Dans l'infection, elle joue le rôle de serrure et interagit avec la clé représentée par la protéine virale S (pour *Spike* qui veut dire spicule). Ce sont les spicules qui donnent l'aspect couronné au virus d'où son nom de coronavirus.

Cependant, il faut encore que la clé (**protéine S**) ait acquis par mutations une séquence particulière en acides aminés dans son domaine de fixation RBD (*receptor binding domain*) au récepteur ACE2 humain ainsi qu'un site spécifique de clivage par les enzymes de l'hôte pour que le SARS-CoV-2 puisse infecter les cellules humaines [14].

Ces **mutations** ont vraisemblablement été acquises par le coronavirus d'origine chauves-souris lors de passages par des **hôtes intermédiaires** pour aboutir au SARS-CoV-2. Outre l'être humain, ce dernier s'avère capable d'infecter d'autres mammifères comme les primates (singes Macaques), certaines espèces de cervidés et de cétacés, le chat domestique, le tigre, le hamster doré, le furet, le vison et le chien domestique. En dehors des Mammifères, les autres classes de Vertébrés ne semblent pas concernées [15].

3.3. Le vol, essentiel aux liens entre chauves-souris et virus



Figure 9. Grand Rhinolophe (*Rhinolophus ferrumequinum*) en vol. [Source : photo © Louis-Marie Préau]

Parmi les adaptations qui ont fait le succès des Chiroptères, **l'acquisition du vol** au cours de l'évolution est sans doute la plus remarquable (Figure 9). Il s'avère que ce vol a joué un rôle essentiel dans les liens entre chauves-souris et virus. Outre le fait qu'il soit un excellent moyen de déplacement pour les chauves-souris, il va contribuer à la **propagation des virus** sur de larges territoires et dans des écosystèmes très variés. Ainsi, on a constaté que la répartition géographique des virus du genre *Henipavirus* se superpose fidèlement à celle des chauves-souris du genre *Pteropus*, les hénipaviruses animales et humaines ayant été rapportées en Australie, au Bangladesh, en Inde, en Malaisie et à Singapour.

De manière plus inattendue, on s'est rendu compte que le vol, en accroissant fortement le métabolisme (15 à 16 fois par rapport aux 2 fois de la plupart des oiseaux) et la température corporelle de la chauve-souris (>38°C), induisait une réponse similaire à celle d'un **état fiévreux**. Or, la fièvre est un mécanisme naturel de défense utilisé par les animaux endothermes pour inhiber la croissance des agents pathogènes et stimuler leur immunité. Ainsi, en induisant un état fiévreux plus ou moins permanent, le vol contribuerait à rendre les chauves-souris plus **résistantes aux attaques virales** [16].

3.4. Respiration et stress oxydant

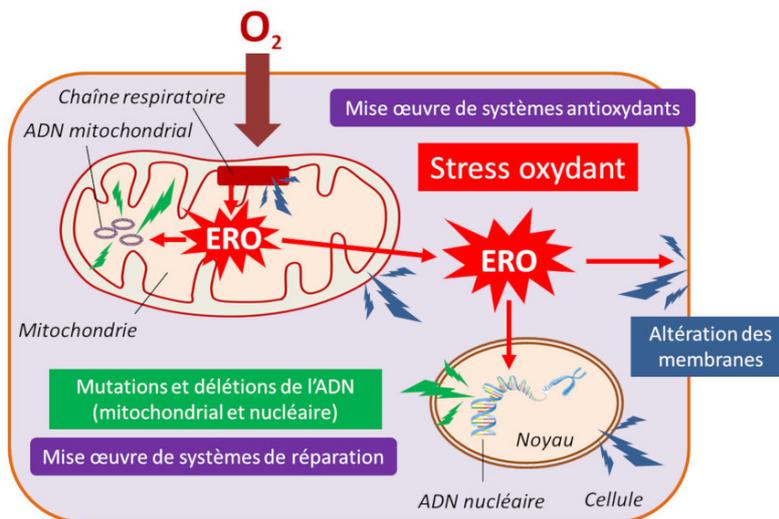


Figure 10. La production d'espèces réactives de l'oxygène (ERO) au niveau de la chaîne respiratoire mitochondriale induit un stress oxydant responsable d'altérations au niveau de la cellule touchant les lipides membranaires, les protéines et l'ADN. Pour se protéger, la cellule dispose de systèmes antioxydants et de réparation. [Source : Figure de l'auteur]

