

Les infections à coronavirus humains

Nathalie Kin^{a,*}, Astrid Vabret^b

RÉSUMÉ

Les coronavirus humains (HCoV) sont des virus à ARN simple brin. Il existe actuellement quatre coronavirus dits « classiques » ou « nouveaux », dont la circulation est hivernale. Ils sont à l'origine d'infections respiratoires modérées dans la population générale. Cependant, les infections peuvent être plus sévères dans les populations susceptibles. Notamment, les HCoV sont impliqués dans 2 à 7 % des hospitalisations consécutives à une infection respiratoire, en particulier chez les enfants et les personnes âgées ou immunodéprimées. De ce fait, ils appartiennent au panel de virus respiratoires recherchés lors des diagnostics de routine des infections respiratoires par des outils de biologie moléculaire. Ces coronavirus dits circulants sont à distinguer des deux coronavirus émergents, le SARS-CoV et le MERS-CoV qui sont associés à des pathologies respiratoires plus sévères. Ils se distinguent des autres HCoV par leur potentiel épidémique plus élevé, leur impact sanitaire plus important et leur mode de circulation atypique. À l'instar des paramyxovirus et des virus *Influenza*, les coronavirus doivent être surveillés pour leur risque d'émergence dans la population humaine à partir d'un réservoir animal.

Coronavirus humain - diagnostic - infection respiratoire.

1. Introduction

Les coronavirus humains (HCoV) sont à l'origine d'infections respiratoires plus ou moins sévères selon la population étudiée. À ce jour, six coronavirus humains sont décrits. Parmi eux, deux coronavirus dits « classiques », les HCoV-OC43 et -229E ont été identifiés dans les années 1960 [1,2]. Les deux HCoV-NL63 et -HKU1, sont dits « nouveaux » car ils ont été identifiés plus récemment, au début des années 2000 [3–5]. Ces HCoV sont généralement associés à des infections respiratoires peu sévères. Ils sont à distinguer des deux HCoV émergents, le SARS-CoV (*Severe acute respiratory syndrome associated coronavirus*) et le MERS-CoV (*Middle-East respiratory syndrome coronavirus*), qui sont les seuls à être associés à un syndrome de détresse respiratoire aigu ou SDRA [6,7].

^a Unité de Recherche Risques Microbiens (EA4655)

Université de Caen Normandie,
Esplanade de la Paix,
F-14000 Caen

^b Laboratoire de virologie

CHU Caen,
Avenue Georges Clemenceau,
F-14000 Caen

* correspondance

nathalie.kin01@gmail.com

article reçu le 30 août 2016, accepté le 30 septembre 2016.

© 2016 – Elsevier Masson SAS – Tous droits réservés.

SUMMARY

New therapies against HCV

Human coronaviruses (HCoV) are single strand RNA viruses. To date, there are four so-called « classical » or « novel » HCoVs, characterized by a winter circulation. These coronaviruses are responsible for mild respiratory infection in general population. However, HCoVs are associated to more severe respiratory tract infection among susceptible population. Indeed, HCoVs account for 2 to 7 % of hospitalizations due to a respiratory infection, particularly among children, immunocompromised or elderly people. Thereby, HCoVs are included in the panel of respiratory viruses detected in routine using molecular biology tools. These four circulating HCoVs have to be distinguished from the two emerging HCoVs: SARS-CoV and MERS-CoV. These later are associated to a more severe respiratory infection and differ from other HCoVs by their increased epidemic potential, their more important health impact, and their atypical circulation. Such as paramyxoviruses and Influenza viruses, coronaviruses have to be monitored due to their associated risk of emergence in human population from animal reservoirs.

