

EXAMEN RAPIDE

Épidémiologie génomique et caractéristiques moléculaires du virus des Andes

Date de publication : 22 mai 2026

Principales constatations

- Une éclosion d’hantavirus touchant plusieurs pays et trouvant son origine à bord d’un paquebot de croisière, le *MV Hondius*, est en cours. Les Canadiennes et Canadiens qui se trouvaient à bord du navire ou qui ont été en contact avec des passagers symptomatiques lors de vols font actuellement l’objet d’une surveillance de la part des autorités locales de santé publique.
- Les analyses génomiques préliminaires donnent à penser que le virus des Andes (ANDV) est l’agent causal de l’éclosion actuelle.
- L’ANDV est endémique dans le sud de l’Amérique du Sud, où les rongeurs en constituent les principaux réservoirs.
- L’ANDV se distingue des hantavirus recensés au Canada, notamment le virus Sin Nombre dans l’Ouest canadien et le virus de New York détecté chez les souris sylvestres dans l’Est canadien.
 - Ni l’un ni l’autre de ces virus n’a été associé à une transmission interhumaine.
 - Aucun cas de syndrome pulmonaire à hantavirus (SPH) n’a été déclaré en Ontario entre 2015 et 2024.
- Bien que l’ANDV soit le seul hantavirus pour lequel une transmission interhumaine est attestée, aucune mutation isolée n’a été démontrée de façon concluante comme conférant à elle seule une transmissibilité interhumaine efficace.
- Les séquences génomiques provenant de cas de 2026 en Suisse, aux Pays-Bas, en Afrique du Sud et au Canada forment un groupe monophylétique, leurs segments présentant des séquences identiques ou quasi identiques.
- Les analyses génomiques des séquences de 2026 associées à l’éclosion du *MV Hondius* ont révélé l’absence des mutations Q40R et N47S dans la protéine non structurale (NSs) codée par le petit segment (S), ainsi que de la mutation T641I dans le précurseur de la glycoprotéine codé par le segment moyen (M), signalées lors d’éclosions antérieures d’infections par l’ANDV.

Portée

Santé publique Ontario fournit de l’information fondée sur des données probantes au sujet de l’ANDV afin de déterminer si des changements récents dans le génome viral pourraient modifier ou accroître sa capacité de transmission interhumaine.

Le présent rapport résume les connaissances actuelles sur l'épidémiologie génomique et les caractéristiques moléculaires de l'ANDV, une espèce de hantavirus mise en cause dans une éclosion internationale survenue à bord du paquebot de croisière *MV Hondius*. L'analyse décrite ici porte notamment sur un génome du virus des Andes récemment séquencé à partir du plasma d'une personne suisse symptomatique qui se trouvait à bord du *MV Hondius*.

L'information accessible au public (à jour au 17 mai 2026) indique que 11 personnes qui se trouvaient à bord du navire à divers moments depuis son départ d'Ushuaia, en Argentine, au début d'avril 2026, présentaient une infection par le virus des Andes confirmée ou présumée. Trois de ces personnes sont décédées.

Contexte

Les hantavirus (genre : *Orthohantavirus*) forment un groupe diversifié de virus transmis par les rongeurs et présentant une distribution quasi mondiale; ils comptent 37 espèces reconnues¹⁻⁴. Les infections humaines surviennent le plus souvent à la suite d'une exposition à des sécrétions ou à des excréments aérosolisés contenant des virions infectieux provenant de rongeurs réservoirs⁵⁻⁶. Seule l'infection par le virus des Andes (ANDV; *Orthohantavirus andesense*) est connue pour se transmettre de personne à personne. Des éclosions liées à une transmission interhumaine sont survenues en Argentine en 1996, puis de nouveau en 2018^{5, 7-8}. En avril et mai 2026, une éclosion d'ANDV en cours liée au paquebot de croisière *MV Hondius* comptait au moins six cas confirmés et deux cas présumés, dont trois décès, en date du 10 mai 2026⁹⁻¹¹.

Méthodologie

Nous avons passé en revue la littérature publiée et les prépublications afin de relever les mutations de l'ANDV potentiellement associées à la transmission interhumaine, à la dynamique des éclosions et à l'évolution virale. Les recherches dans PubMed ont été effectuées au moyen d'une combinaison des mots-clés de langue anglaise suivants : (« Hantavirus » OU « Andes virus » OU « Andes orthohantavirus » OU ANDV) ET (human OU rodent OU réservoir) ET (outbreak OU cluster OU « person-to-person transmission » OU superspreading) ET (mutation OU variant OU genomics OU phylogeny OU evolution). Les données de séquences provenant de l'éclosion de 2026 et des souches associées à des éclosions antérieures déjà signalées ont été extraites de Pathoplexus (SeqSet : https://doi.org/10.62599/PP_SS_1783.1) puis analysées pour en établir la parenté génomique.