Durant le vol, les chauves-souris consomment 4 fois plus d'oxygène, ce qui génère au niveau de la chaîne respiratoire mitochondriale une grande quantité d'espèces réactives de l'oxygène (ERO) à l'origine d'un **stress oxydant** intense (Figure 10). Ce dernier provoque habituellement des dommages importants aux constituants cellulaires dont l'ADN mais les chauves-souris semblent y échapper. En fait, pour soutenir la forte demande énergétique exigée par le vol et se protéger des effets du stress

oxydant, les chauves-souris ont sélectionné des **mitochondries** et des **systèmes antioxydants** particulièrement efficaces [17]. Quand le mal est fait, elles peuvent compter sur un **système de réparation de l'ADN** très performant [18]. Sachant que bon nombre d'agents pathogènes génèrent un stress oxydant dans les étapes initiales de l'infection et que les mitochondries ont un rôle de plus en plus reconnu dans les défenses immunitaires, ces adaptations, lentement sélectionnées par les Chiroptères au cours de l'évolution, ont eu des répercussions bénéfiques sur leur **immunité** et le **contrôle des pathogènes** [19].

3.5. Une longévité exceptionnelle propice à la persistance des virus

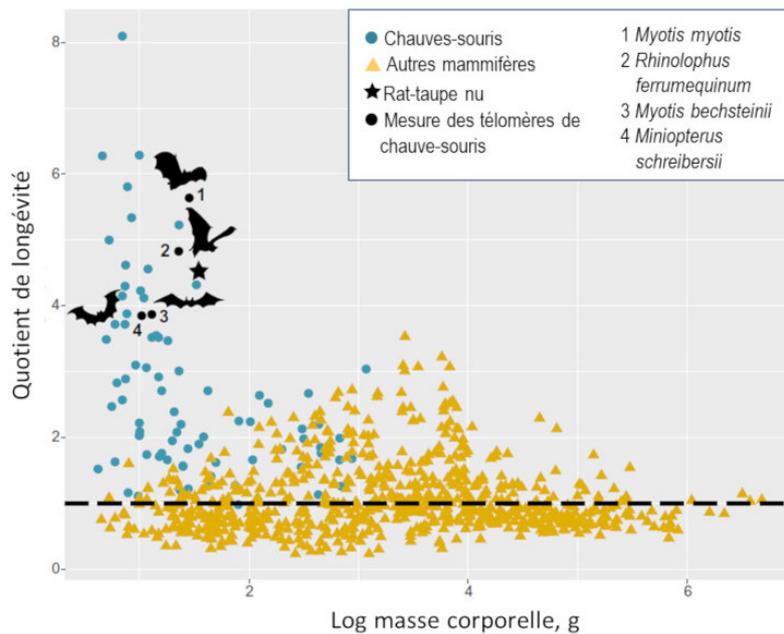


Figure 11. Quotient de longévité (rapport de la longévité observée sur la longévité estimée) pour 779 espèces de mammifères, en fonction de la masse corporelle (en gramme). La ligne pointillée noire indique un quotient = 1. La plupart des chauves-souris ont une longévité élevée compte tenu de leur masse corporelle (points bleus) comme pour une espèce de rongeur, le Rat-taupe nu (étoile noire). La relation entre la longueur des télomères et l'âge a été estimée pour les espèces de chauves-souris représentées par des silhouettes. [Source d'après Foley et al. [20], CC BY-NC 4.0 / Lien : <https://advances.sciencemag.org/content/4/2/eaao0926>]

Parallèlement, les virus se seraient habitués progressivement à leur hôte chiroptère et auraient été amenés à abaisser leur niveau de virulence. Autrement dit, chacun a appris à cohabiter harmonieusement. Ainsi, on constate que de nombreux traits de vie chez les chauves-souris sont favorables à la **persistance des virus**.

