

Dans le cadre de l'action 2 - Veille sanitaire du Plan National d'Actions Chiroptères, la Fédération des Conservatoires d'espaces naturels et la plateforme CACCHI (Coordination et Animation de la Capture des CHIoptères) du Muséum National d'Histoire Naturelle vous convient à un webinaire sur l'état des connaissances et les implications pour la conservation des espèces.

Ce webinaire a pour ambition de faire le tour des recherches et programmes en cours sur la thématique chauves-souris et veille sanitaire, avec un focus sur les impacts avérés ou potentiels sur les populations de chauves-souris.

**INFOS
PRATIQUES****JEUDI 24
NOVEMBRE****14H
HEURE
DE PARIS****INSCRIPTION OBLIGATOIRE**<https://bit.ly/3CRZX1w>

Programme

14h00 Introduction

14h05 Présentations

Surveillance de la Mortalité Anormale des Chiroptères : bilan de 2014 à 2019 et actualités sanitaires

Anouk DECORS

Cheffe de projet surveillance événementielle

Direction de la Recherche et de l'Appui Scientifique (DRAS), Office Français de la Biodiversité (OFB) - Orléans, France

Pathogènes fongiques affectant de manière significative les populations de Chiroptères

Sébastien PUECHMAILLE

Maître de Conférences

Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier (ISEM), Université de Montpellier, CNRS, IRD - Montpellier, France

Membre junior de l'Institut Universitaire de France - Paris, France

Les champignons constituent un royaume remarquablement diversifié, avec environ 1,5 million d'espèces, et interagissent avec un large éventail d'autres organismes. Leur utilité de longue date pour toute vie sur terre a souvent été égalée par leur capacité à provoquer des maladies dévastatrices chez les humains, les animaux et les plantes. Si l'on considère le nombre d'espèces disparues en raison de maladies, les champignons représentent une plus grande menace pour la biodiversité végétale et animale que les virus ou les bactéries. En outre, les cas de maladies causées par des champignons deviennent la norme plutôt que l'exception et devraient se poursuivre avec le réchauffement climatique. La maladie la plus problématique en termes de conservation des Chiroptères est la maladie du nez blanc, causée par le champignon *Pseudogymnoascus* (*Geomyces*) *destructans*. Nous résumerons ici ce qui est connu de cette maladie, de son émergence et de

Programme (suite)

l'équilibre fragile chez les chauves-souris Européennes, ainsi que des risques potentiels pour l'avenir. Nous discuterons également de mesures proactives à mettre en place pour limiter la possibilité d'émergence de souches virulentes en Europe et pour suivre l'évolution de la maladie.

Ectoparasites et maladies vectorielles chez les Chiroptères

Philippe CHRISTE

Professeur

Département d'Ecologie et Evolution, Faculté de Biologie et Médecine, Université de Lausanne - Lausanne, Suisse

La vie en groupe entraîne des coûts en termes de prolifération et transmission parasitaire. Les colonies de chauves-souris sont fréquemment infectées par de nombreux ectoparasites qui peuvent se révéler être vecteurs de parasites sanguins ou porteurs de bactéries potentiellement pathogènes. Lors de ce webinaire, je présenterai les ectoparasites et parasites sanguins les plus communs sous nos latitudes et nous évaluerons leurs effets potentiels sur les individus infectés. Nous aborderons également le cas des punaises de lit et des punaises de chauves-souris et discuterons des possibilités de transmission entre Chiroptères et humain.

De la bio-info aux approches cellulaires : une méthodologie pour appréhender le dialogue moléculaire chauves-souris – virus

Stéphanie JACQUET

Chercheuse postdoctorante

Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive (LBBE), ENS de Lyon - Lyon, France

Avec plus de 1400 espèces distribuées sur tous les continents exceptés l'Antarctique, les chauves-souris ont été exposées à une grande diversité de pathogènes viraux durant les 60 millions d'années de leur évolution. Elles se sont notamment adaptées aux nombreux virus qu'elles hébergent via des changements génétiques et fonctionnels de leur immunité antivirale, ce qui leur permet de contrôler les infections virales. L'étude de l'évolution génétique et fonctionnelle des génomes des chauves-souris, à l'échelle des communautés d'espèces comme à celle des populations, permet (i) de décrypter l'impact d'anciens virus pathogènes sur les mécanismes de leur réponse immunitaire, (ii) de comprendre comment ces adaptations influencent la circulation des virus modernes, et (iii) de déterminer la pathogénicité des virus "modernes" au sein des populations de chauves-souris. Ici, nous illustrons la pertinence de cette approche pour répondre à des questions clés relatives à l'émergence de maladies virales et à la conservation des espèces de chiroptères.