Résultats

Caractéristiques des hantavirus

Les hantavirus sont des virus à ARN enveloppés, monocaténaux et à polarité négative, dotés d'un génome tripartite (taille totale du génome : ≈ 11 à 13 kb)¹² :

- Le petit segment (S, $\approx 1,8$ à $2,1$ kb) code une protéine de la nucléocapside (N) qui intervient dans la réplication et l'assemblage viraux.
- Chez certains hantavirus, dont l'ANDV, il code aussi une protéine non structurale (NSs) qui module les réponses immunitaires innées de l'hôte.
- Le segment moyen (M, $\approx 3,6$ à $3,8$ kb) code un précurseur de glycoprotéine (GPC), responsable de la fixation à la cellule hôte et de l'entrée du virus.
- Le grand segment (L, $\approx 6,5$ à $6,7$ kb) code l'ARN polymérase ARN-dépendante (RdRp) responsable de la réplication et de la transcription virales.

Les hantavirus présentent une diversité génomique importante au sein des populations de rongeurs réservoirs et des infections humaines associées, leur évolution virale étant influencée par l'écologie de l'hôte et la séparation géographique. De multiples lignées d'ANDV génétiquement distinctes ont été recensées tant chez les rongeurs que chez les humains, bien que les données disponibles donnent à penser que le génome demeure relativement stable au cours des chaînes de transmission et des éclosions de courte durée¹³⁻¹⁵. Les séquences génomiques provenant de la Suisse, des Pays-Bas, de l'Afrique du Sud et du Canada forment un groupe monophylétique, leurs segments présentant des séquences identiques ou quasi identiques.

Bien que l'ANDV soit le seul hantavirus pour lequel une transmission interhumaine est attestée, aucune mutation isolée n'a été démontrée de façon concluante comme conférant à elle seule une transmissibilité interhumaine efficace ([tableau 1](#)). Les données actuelles penchent plutôt vers l'existence de signatures génomiques associées à des éclosions antérieures liées à une transmission interhumaine, en particulier l'éclosion d'Epuyén survenue en Argentine en 2018-2019⁵. Des études de phylogénétique comparée et de génomique des éclosions ont permis de relever des mutations candidates récurrentes, surtout la mutation T641I du segment M et les substitutions Q40R et N47S de la protéine NSs, au sein d'une lignée monophylétique associée à la transmission interhumaine ([tableau 1](#))¹⁶⁻¹⁸. Ces mutations sont observées de façon répétée dans les éclosions argentines d'ANDV associées à la transmission interhumaine mais demeurent corrélationnelles et n'ont pas fait l'objet d'une validation fonctionnelle définitive¹⁶⁻¹⁸.

Les analyses génomiques des séquences de 2026 associées à l'éclosion du *MV Hondius* ont révélé l'absence des mutations signalées lors d'éclosions antérieures d'ANDV, notamment Q40R et N47S de la protéine NSs ainsi que T641I du segment M. Au contraire, les séquences de 2026 conservaient des mutations plus couramment observées dans les séquences de référence non associées à la transmission interhumaine. Les phylogénies des gènes M et S ont en outre montré que les séquences de l'éclosion de 2026 ne se regroupent pas au sein de la lignée associée à la transmission interhumaine déjà caractérisée pour l'éclosion d'Epuyén de 2018-2019, selon un rapport préliminaire et le Nextstrain de l'ANDV^{9, 19}.

Tableau 1 : Mutations de l'ANDV proposées comme étant associées à la transmission interhumaine et données expérimentales ou génomiques à l'appui

Aucune mutation n'a été démontrée de façon concluante comme conférant à elle seule une transmission interhumaine efficace de l'ANDV; la plupart des associations demeurent corrélationnelles et nécessitent une validation fonctionnelle.

Gène : mutation	Contexte	Type de données	Interprétation (référence)	Force des données probantes
M : P97S	Souches d'ANDV associées à des éclosions humaines et surveillance des réservoirs au Chili	<ul style="list-style-type: none"> • Séquençage du génome entier (SGE) • Analyse de sélection 	Effet possible sur l'interaction avec le récepteur ou la reconnaissance immunitaire (prépublication de 2025) ^{16, 17}	Spéculatif/non démontré
M : L247S	Éclosion d'Epuyén de 2018-2019, Argentine	Phylogénétique par SGE	Observée dans le réseau de l'éclosion, mais aucune donnée probante permettant de conclure à une transmission accrue ⁵	Observée seulement – non démontrée
M : V499L	Éclosion d'Epuyén de 2018-2019 et souches apparentées associées à la transmission interhumaine	Analyse comparative	Désignée comme une substitution liée à une éclosion à transmission interhumaine; rôle fonctionnel inconnu ^{16,18}	Association candidate
M : T641	Multiplés éclosions associées à la transmission interhumaine	<ul style="list-style-type: none"> • SGE • Phylogénétique • Études chez le hamster • Analyse de sélection 	<ul style="list-style-type: none"> • Mutation la plus souvent évoquée en lien avec la transmission interhumaine^{5, 16-18} • Commune à plusieurs souches d'ANDV associées à la transmission interhumaine. (prépublication de 2025)¹⁶ 	Mutation candidate associée à la transmission interhumaine

