



Since January 2020 Elsevier has created a COVID-19 resource centre with free information in English and Mandarin on the novel coronavirus COVID-19. The COVID-19 resource centre is hosted on Elsevier Connect, the company's public news and information website.

Elsevier hereby grants permission to make all its COVID-19-related research that is available on the COVID-19 resource centre - including this research content - immediately available in PubMed Central and other publicly funded repositories, such as the WHO COVID database with rights for unrestricted research re-use and analyses in any form or by any means with acknowledgement of the original source. These permissions are granted for free by Elsevier for as long as the COVID-19 resource centre remains active.



Disponible en ligne sur

ScienceDirect
www.sciencedirect.com

Elsevier Masson France

EM|consulte
www.em-consulte.com



ÉDITORIAL

Introduction générale sur les coronavirus animaux et humains

General introduction to animal and human coronaviruses

Résumé Les coronavirus sont des virus à ARN classés en *Alphacoronavirus*, *Betacoronavirus*, *Gammacoronavirus* et *Deltacoronavirus*. Leur nom vient de leur conformation avec la présence de spicules formant une sorte de couronne. Les *Alphacoronavirus* et les *Betacoronavirus* (genre où l'on observe des zoonoses) semblent provenir des chauves-souris alors que les oiseaux seraient à l'origine des *Gammacoronavirus* et des *Deltacoronavirus*. Le premier coronavirus identifié fut celui de la bronchite infectieuse aviaire en 1931 aux États-Unis alors que les premiers coronavirus n'ont été décrits chez l'Homme que dans les années 1960. C'est pourquoi on connaissait surtout des coronavirus dans la communauté vétérinaire. La plupart des *Alphacoronavirus* sont spécifiques d'espèce. Ils peuvent être responsables de maladies graves notamment chez le chat (une forme entérique—FECV— et une forme responsable de la péritonite infectieuse féline—FIPV), la gastroentérite transmissible (GET) du porcelet et la diarrhée épidémique porcine (DEP), la coronavirose respiratoire porcine (PRCV). Enfin, un deltacoronavirus peut être rencontré à la fois chez le porc (PD CoV UKU15) et les oiseaux.

© 2021 Publié par Elsevier Masson SAS au nom de l'Académie nationale de médecine.

Summary Coronaviruses are RNA viruses classified into *Alphacoronavirus*, *Betacoronavirus*, *Gammacoronavirus* and *Deltacoronavirus*. Their name comes from their conformation with the observation of spicules forming a sort of crown. Coronaviruses seem to come from bats, and more particularly *Alphacoronaviruses* and *Betacoronaviruses* (the genus where zoonoses are observed), while birds are the source of *Gammacoronaviruses* and *Deltacoronaviruses*. The first coronavirus identified was that of avian infectious bronchitis in 1931 in the United States, while the first coronaviruses were described in humans only in the 1960s. This is why coronaviruses were mainly known in the veterinary community. Most *Alphacoronaviruses* are species specific. They can be responsible for serious diseases such as the cat coronavirus, responsible for feline infectious peritonitis, transmissible gastroenteritis (GET) in piglets and porcine epidemic diarrhoea (PED), porcine respiratory coronavirus (PRCV). Finally, a deltacoronavirus can be found in both pigs (PD CoV UKU15) and birds.

© 2021 Published by Elsevier Masson SAS on behalf of l'Académie nationale de médecine.

Introduction

La première description d'une coronavirose (maladie liée à un coronavirus) fut celle de la bronchite infectieuse des volailles observée en 1931 par des vétérinaires américains Schalk et Hawn [1]. Très rapidement on sut, toujours aux États-Unis, que l'agent était un virus filtrable [2] qui fut identifié pour la première fois par ses effets pathogènes (nanisme et mortalité embryonnaire) après plusieurs passages sur œufs embryonnés par Beaudette et Hudson en 1937 [3] d'où le nom de souche Beaudette donné à ce virus. Depuis de nombreux coronavirus ont été identifiés chez plusieurs espèces animales et chez l'Homme [4].

Classification des coronavirus

Les coronavirus sont des virus à ARN classés en 4 genres : *Alphacoronavirus*, *Betacoronavirus*, *Gammacoronavirus* et *Deltacoronavirus* ; les *Betacoronavirus* étant subdivisés en 4 groupes A, B, C et D. Le nom « coronavirus » vient de *corona* en latin en raison de leur

conformation comprenant des spicules et formant une sorte de couronne.

Chez l'Homme comme chez les espèces animales, les aspects cliniques des coronaviruses sont variés, les systèmes respiratoires et digestifs étant principalement touchés.