15h25 Echanges

15h40 Pause

15h50 Reprises des présentations

Programme (suite)

Etat des lieux de la surveillance de la rage des chauves-souris en France métropolitaine

Evelyne PICARD-MEYER

Chargée de l'animation du réseau d'épidémiosurveillance de la rage des chauves-souris
Anses-SFEPM

Responsable des activités biologie moléculaire, Unité Lyssavirus
Laboratoire Rage et Faune Sauvage de Nancy, Anses - Malzéville, France

La surveillance de la rage des chauves-souris a été mise en place en France dès 1989 suite à la découverte du premier cas d'infection par le lyssavirus EBLV-1b chez une Sérotine commune dans le Grand Est de la France. Depuis 2000, la surveillance événementielle de la rage des chauves-souris a été renforcée à la demande de la DGAI, en consolidant le réseau local des services vétérinaires par la participation active du réseau chiroptères.

Un total de 122 chauves-souris autochtones (4 espèces différentes de chauves-souris) ont ainsi été diagnostiquées positives (1989-2021) pour la rage en France par les deux laboratoires de diagnostic, le CNR Rage de l'Institut Pasteur Paris et le LNR Rage de l'Anses LRFSN. Plus de 96% (n=86) des cas positifs sont associés à European bat 1 lyssavirus (EBLV-1) appartenant au phylogroupe 1 (nouvelle classification taxonomique : Lyssavirus hamburg), et communément signalé en Europe à la Sérotine commune. Trois cas associés à d'autres lyssavirus de chauve-souris, ont également été signalés sur le territoire : deux cas d'infection à Bokeloh bat lyssavirus (BBLV, phylogroupe 1) reportés chez des Murins de Natterer, et un cas d'infection à Lleida bat lyssavirus (LLEBV, phylogroupe 3) chez un Minioptère de Schreibers. En 2022, une Pipistrelle de Nathusius a été diagnostiquée positive pour un lyssavirus EBLV-1a très proche d'un cluster isolé en Europe du Nord (Allemagne, Danemark) avec 99.7 % de similarité nucléotidique.

Nous présenterons conjointement entre le LRFSN et le CNR rage le fonctionnement du réseau épidémiologique qui a été mis en place, les résultats de la surveillance issus des données des deux laboratoires de diagnostic ainsi qu'un bref rappel sur les recommandations/prophylaxie en cas d'exposition à un lyssavirus.

Développement d'outils de laboratoire pour l'étude des pathogènes de chauves-souris : exemple des lyssavirus

Laurent DACHEUX

Responsable adjoint du Centre National de Référence de la Rage, Unité Lyssavirus,
Épidémiologie et Neuropathologie
Institut Pasteur - Paris, France

Parmi les multiples particularités biologiques attribuées aux chauves-souris, l'une retenant beaucoup d'attention et d'intérêt scientifique (en particulier ces dernières années) est leur capacité à héberger de nombreux agents microbiologiques, et notamment des virus. D'une façon étonnante, ces animaux semblent en effet capables de tolérer différentes infections virales, ou de contrôler la présence de multiples virus dans leur organisme, sans pour autant souffrir de signes cliniques apparents. C'est notamment le cas pour les coronavirus ou les henipavirus (comme les virus Nipah ou Hendra). La situation est cependant parfois plus ambiguë avec d'autres virus, dont les lyssavirus. En effet, certains individus ou espèces de chauves-

Programme (suite)

souris pourraient survivre après avoir été exposés ou infectés par ces lyssavirus (habituellement mortels chez tous les autres mammifères). A l'inverse, il est aussi régulièrement observé des épisodes de mortalité chez d'autres individus, voire à l'échelle d'une colonie, comme cela a pu être démontré avec le lyssavirus European bat lyssavirus 1 (EBLV-1) et la Sérotine commune (*Eptesicus serotinus*). A ce jour, les mécanismes à l'origine de cette différence de comportement vis-à-vis de l'infection par les lyssavirus restent largement inconnus, notamment par manque de modèles et d'outils d'analyse adaptés.

