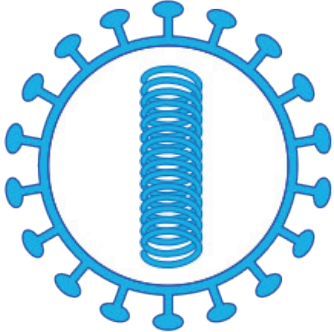


Astrid Vabret - Meriadeg Ar Gouilh

Coronavirus humains (HCoV)

Ordre : <i>Nidovirales</i>	
Famille : <i>Coronaviridae</i>	
Sous-famille : <i>Coronavirinae</i>	
Genres : <ul style="list-style-type: none"> • <i>Alphacoronavirus</i> : HCoV-229E et HCoV-NL63 • <i>Betacoronavirus</i> : <ul style="list-style-type: none"> Clade A : HCoV-OC43 et HCoV-HKU1 Clade B : SARS-CoV Clade C : MERS-CoV 	
Génome : ARN monocaténaire linéaire de polarité positive ; 27 à 32 kb	Taille : 80 à 200 nm

1 - Historique

Les coronavirus (CoV) infectent l'humain et de nombreuses espèces animales (mammifères et oiseaux). Les 1^{ers} CoV ont été décrits chez les animaux et n'ont d'abord pas reçu l'appellation « coronavirus », apparue plus tardivement dans le 1^{er} rapport de l'ICTV en 1971 : description de CoV chez le poulet en 1937 (anciennement IBV, infectious bronchitis virus, maintenant appelé *avian coronavirus*), le porc en 1946 (anciennement TGEV, transmissible gastro-enteritis virus, maintenant appelé *alphacoronavirus 1*), et la souris en 1949 (anciennement MHV, murine hepatitis virus, maintenant appelé *murine coronavirus*).

Chez l'humain, les 1^{ers} CoV ont été isolés en culture cellulaire dans les années 1960, à partir de sécrétions respiratoires d'individus présentant une infection respiratoire aiguë. Parmi les 1^{ers} isolats de coronavirus humains (HCoV), les souches 229E, B814, OC43, OC48, 692, seuls 2 d'entre eux (appartenant aux espèces *Human coronavirus 229E* et *Human coronavirus OC43*), isolés en 1965, ont été adaptés à des cultures cellulaires adhérentes et ont constitué, pendant plus de 40 ans, les 2 seules souches prototypes des

HCoV. De 1967 à 2004, les HCoV ont été négligés en médecine humaine et n'étaient pas recherchés dans les laboratoires de diagnostic virologique. Les 1^{ers} connaissances sur la biologie de ces virus ont été acquises à partir de l'étude des CoV animaux IBV, TGEV et MHV.

L'identification en mars 2003 du coronavirus associé au syndrome respiratoire aigu sévère (*severe acute respiratory syndrome-related coronavirus*, SARS-CoV) comme agent responsable chez l'humain de la 1^{re} pandémie infectieuse du XXI^e siècle a suscité d'abord une grande surprise, puis un important regain d'intérêt pour ces virus. L'identification des HCoV-NL63 et HCoV-HKU1, respectivement aux Pays-Bas en 2004 (NL pour *Netherlands*) et à Hong Kong en 2005 (HKU pour *Hong Kong university*), a montré qu'ils étaient ubiquitaires et cocirculaient avec les HCoV-229E et HCoV-OC43. Enfin, l'émergence du coronavirus associé au syndrome respiratoire du Moyen-Orient (*Middle-East respiratory syndrome-related coronavirus*, MERS-CoV) en Arabie Saoudite en 2012, responsable d'un syndrome respiratoire sévère, confirme encore le haut potentiel d'émergence de ces virus. Ce dernier, après avoir reçu plusieurs dénominations, a été appelé MERS-CoV car il ne circule quasi exclusivement que dans la péninsule arabique.