Les coronavirus semblent provenir des chauves-souris, plus particulièrement les *Alphacoronavirus* et les *Betacoronavirus*, alors que les oiseaux seraient à l'origine des *Gammacoronavirus* et des *Deltacoronavirus* (Fig. 1)

Les premiers coronavirus ont été décrits chez l'Homme dans les années 1960 (souches dites classiques HCoV 229E et HCoV OC43). À cette période, on connaissait surtout des coronavirus dans la communauté vétérinaire. Un peu plus tard deux coronavirus, souches dites nouvelles HCoV-NL63 et HCoV-HKU1, ont été décrites au début des années 2000 (ces souches pourraient avoir pour origine animale des rongeurs). Ces souches humaines de coronavirus correspondaient à des infections respiratoires hivernales modérées. La majorité des coronavirus animaux sont classés dans les *Alphacoronavirus* et sont spécifiques d'espèces mais on peut noter aussi des *Betacoronavirus* chez diverses espèces dont un betacoronavirus bovin (BCoV) ou un betacoronavirus équin (ECoV) provoquant des entérites alors que les

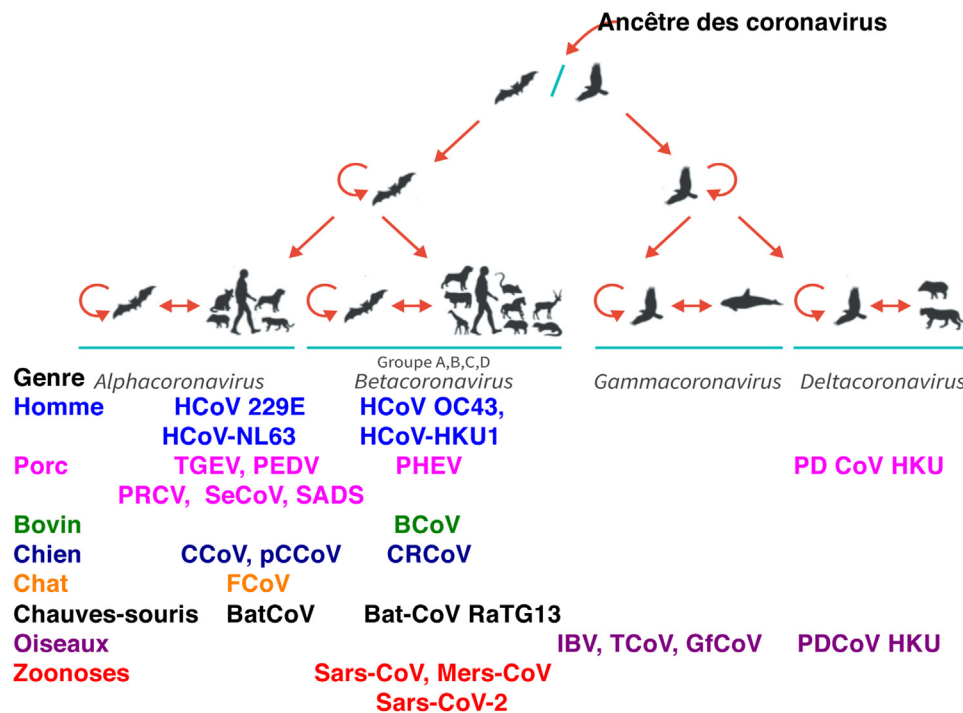


Figure 1 Évolution des coronavirus, modifié d'après Woo et al. [5]. Parmi les *Alphacoronavirus*, certains peuvent contaminer l'Homme (HCoV 229E et HCoV-NL63) ou certains animaux domestiques : gastroentérite transmissible du porc (TGEV), diarrhée épidémique porcine (PEDV), coronavirose respiratoire du porc (PRCV), entérite porcine à coronavirus (SeCoV), diarrhée aiguë porcine (SADS), entérite à coronavirus du chien (CCoV) ou pantropique (pCCo), coronavirose du chat (FCoV) présentant une forme entérique (FECV) et une forme de péritonite (FIPV). Les *Betacoronavirus* peuvent être responsables d'une zoonose [syndrome respiratoire aigu ou SRAS (Sars-CoV), syndrome respiratoire du Moyen-Orient ou MERS (Mers-CoV) et la COVID-19 (Sars-CoV2)] mais aussi de maladies respiratoires chez l'Homme (HCoV OC43 et HCoV-HKU1) ou d'une encéphalomyélite chez le porc (PHEV), de la coronavirose respiratoire du chien (CRCoV) ainsi que de la coronavirose bovine (BCoV). On y retrouve aussi de nombreux coronavirus de la chauve-souris dont le virus Bat-CoV RaTG13 proche du Sars-CoV2. Chez les volailles on connaît principalement trois virus classés dans les *Gammacoronavirus* et correspondant à la bronchite infectieuse aviaire (IBV), la coronavirose du dindon (TCoV) et à celle de la pintade (GfVoV), mais il faut remarquer la sensibilité des oiseaux au deltacoronavirus de la diarrhée porcine PDCoV HKU.