Nous avons vu précédemment que la chauve-souris parvient à modérer un stress oxydant qui entraîne généralement une inflammation chronique et une accélération du vieillissement. De même, le raccourcissement progressif des télomères (extrémités des chromosomes) normalement cause de sénescence et d'apparition de cancer, n'a pas été observé chez les chauves-souris [20]. Elles font ainsi preuve d'une **longévité exceptionnelle** (Figure 11) avec peu de signes de sénescence et un taux négligeable de cancers. Sur 19 espèces de mammifères qui vivent proportionnellement plus longtemps que les êtres humains en tenant compte de leur taille corporelle, 18 sont des chauves-souris, avec un record détenu par un Murin de Brandt (*Myotis brandtii*) qui, pour un poids de 7 g, a dépassé l'âge de 41 ans. Cette longévité est propice à la persistance des virus chez les individus et aux échanges viraux sur le long terme entre les générations de juvéniles et les adultes.

3.6. Léthargie et torpeur



Figure 12. Grand Rhinolophe en phase d'hibernation. A, colonie de Grands Rhinolophes ; B, Grand Rhinolophe (*Rhinolophus ferrumequinum*) en léthargie enveloppé dans ses ailes (on aperçoit la feuille nasale qui permet la concentration des ultrasons émis par les narines pour l'écholocation déployée en phase active). [Source : photos © Marc Pihet]

Un autre facteur favorable à la persistance des virus concerne les états de **léthargie** ou de **torpeur** dans lesquels les Chiroptères peuvent entrer (Figures 12 & 13).

La léthargie est une stratégie employée par les chauves-souris des pays tempérés pour survivre à la pénurie d'insectes qui survient durant les saisons froides tandis que d'autres animaux comme les oiseaux choisissent de migrer vers des contrées plus clémentes.



Figure 13. Petit Rhinolophe (*Rhinolophus hipposideros*) en léthargie suspendu passivement à la paroi par ses griffes. [Source : photo © Marc Pihet]

Ainsi pendant l'**hibernation** qui se prolonge sur plusieurs mois, la chauve-souris tombe dans un état de léthargie profonde qui s'accompagne d'une hypothermie et d'un ralentissement extrême de son métabolisme dans le but d'économiser l'énergie. Un amoindrissement des défenses immunitaires est associé ; il s'avère tout à fait favorable au maintien des virus. On explique de cette manière la **transmission inter-saisons des virus**. Quant aux chauves-souris tropicales qui n'hibernent pas, on a constaté qu'elles tombent périodiquement dans des états de torpeur diurne qui s'accompagnent d'une réduction de leur métabolisme comme lors de l'hibernation ^{ref. 17}.

3.7. Importance de la vie en commun

D'individuelle, la persistance virale peut également s'exprimer à l'échelle collective. Les Chiroptères ont une forte propension à se regrouper en **colonies** de centaines, voire de milliers d'individus d'âges éloignés et parfois d'espèces différentes. La plus grande concentration connue de mammifères se situe dans la grotte de *Braken Cave* au Texas qui concentre plus de 20 millions de Molosses du Brésil (*Tadarida brasiliensis mexicana*) (Figure 14). Il faut au moins 3 h pour que toute la colonie sorte de la cavité !



Figure 14. A, *Bracken Cave* (Texas, USA) qui héberge une des plus grandes colonies de chauves-souris au monde avec un nombre estimé à 20 millions de Molosses du Brésil rassemblés de mars à octobre. B, Molosse du Brésil (*Tadarida brasiliensis*) [Source : A, photo © Jonathan-Alonzo, courtesy of Bat Conservation International / B, photo © Michael Durham Minden, courtesy of Bat Conservation International].

