



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.

## Épidémiologie et impact clinique des nouveaux virus respiratoires

M.-E. Hamelin\*, G. Boivin

**L**es infections aiguës des voies respiratoires sont la cause majeure de morbidité et de mortalité à travers le monde. Une variété de virus, telle que les virus *influenza*, le virus respiratoire syncytial humain (VRS), les virus *para influenza*, les adénovirus, les rhinovirus et les coronavirus ont été associés à divers symptômes cliniques allant du simple rhume à des complications beaucoup plus sévères, comme la pneumonie. À l'aide des nouvelles techniques de biologie moléculaire, de nouveaux virus respiratoires ont été découverts au cours des dernières années. Parmi ceux-ci, on retrouve entre autre 3 coronavirus (SRAS, NL63 et HKU1) et un paramyxovirus (métapneumovirus humain).

Depuis 1960, les infections causées par les coronavirus connus consistaient principalement en des infections au niveau des voies respiratoires supérieures et n'étaient pas associées à des complications sévères, telles que la pneumonie. Cependant, la découverte du SARS coronavirus en 2003 a démontré que cette famille de virus pouvait être responsable d'épidémies graves et engendrer un haut taux de mortalité suite à l'infection [1]. L'épidémie de SRAS a touché 29 pays à travers le monde où plus de 8 000 cas dont 800 décès ont été rapportés. L'origine du SRAS coronavirus proviendrait peut-être de la civette ou de la chauve-souris, car le virus se retrouve chez ces animaux. Toutefois, lorsque les génomes sont comparés, on observe une délétion génétique importante démontrant une modification du génome nécessaire à l'adaptation du virus chez un hôte différent. Depuis l'épidémie mondiale de 2003, aucun autre cas de SRAS n'a été rapporté.

Suite à la découverte du SRAS, le coronavirus NL63 fût décrit pour la première fois en 2004 par un groupe néerlandais [2]. Celui-ci a été initialement rapporté chez un jeune enfant de 7 mois présentant une bronchiolite et une conjonctivite. L'incidence du NL63 à travers le monde est d'environ 2-8 % et il possède une distribution principalement hivernale.

\* Centre Hospitalier Universitaire de Québec, Université Laval, Québec, Canada

**Correspondance :**  
marie-eve.hamelin@crchul.ulaval.ca

Les infections associées à ce virus sont généralement des infections des voies respiratoires supérieures autant chez l'adulte que chez l'enfant, mais des bronchiolites et des pneumonies peuvent parfois aussi être retrouvées.

Finalement, c'est en 2005 que le dernier des coronavirus a été identifié [3]. Le HKU1 a été rapporté pour la première fois à Hong Kong chez une personne âgée de 71 ans atteinte de pneumonie. Ce virus est associé à des pneumonies plutôt qu'à des infections des voies respiratoires supérieures et son incidence est moins importante que le NL63 (environ 2-4 % des cas d'infection). Sa distribution est autant hivernale que printanière et il s'agit d'un virus qui est difficile à faire croître en culture cellulaire, les effets cytopathiques sont non-apparents.

Dans la famille des paramyxovirus, le métapneumovirus humain (hMPV) est le dernier à avoir été identifié. Suite à son premier rapport en 2001 [4], ce pathogène viral a été rapporté comme étant une cause importante d'infections aiguës des voies respiratoires, telles que des bronchiolites et des bronchites ainsi que des pneumonies chez les jeunes enfants, les personnes âgées et les individus immunosupprimés. Le hMPV est considéré comme l'un des pathogènes respiratoires majeurs chez le jeune enfant, après le VRS. Ce virus est aussi associé à 5 à 10 % des cas d'hospitalisations pour des infections aiguës des voies respiratoires pour ce même groupe d'âge.

Lorsqu'un nouveau pathogène important est découvert, il est nécessaire de développer des modèles animaux afin de caractériser la pathogénèse associée à l'infection et de valider différentes modalités thérapeutiques. En ce sens, la souris Balb/c a été décrite comme étant un bon modèle pour le hMPV [5]. Ce dernier a d'ailleurs permis de décrire que cette infection est associée à une forte réplication virale et à une importante inflammation pulmonaire associée à une obstruction des voies respiratoires. Il a aussi été démontré que ce virus peut persister pendant plusieurs semaines au niveau pulmonaire et favoriser le développement d'hyperactivité bronchique à long terme.

En conclusion, malgré le fait que plusieurs nouveaux virus respiratoires aient été découverts dans les dernières années, on ne retrouve encore aucun agent microbien dans 12-39 % des études portant sur l'étiologie des infections des voies respiratoires inférieures. Cela laisse donc place à la découverte de nouveaux agents microbiens, et pour se faire, de nouvelles méthodes d'analyses moléculaire à grande échelle, telles que la réaction PCR aléatoire ou consensus, le séquençage à grande échelle des outils bioinformatiques devraient faciliter le processus de découverte.

## Références

- 1 Lee N, Hui D, Wu A, Chan P, Cameron P, Joynt GM, Ahuja A, Yung MY, Leung CB, To KF, Lui SF, Szeto CC, Chung S, Sung JJ : A major outbreak of severe acute respiratory syndrome in Hong Kong. *N Engl J Med* 2003 ; 348 : 1986-94
- 2 van der Hoek L, Pyrc K, Jebbink MF, Vermeulen-Oost W, Berkhout RJM, Wolthers KC, Wertheim-van Dillen PME, Kaandorp J, Spaargaren J, Berkhout B : Identification of a new human coronavirus. *Nat Med* 2004 ; 10 : 368-73
- 3 Woo PCY, Lau SKP, Chu CM, Chan KH, Tsoi HW, Huang Y, Wong BHL, S. Poon RWS, Cai JJ, Luk WK, Poon LLM, Wong SSY, Guan Y, Peiris JSM, Yuen KY : Characterization and complete genome sequence of a novel coronavirus, coronavirus HKU1, from patients with pneumonia. *J Virol* 2005 ; 79 : 884-95
- 4 van den Hoogen BG, de Jong JC, Groen J, Kuiken T, de Groot R, Fouchier RAM, Osterhaus A : A newly discovered human pneumovirus isolated from young children with respiratory tract disease. *Nat Med* 2001 ; 7 : 719-24
- 5 Hamelin ME, Prince GA, Gomez AM, Kinkead R, Boivin G : Human metapneumovirus infection induces long-term pulmonary inflammation associated with airway obstruction and hyperresponsiveness in mice. *J Infect Dis* 2006 ; 193 : 1634-42