Gammacoronavirus sont rencontrés principalement chez les oiseaux. Enfin signalons les deltacoronavirus dont le virus PDCoV HKU de la diarrhée porcine pouvant aussi infecter expérimentalement les oiseaux.

Cette présentation sera limitée aux principales maladies affectant l'Homme et les animaux domestiques dont les animaux de compagnie (chiens et chats) et les animaux de production (porcs, bovins, volailles) sachant qu'il existe aussi une coronavirose à tropisme digestif chez le cheval décrite en 2000 [6].

Coronavirus des animaux de compagnie (chiens et des chats)

Coronaviroses du chien

Chez le chien on connaît trois coronaviroses majeures. En premier lieu, parmi les alphacoronavirus, le coronavirus responsable d'une entérite canine (*canine enteric coronavirus* ou CECoV) provoquant diarrhée et vomissements a été décrit en 1971 [7]. Ce virus aurait muté pour donner en 2005 un coronavirus pantropique (*Pantropic canine coronavirus* ou CCoV) pouvant provoquer des troubles sévères avec des vomissements, diarrhée parfois hémorragique et une leucopénie [8]. Le troisième coronavirus canin est un betacoronavirus présentant un tropisme respiratoire qui a été vraisemblablement recherché du fait de l'actualité lié à l'apparition du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS) [9]. Ce coronavirus canin respiratoire (*Canine respiratory virus* ou CRCoV) a été ainsi décrit en 2003 au Royaume - Uni [10]. La vaccination n'est pas recommandée contre ces coronaviroses canines, qu'il s'agisse des formes digestives et respiratoires qui sont modérées ou de la forme pantropique, plus grave où le vaccin n'est pas efficace.

Coronaviroses du chat

Chez le chat, on connaît deux alpha-coronavirus : le coronavirus entéritique félin ou *feline enteric peritonitis* (FECV) provoquant une diarrhée bénigne ou asymptomatique mais qui peut muter pour provoquer la péritonite infectieuse féline (PIF) ou *feline infectious peritonitis* (FIPV), plus grave. Les porteurs subcliniques de FECV jouent un rôle important dans l'excrétion et la transmission du virus à d'autres chats par la voie fécale-orale.

Dans la PIF, rencontrée surtout chez les sujets jeunes, très âgés ou immunodéprimés, on distingue deux formes cliniques, une forme humide et une forme sèche.

La forme humide est caractérisée par une ascite qui peut être très importante et visible cliniquement (distention abdominale), confirmée par une échographie.

La forme sèche est caractérisée par des lésions granulomateuses de localisation variée, touchant principalement le système nerveux central et l'œil mais aussi le foie et les reins. On peut noter une uvéite avec des dépôts kératiques au niveau de la cornée.

La PIF est léthale et il n'existe pas de traitement spécifique ni de vaccins commercialisés en France pour cette maladie.

On peut noter que les chats peuvent être infectés par d'autres coronavirus comme le SARS-CoV-2, la gastroentérite transmissible du porc, le coronavirus canin ou le coronavirus humain 229E [11].

La vaccination contre la PIF est difficile à mettre en place car seul un vaccin à virus vivant thermosensible inoculé par la voie intranasale a pu être recommandé dans certains pays. Cependant, pour être efficace il doit être administré précocement, avant toute infection virale, ce qui rend son utilisation très difficile et il est rarement recommandé [12].

Coronaviroses des animaux de production (bovins, porcs et volailles)

Chez les animaux de production on connaît surtout le coronavirus bovin, les coronavirus porcins et les coronavirus aviaires qui peuvent être des alpha, des bêta, des gamma et/ou des delta-coronavirus.

Coronavirus bovin

Le coronavirus bovin, classé dans les bêta-coronavirus, est impliqué dans trois entités cliniques : les entérites néonatales, l'entérite hémorragique hivernale ou « *winter dysentery* » de l'adulte et les affections respiratoires chez le jeune ou l'adulte.