Gène : mutation	Contexte	Type de données	Interprétation (référence)	Force des données probantes
M : T938A	Grappes de transmission humaine en Argentine	SGE	<ul style="list-style-type: none"> À proximité d'une région associée à l'échappement aux anticorps; portée biologique incertaine (prépublication de 2025)^{5, 16-18} 	Mutation candidate – non démontrée
S-NS : Q40R	Clade d'ANDV associé à la transmission interhumaine	Phylogénétique comparée par SGE	Pourrait influencer sur la modulation de l'immunité innée ¹⁶	Mutation candidate associée à la transmission interhumaine
S-NS : N47S	Clade d'ANDV associé à la transmission interhumaine	Phylogénétique comparée par SGE	Mutation proposée comme associée à la transmission interhumaine ¹⁶	Mutation candidate associée à la transmission interhumaine
L : Q1965H	Clade du Chili et de l'Argentine associé à la transmission interhumaine	Phylogénétique par SGE	Substitution conservatrice dont l'effet fonctionnel est probablement limité (prépublication de 2025) ¹⁷	Association candidate faible
Codons M 265, 699, 721, 743, 994	Surveillance des réservoirs au Chili	Analyse de sélection	Signal de sélection positive dans les domaines Gn/Gc ciblés par les anticorps; pertinence antigénique possible (prépublication de 2025) ¹⁷	Signal évolutif seulement

Références

1. Laenen L, Vergote V, Calisher CH, Klempa B, Klingström J, Kuhn JH, Maes P. Hantaviridae: current classification and future perspectives. *Viruses*. 2019; 11(9):788. Disponible à : <https://doi.org/10.3390/v11090788>
2. Abudurexiti A, Adkins S, Alioto D, Alkhovsky SV, Avšič-Županc T, Ballinger MJ, et al. Taxonomy of the order Bunyavirales: update 2019. *Arch Virol*. Juill. 2019; 164(7):1949-65. Disponible à : <https://doi.org/10.1007/s00705-019-04253-6>
3. Whitmer SLM, Whitesell A, Mobley M, Talundzic E, Shedroff E, Cossaboom CM, et al. Human Orthohantavirus disease prevalence and genotype distribution in the U.S., 2008-2020: a retrospective observational study. *Lancet Reg Health Am*. 2024; 37:100836. Disponible à : <https://doi.org/10.1016/j.lana.2024.100836>
4. International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV). 2025 Release. Disponible à : <https://ictv.global/taxonomy>
5. Martínez VP, Di Paola N, Alonso DO, Pérez-Sautu U, Bellomo CM, Iglesias AA, et al. "Super-spreaders" and person-to-person transmission of Andes virus in Argentina. *N Engl J Med*. 2020; 383(23):2230-41. Disponible à : <https://doi.org/10.1056/NEJMoa2009040>
6. Vial PA, Ferrés M, Vial C, Klingström J, Ahlm C, López R, Le Corre N, Mertz GJ. Hantavirus in humans: a review of clinical aspects and management. *Lancet Infect Dis*. Sept. 2023; 23(9):e371-e382. Disponible à : [http://doi.org/10.1016/S1473-3099\(23\)00128-7](http://doi.org/10.1016/S1473-3099(23)00128-7)
7. Enría D, Padula P, Segura EL, Pini N, Edelstein A, Posse CR, Weissenbacher MC. Hantavirus pulmonary syndrome in Argentina. Possibility of person to person transmission. *Medicina (B Aires)*. 1996; 56(6):709-11. Disponible à : <https://www.medicinabuenosaires.com/PMID/9284576.pdf>
8. Alonso DO, Pérez-Sautu U, Bellomo CM, Prieto K, Iglesias A, Coelho R, et al. Person-to-person transmission of Andes virus in hantavirus pulmonary syndrome, Argentina, 2014. *Emerg Infect Dis*. 2020; 26(4):756-9. Disponible à : <https://doi.org/10.3201/eid2604.190799>
9. Palacios G. Preliminary analysis of *Orthohantavirus andesense* virus sequences from a cruise-ship related cluster, May 2026 [Internet]. Londres : ARTIC Network; [2026] [cité le 11 mai 2026]. Disponible à : <https://virological.org/t/preliminary-analysis-of-orthohantavirus-andesense-virus-sequences-from-a-cruise-ship-related-cluster-may-2026/1029>
10. Organisation mondiale de la Santé (WHO). Disease outbreak news: hantavirus cluster linked to cruise ship travel, multi-country [Internet]. Genève : OMS; 2026 [cité le 11 mai 2026]. Disponible à : <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2026-DON600>
11. Agence de la santé publique du Canada (ASPC). Évaluation rapide du risque : Écllosion d'hantavirus (virus des Andes) à bord d'un paquebot de croisière international [Internet]. Ottawa (ON) : gouvernement du Canada; 2026 [cité le 12 mai 2026]. Disponible à : <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/mesures-interventions-urgence/evaluations-rapides-risques-professionnels-sante-publique/eclosion-hantavirus-virus-andes-bord-paquebot-croisiere-international.html>
12. Hepojoki J, Strandin T, Lankinen H, Vaheri A. Hantavirus structure--molecular interactions behind the scene. *J Gen Virol*. 2012; 93(Pt 8):1631-44. Disponible à : <https://doi.org/10.1099/vir.0.042218-0>