Au cours de ces phénomènes d'agrégation, il est évident que les virus se transmettent très facilement entre chauves-souris, soit par léchage mutuel de leurs poils fréquemment souillés par les urines ou les fèces, soit par **aérosolisation** des liquides biologiques (urine, salive) qui constituent de bons supports pour la diffusion virale. Pour se déplacer ou chasser dans la nuit, certaines chauves-souris utilisent l'**écholocation** (Lire [Focus : L'écholocation](#)) qui mobilise la sphère oto-rhino-laryngée et génère des aérosols à partir des sécrétions de la muqueuse nasale et de la salive, sites de prédilection pour les virus. Cette faculté acquise au cours de l'évolution consiste à émettre des ultra-sons pour créer des « images » sonores dans un environnement sans lumière.

Dans ces regroupements, il a bien été montré que la nature et la taille des colonies jouent un rôle important dans la maintenance virale et l'apparition de nouveaux variants. On pense que les **échanges viraux** entre adultes et juvéniles favorisent la **chronicité des infections** alors qu'entre individus d'espèces différentes, c'est la **diversité virale** qui s'accroît. Les chercheurs en viennent à se demander si cette habitude de vivre en sympatrie ne serait pas le facteur déterminant qui a amené les chauves-souris à tolérer les virus tout en développant des **capacités immunitaires uniques** dont on commence depuis peu à en cerner les aspects.

3.8. Des capacités immunitaires uniques

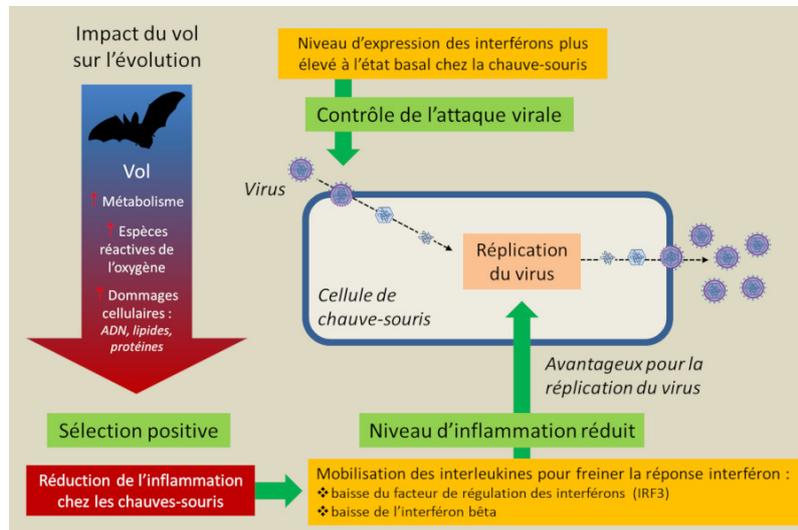


Figure 15. Le vol induit chez les chauves-souris des capacités immunitaires uniques destinées à contrôler l'attaque virale et la réaction inflammatoire qui en découle. [Source : Figure de l'auteur]

Normalement, les humains et la plupart des autres mammifères répondent à une attaque virale en activant leur système immunitaire au moment de l'infection. Ce n'est pas le cas chez les chauves-souris qui maintiennent en **permanence mais à bas-bruit** ce dispositif de manière à le monter rapidement en puissance en cas d'infection (Figure 15). En fait, une première réponse inflammatoire permet d'envoyer des **cytokines** (interférons) qui ciblent dès son arrivée l'agent pathogène, suivie d'une deuxième réponse où des **interleukines** vont venir **tempérer l'inflammation** pour éviter ses effets délétères chez l'hôte. En fait, c'est le vol, activité intense très pro-inflammatoire, qui aurait induit cette capacité unique à empêcher le déclenchement d'une inflammation exacerbée [18]. Cette dernière correspond au fameux orage cytokinique évoqué lors de la pandémie de COVID-19 qui provoque une réaction inflammatoire disproportionnée chez certains patients et que les réanimateurs tentent de contrôler, à la manière des chauves-souris, car elle menace le pronostic vital du patient [21].

En fait, les chauves-souris semblent capables de **restreindre** leur **réaction immunitaire** vis-à-vis d'agents pathogènes avec lesquels elles partagent une longue histoire évolutive de manière à limiter les conséquences immunopathologiques d'une infection [22]. Une sorte de pacte de non-agression semble s'être établi entre elles et les virus.