Afin de comprendre ces mécanismes de tolérance ou, à l'inverse, de pathogénicité de ces lyssavirus chez la chauve-souris, nous développons différents outils de laboratoire permettant de couvrir à la fois l'étude de la circulation naturelle de ces lyssavirus au sein des colonies de chauves-souris (au travers d'outils moléculaires et sérologiques) comme les mécanismes moléculaires au cours de l'infection (au travers de modèles cellulaires et virologiques). A termes, ces outils pourront également être appliqués à l'étude d'autres virus de chauves-souris, tel les coronavirus ou le virus Lloviu récemment identifié chez le Minioptère de Schreibers (*Miniopterus schreibersii*), ou à l'exploration de nouveaux virus circulant chez ces animaux, et plus particulièrement dans le cas de phénomènes inhabituels de mortalité inexplicables.

La présentation de ces différents outils ainsi que des exemples de leurs applications seront l'objet de cette présentation.

Dynamique de transmission des coronavirus de chauves-souris sur l'île de La Réunion

Camille LEBARBENCHON

Maître de Conférences

UMR Processus Infectieux en Milieu Insulaire Tropical (PIMIT), Université de La Réunion, Inserm, CNRS, IRD - Saint-Denis de La Réunion, France

Les coronavirus sont communément détectés chez les chauves-souris, dans le monde entier. Bien que certains de ces virus représentent un enjeu sanitaire pour les animaux d'élevage et pour l'homme, les connaissances sur les facteurs écologiques impliqués dans l'épidémiologie et l'évolution moléculaire de ces virus restent relativement limitées. Nous nous sommes intéressés à la dynamique d'excrétion et à la diversité génétique d'un Alpha-coronavirus associé au Petit Molosse de La Réunion (*Mormopterus francoismoutoui*). Basé sur un suivi réalisé pendant cinq années consécutives dans une colonie de maternité, nous avons mesuré les variations de prévalence d'infection par ces virus et démontré des périodes de « vagues épidémiques » en lien avec le regroupement des juvéniles. Nous avons également mis en évidence des co-infections avec d'autres familles virales (Paramyxoviridae et Astroviridae). Enfin, le séquençage partiel du génome permet de suivre l'évolution moléculaire des virus au cours et entre saisons de reproduction. Ces résultats soulèvent de nombreuses questions sur les liens entre les chauves-souris et la population réunionnaise, notamment en terme de stratégie de conservation de cette espèce emblématique et d'évaluation du risque sanitaire.

Programme (suite)

Diversité et transmission des bactéries leptospires et paramyxovirus chez les chauves-souris

Muriel DIETRICH

Chercheure

IRD, UMR PIMIT - Saint-Denis de La Réunion, France

La transmission d'agents infectieux au sein des populations de chauves-souris est un phénomène très dynamique. Grâce à un échantillonnage réalisé à différentes échelles spatiales et temporelles, nous avons exploré la diversité génétique et les dynamiques d'infection de deux agents infectieux d'intérêt médical, qui sont excrétés dans l'urine des chauves-souris : les bactéries leptospires et les paramyxovirus. Dans les îles du sud-ouest de l'océan indien, ces bactéries et virus sont très diversifiés. Alors que les bactéries leptospires sont très spécifiques de leurs espèces hôtes, les paramyxovirus, eux, sont fréquemment transmis entre différentes espèces de chauves-souris, voire à d'autres animaux comme des rongeurs. Au sein des populations de chauves-souris, nous avons mis en évidence des vagues épidémiques récurrentes chaque année, avec des patrons quasi-identiques entre leptospires et paramyxovirus. L'excrétion semble être favorisée par la reproduction (gestation et accouplement) ainsi que la perte progressive de l'immunité maternelle chez les juvéniles. Des suivis individuels, réalisés grâce à la recapture d'individus marqués, suggère également une possible persistance de l'infection dans l'organisme des chauves-souris, et donc une réactivation de l'excrétion plutôt qu'une réinfection.

17h10 Echanges

17h30 Fin

**LIEN DE CONNEXION
ENVOYÉ APRÈS
INSCRIPTION :**

<https://bit.ly/3CRZX1w>



CONTACTS

Organisation :

Julie MARMET - MNHN PATRINAT
julie.marmet@mnhn.fr
06 49 14 63 11

Valérie WIOREK - FCEN
valerie.wiorek@reseau-cen.org
06 80 45 94 69

Pour toute assistance technique :

Naomi LE BOURSICOT - FCEN
pna-chiropteres@reseau-cen.org
06 26 61 15 78