Comme les rotavirus les coronavirus interviennent dans les entérites néonatales du veau nécessitant la mise en place d'une prophylaxie médicale, un vaccin étant injecté à la vache dans le but d'un transfert passif des anticorps au veau *via* le colostrum.

Dans le cas de la diarrhée hémorragique hivernale ou « *winter dysentery* » des jeunes adultes, on observe une infection intestinale contagieuse (chez les vaches à l'attache la maladie « suivait le rang »). Parfois l'hémorragie intestinale est sévère, provoquant la mort de l'animal.

Le coronavirus bovin présente aussi un tropisme respiratoire affectant les bovins à tous les âges.

Coronavirus porcins

Les coronavirus porcins sont rencontrés dans les trois genres : alpha-, bêta- et delta-coronavirus.

Parmi les alpha-coronavirus, on connaît depuis 1946 la gastroentérite transmissible (GET) (*Transmissible gastroenteritis virus* ou TGEV) responsable d'une entérite sévère souvent mortelle chez les porcelets. Les porcelets âgés de moins d'une semaine présentent des vomissements et une diarrhée profuse et le taux de mortalité est de 100 %.

Plus tard, en 1971, la diarrhée épidémique porcine ou DEP (*Porcine enteritis disease virus* ou PEDV) est décrite pour la première fois en Angleterre. Cette DEP est responsable d'une diarrhée aqueuse parfois accompagnée de vomissements. Depuis 2013 une épizootie sévère due à un nouveau variant de la DEP, plus pathogène, a affecté l'Amérique du Nord puis s'est répandue dans le monde entier, causant de graves pertes économiques. C'est pourquoi, en France, cette maladie a été ajoutée à la liste des dangers sanitaires de première catégorie pour les espèces animales faisant l'objet d'une émergence. Cette décision a pour

conséquence de rendre obligatoire la déclaration de tout cas de DEP apparaissant sur le sol français.

Plusieurs variants du virus de la GET sont à l'origine de plusieurs variants de coronavirus respiratoires porcins (*Porcine respiratory coronavirus* ou PRCV), responsables de troubles respiratoires généralement discrets. Parmi ces virus, l'un d'entre eux a réussi une émergence spectaculaire en 1984 en infectant la quasi-totalité du cheptel porcine européen.

Plus tardivement, en 2016, deux autres coronavirus, également à tropisme digestif, ont été identifiés [13]: le coronavirus de l'entérite porcine (*swine enteritis coronavirus* ou SeCoV), virus recombinant constitué d'un génome du TGEV dans lequel le gène S est remplacé par celui du PEDV, et le virus de la diarrhée aiguë porcine (*swine acute diarrhea syndrome* ou SADS). Ce virus de la diarrhée aiguë porcine est apparu dans la province chinoise de Guandong, proche de la région où les premiers cas de Sras ont été observés. Il provoque un syndrome similaire à la GET et à la DEP, avec un taux de mortalité proche de 90 % chez les porcelets âgés de moins de 5 jours [14]. Rapidement, les scientifiques chinois démontrent que le virus de la diarrhée aiguë porcine (SADS) est fortement apparenté génétiquement à des virus de chauve-souris de l'espèce *Rhinolophus* avec 96-98 % de similitude dans le génome [15]. Il s'agit vraisemblablement du premier exemple documenté de transmission à l'animal domestique d'une coronavirose sévère à partir de la chauve-souris, après le Sars en 2002 et le syndrome respiratoire du Moyen-Orient en 2012 provenant aussi des chauves-souris [16]. Enfin, la découverte récente que ce virus peut infecter des cellules humaines (poumon, foie, intestin) démontre le risque d'émergence d'un alpha-coronavirus provenant d'un animal domestique et pouvant présenter un réel risque pour la santé publique en sautant la barrière d'espèce avec l'Homme [17].

Le virus de la maladie du vomissement et du dépérissement ou encéphalomyélite à virus hémaglutinant (*Porcine Hemagglutinating Encephalomyelitis Virus* ou PHEV) est le seul virus porcine classé parmi les Bêta-coronavirus (βCoV). Les signes cliniques sont digestifs et nerveux et l'on peut observer de graves retards de croissance. Isolé en 1962 [18], le PHEV reste parmi les coronavirus porcins le moins étudié en raison de sa faible prévalence clinique signalée dans l'industrie porcine dans le monde.

On peut noter que les premiers essais de transmission expérimentale du Sars-CoV-2 indiquaient que les porcs n'étaient pas sensibles à ce bêta-coronavirus [19,20]. Ces résultats sont contredits par une récente publication utilisant de fortes doses de virus inoculés par la voie oro-nasale [21]. Cependant, sur 16 porcs inoculés, seul chez l'un d'entre eux le virus vivant a été mis en évidence dans la cavité nasale et seuls deux porcs ont développé des anticorps sériques.