L'analyse récente de six génomes de chauves-souris [13] a montré une grande variété de **virus endogènes**, ce qui tend à conforter cet état de tolérance vis-à-vis de virus reconnus ainsi comme des éléments du soi de la chauve-souris. Elle a également révélé la concentration de la réponse inflammatoire sur un nombre restreint de gènes et l'existence de nouveaux gènes impliqués dans la **tolérance aux infections virales**. Cette étude envisage de mieux comprendre comment les chauves-souris tolèrent les infections à coronavirus.

4. Les chauves-souris sont-elles responsables des émergences virales ?

La reconnaissance du rôle des chauves-souris dans les épidémies virales présente le risque de les en rendre responsables et donc d'envisager leur **éradication comme solution au risque infectieux**. Cette réaction malheureusement intuitive, s'avèrerait totalement inappropriée et même **préjudiciable** pour la santé humaine. Elle a déjà été testée en Ouganda où dans le cadre de campagnes de prévention des infections à virus Marburg, des destructions de roussettes ont été réalisées dans certaines mines. Il en a résulté une ré-invasion de ces sites par des chauves-souris sensibles et des réintroductions multiples du virus dans de nouvelles populations connectées entre elles.

Réagir comme cela, c'est oublier que les Chiroptères sont des **espèces clés** dans le fonctionnement des écosystèmes. En milieu tropical, elles jouent un rôle significatif dans la pollinisation des plantes et la dissémination à distance des graines. Les êtres humains en tirent profit en les consommant et en exploitant leur guano comme fertilisant. Quant aux chauves-souris insectivores, elles exercent un rôle majeur dans la régulation des populations d'insectes et participent de ce fait à une réduction de l'usage des pesticides. Très sensibles aux changements de leur environnement, les chauves-souris s'avèrent être d'excellents **indicateurs de la santé de notre environnement**.

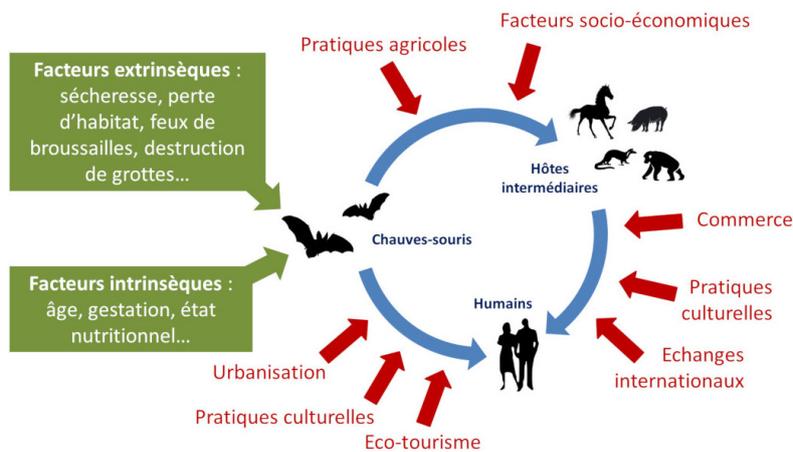


Figure 16. Facteurs favorisant les zoonoses. [Source : Figure de l'auteur]

Les causes des épidémies sont plutôt à rechercher dans le **bouleversement** des **écosystèmes** naturels qu'infligent les **activités humaines** : intensification des pratiques agricoles entraînant la déforestation et la fragmentation des habitats, la dégradation de l'habitat et l'urbanisation galopante [23] (Figure 16). Ces activités empiètent sur les milieux restés longtemps sauvages et rapprochent les populations de chauves-souris des habitats humains et des élevages d'animaux domestiques [24]. S'ajoute le regroupement contre-nature dans des **conditions de détention** déplorables d'animaux sauvages ou domestiques vivants destinés à être vendus sur les marchés, véritables chaudrons à virus émergents. Pour éviter cela, une mesure facile et rapide consisterait à appliquer un **contrôle strict** sur ces marchés d'animaux vivants. A plus long terme, il conviendrait d'inciter les êtres humains à **modifier profondément leurs habitudes alimentaires**.