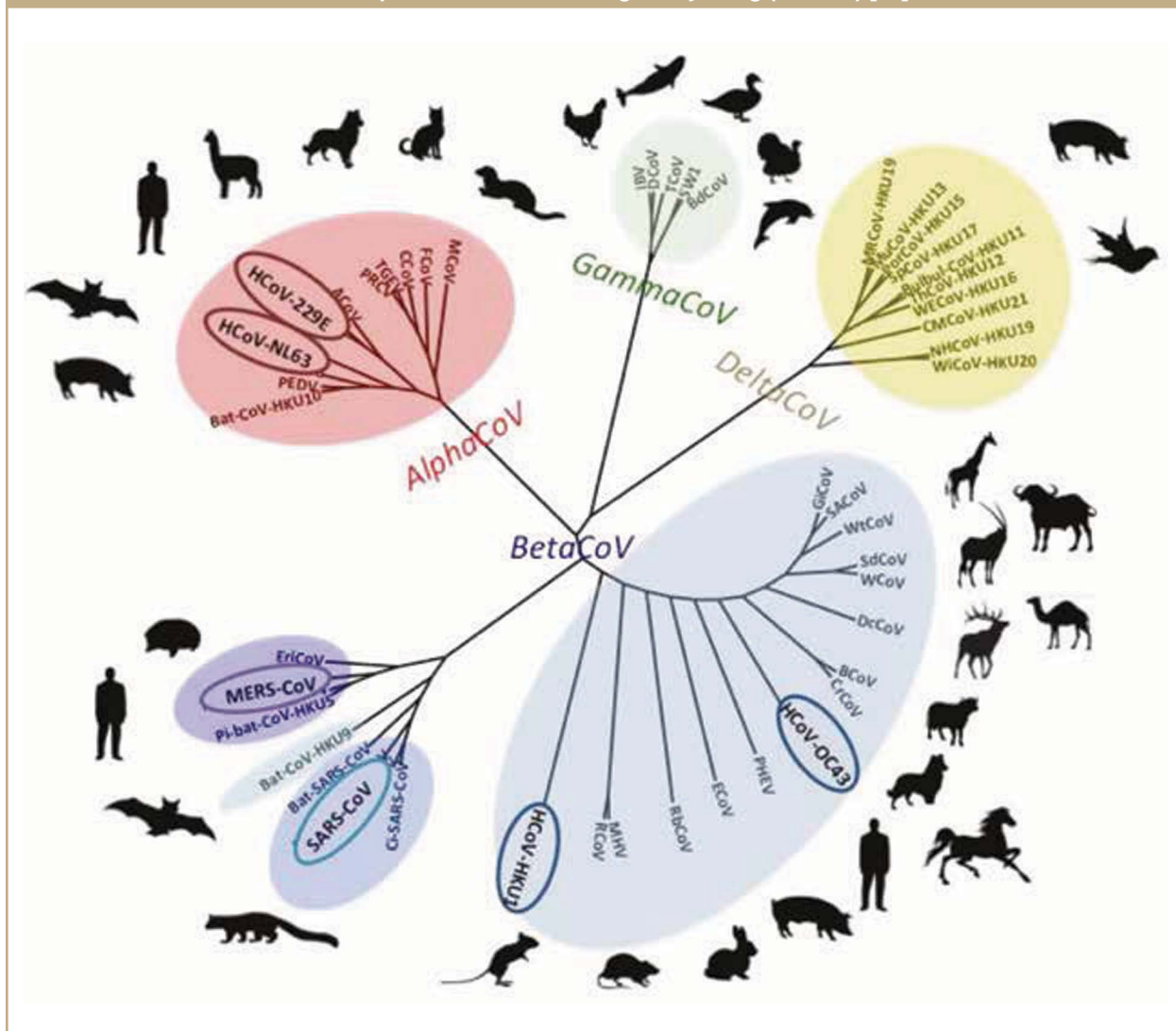
Human coronavirus - diagnosis - respiratory infection.

2. Taxonomie et historique des coronavirus

Le terme coronavirus fait référence à la sous-famille des *Coronavirinae*, appartenant à la famille des *Coronaviridae*, elle-même faisant partie de l'ordre des *Nidovirales*. Les coronavirus infectent de nombreuses espèces mammifères et aviaires. Selon la taxonomie actuelle, les *Coronavirinae* sont subdivisés en quatre genres nommés *Alpha-*, *Beta-*, *Gamma-* et *Deltacoronavirus*. Les HCoV-229E et -NL63 appartiennent au genre *Alphacoronavirus*. Les quatre autres coronavirus humains appartiennent au genre *Betacoronavirus* qui est lui-même subdivisé en quatre clades nommés A, B, C et D [8]. Les HCoV-HKU1 et -OC43 sont inclus dans le clade A, le SARS-CoV et le MERS-CoV appartiennent aux clades B et C respectivement (*figure 1*).