Le rôle éventuel des animaux de production en tant que réservoirs de la COVID-19 est évoqué depuis la découverte d'une transmission de l'animal à l'Homme possible avec les élevages de visons [22].

Enfin, il faut remarquer que les deltacoronavirus ont été isolés plus récemment en Chine à partir d'espèces très diverses d'oiseaux ou de mammifères. Ce fut ainsi le cas chez le porc, notamment avec le virus d'une diarrhée porcine (*Porcine diarrhea coronavirus* ou PDCoV HKU15) Le



Figure 2 Bronchite infectieuse aviaire. Néphrite sévère avec une importante hypertrophie rénale et une lithiase urinaire (uretères blanchâtres). (Photo J Brugère-Picoux).

deltacoronavirus porcine (PDCoV) a été détecté initialement en 2009 dans des échantillons fécaux de porcs d'Asie, mais son rôle étiologique n'a été identifié qu'en 2014, lorsqu'il a provoqué une diarrhée chez les porcs, aux États-Unis [5,23]. L'origine du PDCoV est inconnue, mais en raison de la prévalence généralisée du DCoV dans les espèces d'oiseaux chanteurs et des similitudes génomiques, les chercheurs soupçonnent que le PDCoV peut avoir une origine aviaire [5]. Ce virus PDCoVHKU15 est proche d'autres coronavirus du moineau et de la caille et peut provoquer expérimentalement une diarrhée chez les dindonneaux et les poulets, suivi d'une transmission rapide à d'autres oiseaux sentinelles par contact [24]. Il s'agit du premier cas observé de la transmission d'une coronavirose d'un mammifère à une espèce aviaire.

Coronavirus aviaires

Enfin, parmi les coronavirus aviaires, classés dans les gamma et delta-coronavirus, nous avons vu que le premier coronavirus (*infectious bronchitis virus* ou virus IBV) décrit a été celui de la bronchite infectieuse aviaire, cause majeure de pertes économiques dans les élevages avicoles (ponte et chair) du fait d'une grande variabilité des lésions observées, notamment l'atteinte de l'appareil génital ; la maladie étant caractérisée par une chute du taux de ponte avec une malformation des œufs et une faible mortalité. D'autres appareils peuvent être affectés (tractus respiratoire, reins...) (Fig. 2).

D'autres gamma-gammacoronavirus ont été décrits chez le dindon et la pintade. L'entérite de la dinde est connue



Figure 3 Coronavirose du dindon. À l'examen histologique on observe une diminution de la longueur des villosités intestinales, une augmentation de la profondeur des cryptes et une diminution du diamètre intestinal. Comparer l'intestin normal (en bas) avec l'intestin affecté (en haut) (Photo HJ Barnes).

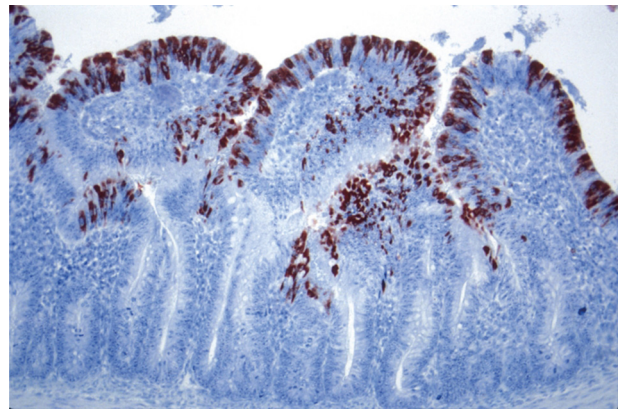


Figure 4 Coronavirose du dindon. Mise en évidence par immunohistochimie de l'antigène du TCoV dans le jéjunum d'un dindon infecté (Photo JS Guy).



Figure 5 Syndrome entéritique mortel du dindonneau (SEM). Dindons âgés de 4 semaines illustrant l'influence du SEM sur la croissance (dindon normal à gauche, dindon affecté par le SEM à droite) (Photo JS Guy).

depuis 1951 [25] et le rôle pathogène du coronavirus responsable (*Turkey coronavirus* ou TCoV) a été démontré en 1971 [26]. Ce virus aurait pour origine le virus de la bronchite infectieuse par recombinaison de la protéine S, résultant d'un changement d'espèce sensible (de la poule à la dinde) et à une modification du tropisme du virus de l'appareil respiratoire vers l'appareil digestif. C'est ainsi que l'on peut observer les lésions intestinales caractéristiques de l'entérite avec une diminution de la longueur des villosités intestinales et du diamètre de l'intestin (Fig. 3 et 4).