D'une manière plus globale, il faudra agir sur les **facteurs de risque** qui exposent les êtres humains à la faune sauvage et aux chauves-souris. La pandémie de COVID-19 est là pour nous le rappeler. En effet, elle a rendu évident que la maîtrise de ces risques passe par une **collaboration étroite** entre les domaines de la santé humaine, de la santé animale et de la santé des écosystèmes. Autrement dit : médecins, pharmaciens, vétérinaires et écologues mais aussi économistes et juristes doivent travailler ensemble à promouvoir une **écologie de la santé**, approche essentielle pour parer aux futures épidémies et éviter qu'elles ne se transforment en crises sanitaires (Lire [Les pandémies de l'ère moderne](#)).

5. Messages à retenir

Les chauves-souris sont les **hôtes naturels** de nombreux virus émergents sans qu'elles ne soient pour autant affectées par la plupart d'entre eux.

Les chauves-souris sont les hôtes **privilegiés des virus** de par leur **diversité** d'espèces, 2^e ordre chez les Mammifères, de régimes alimentaires et de niches écologiques.

Des recherches sont menées sur le **virome** (ensemble des génomes viraux) des chauves-souris qui démontrent qu'elles ne sont **pas directement responsables** des maladies virales humaines.

Leur apparition remonte à plus de 65 millions d'années ce qui leur a laissé le temps de **coévoluer étroitement** avec les virus.

De **singulières adaptations** ont fait le succès des Chiroptères : capacités de vol et d'écholocation, longévité exceptionnelle, aptitude à entrer dans des états de léthargie ou de torpeur, instinct grégaire et système immunitaire unique qui ont contribué à leur **large tolérance aux infections**

Les Chiroptères sont des espèces clés dans le fonctionnement des écosystèmes et d'excellents **indicateurs de santé** de notre environnement.

Les causes des épidémies sont plutôt à rechercher dans le bouleversement des écosystèmes naturels dû aux **activités humaines non contrôlées**.

Pour parer à de nouvelles épidémies, il faut impérativement agir sur les **facteurs de risque** qui exposent êtres humains et faune sauvage.

Notes et références

Image de couverture. Grand Murin (*Myotis myotis*) en vol. [Source : © Louis-Marie Préau, www.louismariepreau.com]