13. Centre de collaboration nationale des maladies infectieuses (CCNMI). Hantavirus [Internet]. Winnipeg (MB) : CCNMI; [2026] [cité le 11 mai 2026]. Disponible à : <https://ccnmi.ca/debrief/hantavirus/>
14. Drebot MA, Gavrilovskaya I, Mackow ER, Chen Z, Lindsay R, Sanchez AJ, et al. Genetic and serotypic characterization of Sin Nombre-like viruses in Canadian *Peromyscus maniculatus* mice. *Virus Res.* 2001; 75(1):75-86. Disponible à : [https://doi.org/10.1016/s0168-1702\(01\)00227-1](https://doi.org/10.1016/s0168-1702(01)00227-1)
15. Prévost J, Tailor N, Leung A, Warner B, Safronetz D. Sin Nombre virus as unlikely reverse zoonotic threat. *Emerg Infect Dis.* 2025; 31(2):385-8. Disponible à : <https://doi.org/10.3201/eid3102.241532>
16. Bellomo CM, Alonso DO, Pérez-Sautu U, Prieto K, Kehl S, Coelho RM, et al. Andes virus genome mutations that are likely associated with animal model attenuation and human person-to-person transmission. *mSphere.* 2023; 8(3):e0001823. Disponible à : <https://doi.org/10.1128/msphere.00018-23>
17. Ulloa-Zepeda L, Parker E, Pavez C, Andersen KG, Ugalde J, Alegría D, et al; Hantavirus Study Group. Genomic surveillance of Andes virus uncovers hidden diversity in Chile. SSRN [prépublication]. 21 avril 2026 [cité le 15 mai 2026]. Disponible à : <http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.6620250>
18. Coelho R, Kehl S, Periolo N, Biondo E, Alonso D, Perez C, et al. Virological characterization of a new isolated strain of Andes virus involved in the recent person-to-person transmission outbreak reported in Argentina. *PLoS Negl Trop Dis.* 2025; 19(6):e0013205. Disponible à : <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0013205>
19. Hodcroft E (Université de Bâle). Andes hantavirus, M segment [Internet]. Bâle (Suisse) : Nextstrain; vers 2026 [mis à jour le 21 mai 2026; cité le 22 mai 2026]. Disponible à : <https://nextstrain.org/groups/hodcroftlab/andv/M>

Modèle proposé pour citer le document

Agence ontarienne de protection et de promotion de la santé (Santé publique Ontario). Épidémiologie génomique et caractéristiques moléculaires du virus des Andes. Toronto (ON) : Imprimeur du Roi pour l'Ontario; 2026.

Avis de non-responsabilité

Santé publique Ontario (SPO) a élaboré le présent document. SPO fournit des conseils scientifiques et techniques au gouvernement de l'Ontario, aux organisations de santé publique et aux fournisseurs de soins de santé. Son travail est fondé sur les données probantes disponibles au moment de la préparation du présent document. La responsabilité de l'application et de l'utilisation du présent document incombe aux utilisateurs. SPO n'assume aucune responsabilité à l'égard d'une telle application ou utilisation. Le présent document peut être utilisé librement sans autorisation à des fins non commerciales, mais seulement si SPO est mentionnée de façon appropriée. Aucune modification ne peut être apportée au contenu sans l'autorisation explicite écrite de SPO.

Santé publique Ontario

Santé publique Ontario est un organisme du gouvernement de l'Ontario voué à la protection et à la promotion de la santé de l'ensemble de la population ontarienne, ainsi qu'à la réduction des iniquités en matière de santé. Santé publique Ontario met les connaissances et les renseignements scientifiques les plus pointus du monde entier à la portée des professionnels de la santé publique, des travailleurs de la santé de première ligne et des chercheurs.

Pour obtenir plus de renseignements au sujet de SPO, veuillez consulter santepubliqueontario.ca.