Plus tard, ce virus a été aussi incriminé à partir des années 90 dans l'étiologie plus complexe du syndrome entéritique mortel du dindonneau (SEM) caractérisé par d'importants retards de croissance comme on peut le remarquer chez les dindonneaux âgés de 4 semaines de la Fig. 5 [27].

Le coronavirus de la pintade (*Guinea fowl coronavirus* ou GfCoV) est de découverte plus récente. Il a été mis en évidence par nos confrères de l'école vétérinaire de Toulouse en 2014 dans une étude sur la maladie foudroyante de la pintade (encore dénommée maladie X) caractérisée par une forte mortalité, une entérite et une pancréatite [28]. Ce virus est proche de celui du coronavirus du dindon.

Enfin rappelons l'infection expérimentale de dindonneaux et de poulets par le delta-coronavirus PDCoV HKU de la diarrhée porcine à coronavirus.

Coronavirus zoonotiques

Trois betacoronavirus, responsables de zoonoses majeures ont émergé en moins de 20 ans dans le monde : le coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère ou SRAS (*Severe acute respiratory syndrome coronavirus* ou SARS-CoV), celui du syndrome respiratoire du Moyen-Orient (*Middle East respiratory syndrome-related coronavirus* ou MERS-CoV) et celui de la *coronavirus disease 19* ou COVID-19 (SARS-CoV-2).

Le SRAS fut responsable d'une épidémie sévère principalement de février à mai 2003. Très rapidement on sut qu'il s'agissait d'un coronavirus, le SARS-CoV et que l'origine en était une chauve-souris fer à cheval avec la possibilité d'un hôte intermédiaire, les civettes palmistes masquées (*Paguma larvata*) d'origine sauvage ou provenant de fermes d'élevage vendues vivantes sur les marchés. Le taux de mortalité était important, de l'ordre de 10 %, tuant 774 personnes sur 8096 malades surtout en Chine mais le Canada fut aussi très affecté (avec 43 décès sur

251 malades). Il a fallu mettre en place d'importantes mesures de biosécurité pour assister à la fin de l'épidémie. Quand le SRAS est arrivé à la mi-novembre 2002 dans la province du Guangdong, les cas n'ont pas été officiellement notifiés par crainte d'éventuelles retombées sociales ou économiques, permettant ainsi une large diffusion du virus. L'organisation mondiale de la santé (OMS) n'a été prévenue que le 11 février 2003.

Le Syndrome respiratoire du Moyen-Orient (MERS) est apparu plus tard, en septembre 2012, au Moyen-Orient, l'animal réservoir principal étant le dromadaire. La majorité des cas de MERS chez l'Homme est attribuable à une transmission interhumaine, cette contamination étant liée à un contact étroit sans mesure de biosécurité. Cette maladie a touché le Moyen-Orient (principalement l'Arabie Saoudite) mais aussi d'autres pays comme la Corée du Sud.

Au 19 février 2020, 2527 cas de MERS ont été confirmés dont 904 décès (soit un taux de mortalité de 35,77 %). L'Arabie Saoudite a été le pays le plus affecté avec 2102 cas dont 780 décès, soit un taux de mortalité de 37,1 %. Actuellement, le nombre de cas est en nette diminution du fait de l'application des mesures de biosécurité.

Enfin, notre mode de vie a changé depuis plusieurs mois après l'apparition en décembre 2019 d'une pneumonie d'origine inconnue dans la ville chinoise de Wuhan. Cette maladie émergente (rapidement dénommée *Coronavirus disease 2019* ou COVID-19) est devenue pandémique, véritable catastrophe sanitaire et économique pour de nombreux pays avec près de 63500 cas et 1500 000 décès dans le monde au premier décembre 2020. Si l'origine zoonotique est avérée avec l'homologie de 96,2 % existant entre le coronavirus RaTG13 présent chez la chauve-souris fer à cheval (*Rhinolophus affinis*) et le génome du SARS-CoV-2, il n'a pas été possible d'identifier un hôte intermédiaire pour ce SARS-CoV-2, l'hypothèse du Pangolin (*Manis pentadactyla* et *Manis javanica*) n'ayant pas été démontrée avec certitude. Pourtant de nombreux animaux se sont révélés sensibles au SARS-CoV-2 dans les conditions naturelles ou expérimentales mais seul le vison d'élevage a pu se révéler capable d'infecter l'Homme. La question d'un risque en santé publique lié à l'infection d'autres espèces animales reste posée [29]. C'est par exemple le cas du risque éventuel lié aux chiens viverrins (*Nyctereutes procyonoides*) [30], canidés élevés pour leur fourrure, notamment en Chine mais aussi présents à l'état sauvage dans de nombreux pays européens où ils sont classés en tant que nuisibles, en particulier sur le territoire français (Arrêté du 24 mars 2014).