- [1] Zhou P, Yang XL, Wang XG, Hu B, Zhang L, Zhang W, Si HR, Zhu Y, Li B, Huang CL, Chen HD, Chen J, Luo Y, Guo H, Jiang RD, Liu MQ, Chen Y, Shen XR, Wang X, Zheng XS, Zhao K, Chen QJ, Deng F, Liu LL, Yan B, Zhan FX, Wang YY, Xiao GF & Shi ZL. (2020). A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*, **579** (7798), 270-273. <doi: 10.1038/s41586-020-2012-7>.
- [2] Xiao K, Zhai J, Feng Y, Zhou N, Zhang X, Zou J-J, Li N, Guo Y, Li X, Shen X, Zhang Z, Shu F, Huang W, Li Y, Zhang Z, Chen R-A, Wu Y-J, Peng S-M, Huang M, Xie W-J, Cai Q-H, Hou F-H, Chen W, Xiao L & Shen Y. (2020). Isolation of SARS-CoV-2-related coronavirus from Malayan pangolins. *Nature*, **583** (7815), 286-289. <doi: 10.1038/s41586-020-2313-x>.
- [3] Calisher CH, Childs JE, Field HE, Holmes K & Schountz T. (2006). Bats: important reservoir hosts of emerging viruses. *Clin. Microbiol. Rev.* **19** (3), 531-545. <doi:10.1128/CMR.00017-06>.
- [4] Middleton DJ, Morrissy CJ, van der Heide BM, Russell GM, Braun MA, Westbury HA, Halpin K & Daniels PW. (2007). Experimental Nipah virus infection in pteropid bats (*Pteropus poliocephalus*). *J. Comp. Pathol.*, **136** (4), 266-272. <doi: 10.1016/j.jcpa.2007.03.002>.
- [5] Hu D, Zhu C, Wang Y, Ai L, Yang L, Ye F, Ding C, Chen J, He B, Zhu J, Qian H, Xu W, Feng Y, Tan W & Wang C. (2017). Virome analysis for identification of novel mammalian viruses in bats from Southeast China. *Sci Rep*, **7** (1), 10917. <doi: 10.1038/s41598-017-11384-w>.
- [6] Drexler JF, Corman VM, Müller MA, Maganga GD, Vallo P, Binger T, Gloza-Rausch F, Rasche A, Yordanov S, Seebens A, Oppong S, Adu Sarkodie Y, Pongombo C, Lukashev AN, Schmidt-Chanasit J, Stöcker A, Carneiro AJ, Erbar S, Maisner A, Fronhoffs F, Buettner R, Kalko EK, Kruppa T, Franke CR, Kallies R, Yandoko ER, Herrler G, Reusken C, Hassanin A, Krüger DH, Matthee S, Ulrich RG, Leroy EM & Drosten C. (2012). Bats host major mammalian paramyxoviruses. *Nat. Commun.*, **3**, 796. <doi: 10.1038/ncomms1796>.
- [7] Sulkin SE & Allen R. (1974). *Virology*. Vol. 8. Basel: Melnick JL, Karger.
- [8] Luis AD, Hayman DT, O'Shea TJ, Cryan PM, Gilbert AT, Pulliam JR, Mills JN, Timonin ME, Willis CK, Cunningham AA, Fooks AR, Rupprecht CE, Wood JL & Webb CT. (2013). A comparison of bats and rodents as reservoirs of zoonotic viruses: are bats special? *Proc Biol Sci.* **280** (1756), 20122753. <doi: 10.1098/rspb.2012.2753>.
- [9] Olival KJ, Hosseini PR, Zambrana-Torrel C, Ross N, Bogich TL, Daszak P. (2017). Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals. *Nature*, **546** (7660), 646-650. <doi: 10.1038/nature22975>.
- [10] Anthony SJ, Johnson CK, Greig DJ, Kramer S, Che X, Wells H, Hicks AL, Joly DO, Wolfe ND, Daszak P, Karesh W, Lipkin WI, Morse SS; PREDICT Consortium, Mazet JAK, Goldstein T. (2017). Global patterns in coronavirus diversity. *Virus Evol.* **3** (1), vex012. <doi: 10.1093/ve/vex012>.
- [11] Letko M, Seifert SN, Olival KJ, Plowright RK & Munster VJ. (2020). Bat-borne virus diversity, spillover and emergence. *Nat Rev Microbiol*, **18** (8), 461-471. <doi: 10.1038/s41579-020-0394-z>.
- [12] Mollentze N, Streicker DG. (2020). Viral Zoonotic Risk Is Homogenous Among Taxonomic Orders of Mammalian and Avian Reservoir Hosts. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **117** (17), 9423-9430. <doi: 10.1073/pnas.1919176117>.
- [13] Jebb D, Huang Z, Pippel M, Hughes GM, Lavrichenko K, Devanna P, Winkler S, Jermiin LS, Skirmuntt EC, Katzourakis A, Burkitt-Gray L, Ray DA, Sullivan KAM, Roscito JG, Kirilenko BG, Dávalos LM, Corthals AP, Power ML, Jones G, Ransome RD, Dechmann DKN, Locatelli AG, Puechmaille SJ, Fedrigo O, Jarvis ED, Hiller M, Vernes SC, Myers EW & Teeling EC. (2020). Six reference-quality genomes reveal evolution of bat adaptations. *Nature*, **583**, 579-584. <doi: 10.1038/s41586-020-2486-3>.
- [14] Zhang T, Wu Q, Zhang Z. (2020). Probable Pangolin Origin of SARS-CoV 2 Associated with the COVID-19 Outbreak.