Les coronavirus sont connus dans la communauté vétérinaire depuis la fin des années 1930. Lors de l'identification des premiers coronavirus humains HCoV-OC43 et -229E dans les années 1960, une vingtaine de coronavirus infectant des espèces animales aviaires (poulet) et mammifères (chien, chat, porc, bovin, etc.) étaient déjà décrits [2]. Lors de l'identification de ces premiers HCoV, les pathologies respiratoires associées étaient considérées comme trop

Figure 1 – Arbre phylogénétique des *Coronavirinae* incluant 51 génomes complets, construit par la méthode du Neighbor-joining (MEGA6) [14].



Les figures animales représentent le spectre d'hôte. La sous-famille des Coronavirinae est divisée en quatre genres nommés Alpha-, Beta-, Gamma- et Deltacoronavirus. Les Alphacoronavirus (AlphaCoV) incluent le MCoV (HM245926), le FCoV (GQ152141), le CCoV (JN85008), le TGEV (DQ811785), le PRCoV (DQ811787), le ACoV (JQ410000), les HCoV-229E et NL63 (JX503060, JX542971), les Bat-CoV-HKU2, -HKU8 et -HKU10 (NC_009988, NC_010438 et NC_018871) et le PEDV (NC003436). Les Betacoronavirus (BetaCoV) incluent le GiCoV (EF424623), le SAcCoV (EF424621), le WtDCoV (FJ425187), le SdCoV (FJ425190), le WCoV (FJ425186), le DcCoV (Rf006251), le BCoV (NC_003045), le CrCoV (NC808640), les HCoV-HKU1 et -OC43 (NC_006577 et AY585228), le PHEV (NC_007732), le ECoV (AB671298), le RbCoV (NC_017083), le MHV (AF029248), le RCoV (JF792617), SARS-Ci-CoV (AY572034), le SARS-CoV (JX163928), le Bat-SARSCoV (DQ071615), le Bat-SARS-like-CoV (KC881006), le Bat-CoV-HKU9 (JN857318), le Ty-Bat-CoV-HKU4 (NC_009019), le Pi-bat-CoV-HKU5 (NC_009020), le MERS-CoV (NC_019843) et le EriCoV (NC_022643). Les Gammacoronavirus (GammaCoV) incluent le Duck-CoV (JF705860), l'IBV (NC_001451) et le TCoV (NC_010800), le SW1 (NC_010646) et de BdCoV (KF793826). Les Deltacoronavirus (DeltaCoV) incluent le NH-CoV-HKU19 (NC_016994), le WiCoV-HKU20 (NC_016995), le ThCoV-HKU12 (NC_011549), le CMCoV-HKU21 (NC_016996), bulbil-CoV-HKU11 (FJ367619), le WECov-HKU16 (NC_016991), le MuCoV-HKU13 (NC_011550), le MRCoV-HKU19 (NC_016993), le PorCoV-HKU15 (NC_016990) et le SpCoV (NC_016992).

modérées pour susciter un intérêt marqué dans la communauté médicale. En 2003, l'identification d'un coronavirus comme étant l'agent étiologique du Syndrome Respiratoire Aigu Sévère (SRAS), circulant de manière pandémique depuis novembre 2002, a généré un intérêt nouveau pour ce groupe viral jusqu'alors peu étudié en médecine humaine [9]. Depuis l'identification du SARS-CoV, de nombreux coronavirus ont été décrits, dont deux infectant l'Homme, les HCoV-NL63 et -HKU1 en 2004 [3–5]. Enfin, en 2012, un nouveau coronavirus humain, le MERS-CoV a émergé au Moyen-Orient. Il est à l'origine d'une pathologie similaire au SRAS [7].

3. Caractéristiques générales des coronavirus

Les coronavirus sont des virus enveloppés pléomorphes dont la taille varie de 80 à 200 nanomètres (nm). L'observation en microscopie électronique permet de distinguer des projections d'environ 20 nm à la surface du virion. Ces projections sont constituées par la protéine de surface S ou *Spike*. Celle-ci est ancrée dans la membrane virale et confère au coronavirus son aspect de couronne. C'est cet aspect particulier qui est à l'origine du nom de ce virus,

Download English Version:

<https://daneshyari.com/en/article/7645802>

Download Persian Version:

<https://daneshyari.com/article/7645802>

[Daneshyari.com](https://daneshyari.com)