Conclusion

Il y a 150 ans, Rudolf Virchow écrivait : « Pas une seule année ne se termine ... sans que nous puissions dire au monde : voici une nouvelle maladie ! ... entre la médecine vétérinaire et humaine, il n'y a pas, et il ne devrait pas y avoir de division. L'objet est différent, mais l'expérience obtenue constitue la base de toute médecine ».

Il n'existe qu'une seule santé entre la médecine humaine, la médecine vétérinaire et notre environnement.

Déclaration de liens d'intérêts

Les auteurs déclarent ne pas avoir de liens d'intérêts.

Références

- [1] Schalk AF, Hawn MC. An apparently new respiratory disease of baby chicks. *J Am Vet Med Assoc* 1931;78:413–23.
- [2] Beach JR, Schalm OW. A filterable virus, distinct from that of laryngotracheitis, the cause of a respiratory disease of chick. *Poultry Sci* 1936;15:199–206.
- [3] Beaudette FR, Hudson CB. Cultivation of the virus of infectious bronchitis. *J Am Vet Med Assoc* 1937;90:51–8.
- [4] Chan JF, Lau SK, To KK, Cheng VC, Woo PC, Yuen KY. Middle East respiratory syndrome coronavirus: another zoonotic beta-coronavirus causing SARS-like disease. *Clin Microbiol Rev* 2015;28:465–522, <http://dx.doi.org/10.1128/CMR.00102-14>.
- [5] 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, <http://dx.doi.org/10.1128/JVI.06540-11>.
- [6] Davis E, Rush BR, Cox J, DeBey B, Kapil S. Neonatal enterocolitis associated with coronavirus infection in a foal: a case report. *J Vet Diagn Invest* 2000;12:153–6.
- [7] Binn LN, Lazar EC, Keenan KP, Huxsoll DL, Marchwicki RH, Strano AJ. Recovery and characterization of a coronavirus from military dogs with diarrhea. *Proc Annu Meet US Anim Health Assoc* 1974;78:359–66.
- [8] Buonavoglia C, Decaro N, Martella V, Elia G, Campolo M, Desario C, Castagnaro M, Tempesta M. Canine coronavirus highly pathogenic for dogs. *Emerg Infect Dis* 2006;12:492–4, <http://dx.doi.org/10.3201/eid1203.050839>.
- [9] Guan Y, Zheng BJ, He YQ, Liu XL, Zhuang ZX, Cheung CL, et al. Isolation and characterization of viruses related to the SARS coronavirus from animals in southern China. *Science* 2003;302:276–8.
- [10] Erles K, Toomey C, Brooks HW, Brownlie J. Detection of a group 2 coronavirus in dogs with canine infectious respiratory disease. *Virology* 2003;310:216–23, [http://dx.doi.org/10.1016/s0042-6822\(03\)00160-0](http://dx.doi.org/10.1016/s0042-6822(03)00160-0).
- [11] Tizard IR. Vaccination against coronavirus in domestic animals. *Vaccine* 2020;38:5123–30.
- [12] Scherk MA, Ford RB, Gaskell RM, Hartmann K, Hurley KF, Lappin MR, et al. AAEP feline vaccination advisory panel report. *J Fel Med Surg* 2013;15:785–808.
- [13] Laude H. Deux coronavirus entéropathogènes nouvellement identifiés chez le porc sont apparentés à des virus de chauves-souris ou d'oiseaux. *Bull Acad Vet Fr* 2020, <http://dx.doi.org/10.4267/2042/70845>.
- [14] Pan Y, Tian X, Qin P, Wang B, Zhao P, Yang YL, et al. Discovery of a novel swine enteric alphacoronavirus (SeACoV) in southern China. *Vet Microbiol* 2017;211:15–21.
- [15] Zhou P, Fan H, Lan T, Yang XL, Shi WF, Zhang W, et al. Fatal swine acute diarrhoea syndrome caused by an HKU2-related coronavirus of bat origin. *Nature* 2018;556:255–8.
- [16] Han Y, Du J, Su H, Zhang J, Zhu G, Zhang S, et al. Identification of diverse bat alphacoronaviruses and betacoronaviruses in China provides new insights into the evolution and origin of coronavirus-related diseases. *Front Microbiol* 2019;10:1900, <http://dx.doi.org/10.3389/fmicb.2019.01900>.
- [17] Edwards CE, Yount BL, Graham RL, Leist SR, Hou YJ, Dinnon KH, et al. Swine acute diarrhoea syndrome coronavirus replication in primary human cells reveals potential susceptibility to