- [15] Damas J, Hughes GM, Keough KC, Painter CA, Persky NS, Corbo M, Hiller M, Koepfli KP, Pfenning AR, Zhao H, Genereux DP, Swofford R, Pollard KS, Ryder OA, Nweeia MT, Lindblad-Toh K, Teeling EC, Karlsson EK, Lewin HA. (2020). Broad host range of SARS-CoV-2 predicted by comparative and structural analysis of ACE2 in vertebrates. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 2020 Aug 21;202010146. <doi: 10.1073/pnas.2010146117>.
- [16] O'Shea TJ, Cryan PM, Cunningham AA, Fooks AR, Hayman DTS, Luis AD, Peel AJ, Plowright RK & Wood JLN. (2014). Bat flight and zoonotic viruses. *Emerg. Infect. Dis.* 20 (5) : 741-745. <doi:10.3201/eid2005.130539>.
- [17] Brook CE & Dobson AP. (2015). Bats as special reservoirs for emerging zoonotic pathogens. *Trends Microbiol.* **23** (3), 172-180. <doi: 10.1016/j.tim.2014.12.004>.
- [18] Zhang G, Cowled C, Shi Z, Huang Z, Bishop-Lilly KA, Fang X, Wynne JW, Xiong Z, Baker ML, Zhao W, Tachedjian M, Zhu Y, Zhou P, Jiang X, Ng J, Yang L, Wu L Xiao J, Feng Y, Chen Y, Sun X, Zhang Y, Marsh GA, Crameri G, Broder CC, Frey KG, Wang L-F & Wang J. (2013). Comparative analysis of bat genomes provides insight into the evolution of flight and immunity. *Science*, **339** (6118), 456-460. <doi: 10.1126/science.1230835>.
- [19] Banerjee A, Baker ML, Kulcsar K, Misra V, Plowright R & Mossman K. (2020). Novel insights into immune systems of bats. *Front Immunol*, **11**, 26. <doi: 10.3389/fimmu.2020.00026>.
- [20] Foley NM, Hughes GM, Huang Z, Clarke M, Jebb D, Whelan CV, Petit EJ, Touzalin F, Farcy O, Jones G, Ransome RD, Kacprzyk J, O'Connell MJ, Kerth G, Rebelo H, Rodrigues L, Puechmaille SJ, Teeling EC. (2018). Growing old, yet staying young: The role of telomeres in bats' exceptional longevity. *Sci. Adv.* **4** (2), eaao0926. <doi: 10.1126/sciadv.aao0926>.
- [21] Kacprzyk J, Hughes GM, Palsson-McDermott EM, Quinn SR, Puechmaille SJ, O'Neill LAJ & Teeling EC. (2017). A potent anti-inflammatory response in bat macrophages may be linked to extended longevity and viral tolerance. *Acta Chiropter*, **19** (2), 219-228. <doi: 10.3161/15081109ACC2017.19.2.001>.
- [22] Mandle JN, Schneider C, Schneider DS & Baker ML. (2018). Going to bat(s) for studies of disease tolerance. *Front. Immunol*, **9** (2112). <doi: 10.3389/fimmu.2018.02112>.
- [23] Gibb R, Redding DW, Chin KQ, Donnelly CA, Blackburn TM, Newbold T & Jones KE. (2020). Zoonotic host diversity increases in human-dominated ecosystems. *Nature*, **584** (7821), 398-402. <doi: 10.1038/s41586-020-2562-8>.
- [24] Afelt A, Frutos R & Devaux C. (2018). Bats, Coronaviruses, and Deforestation: Toward the Emergence of Novel Infectious Diseases ? *Front. Microbiol.* **9**, 702. <doi: 10.3389/fmicb.2018.00702>.

L'Encyclopédie de l'environnement est publiée par l'Université Grenoble Alpes - www.univ-grenoble-alpes.fr

Pour citer cet article: **Auteur** : LARCHER Gérald (2022), Chauves-souris et virus ou comment cohabiter en harmonie, Encyclopédie de l'Environnement, [en ligne ISSN 2555-0950] url : <http://www.encyclopedie-environnement.org/?p=12108>

Les articles de l'Encyclopédie de l'environnement sont mis à disposition selon les termes de la licence Creative Commons Attribution - Pas d'Utilisation Commerciale - Pas de Modification 4.0 International.