- infection. *Proc Nat Acad Sciences* 2020;117:26915–25, <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.2001046117> [<https://orcid.org/0000-0002-8323-7243>].
- [18] Greig AS, Mitchell D, Corner AH, Bannister GL, Meads EB, Julian RJ. A hemagglutinating virus producing encephalomyelitis in baby pigs. *Can J Comp Med Vet Sci* 1962;26:49–56.
- [19] Shi J, Wen Z, Zhong G, Yang H, Wang C, Huang B, et al. Susceptibility of ferrets, cats, dogs, and other domesticated animals to SARS-coronavirus 2. *Science* 2020;368:1016–20 [doi: 10.1126].
- [20] Schlottau K, Rissmann M, Graaf A, Schön J, Sehl J, Wylezich C, et al. SARS-CoV-2 in fruit bats, ferrets, pigs, and chickens: an experimental transmission study. *Lancet Microbe* 2020;1:e218–25.
- [21] Pickering BS, Smith G, Pinette MM, Embury-Hyatt C, Mof-fat E, et al. Marszal, susceptibility of domestic swine to experimental infection with severe acute respiratory syndrome Coronavirus 2. *Emerg Infect Dis* 2021;27:104–12, <http://dx.doi.org/10.3201/eid2701.203399>.
- [22] Oude Munnink BB, Sikkema RS, Nieuwenhuijse DF, Mole-naar RJ, Munger E, Molenkamp R, et al. Jumping back and forth: anthrozoönotic and zoonotic transmission of SARS-CoV-2 on mink farms. *bioRxiv preprint* 2020, <http://dx.doi.org/10.1101/2020.09.01.277152>.
- [23] Zhang J. Porcine deltacoronavirus: overview of infection dynamics, diagnostic methods, prevalence and genetic evolution. *Virus Res* 2016;226:71–84.
- [24] 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;26:255–65, <http://dx.doi.org/10.3201/eid2602.190346>.
- [25] Peterson EH, Hymas TA. Antibiotics in the treatment of unfamiliar turkey disease. *Poultry Sci* 1951;30:466–8.
- [26] Adams NR, Hofstad MS. Isolation of transmissible enteritis agent of turkeys in avian embryos. *Avian Dis* 1971;15:426–33.
- [27] Vaillancourt JP, Barnes J, Guy J, Carver D, Wages D, Brugère-Picoux J. Syndrome entérique mortel du dindonneau. *Bull Acad Vet Fr* 1997;70:243–50.
- [28] Liais E, Croville G, Mariette J, Delverdier M, Lucas MN, Klopp C, et al. Novel avian coronavirus and fulminating disease in guinea fowl, France. *Emerg Infect Dis* 2014;20:105–8, <http://dx.doi.org/10.3201/eid2001.130774> [PMID: 24377831].
- [29] Académie nationale de médecine, Académie vétérinaire de France. SARS-CoV-2 : sensibilité des espèces animales et risques en santé publique. Avis de l'Académie nationale de médecine et de l'Académie vétérinaire de France, 24 novembre 2020. *Bull Acad Natl Med* 2021;205:99–104.
- [30] Freuling CM, Breithaupt A, Müller T, Sehl J, Balkema-Buschmann A, Rissmann M, et al. Susceptibility of raccoon dogs for experimental SARS-CoV-2 infection. *Emerg Infect Dis* 2020;26:2982–5, <http://dx.doi.org/10.3201/eid2612.203733>.

J.-L. Angot^a

J. Brugère-Picoux^{b,*}

^a Académie vétérinaire de France, Conseil Général de l'alimentation de l'agriculture et des espaces ruraux (CGAER), 251, rue vaugirard, 75015 Paris, France

^b Académie nationale de médecine et Académie vétérinaire de France, 16, rue Bonaparte, 75006 Paris, France

* Auteur correspondant.

Adresses e-mail : jean-luc.angot@agriculture.gouv.fr (J.-L. Angot), jeanne.brugere@wanadoo.fr

(J. Brugère-Picoux)

Reçu le 7 janvier 2021

Accepté le 8 février 2021

Disponible sur Internet le 28 mai 2021