

Du H5N1 au SARS-CoV-2 : quelles avancées pour les futures pandémies ?

Sylvie van der Werf, Unité de Génétique Moléculaire des virus à ARN, UMR 3569 CNRS, Université Paris Cité, Institut Pasteur, Paris

Sylvie van der Werf est Professeur à l'Université Paris Cité et à l'Institut Pasteur où elle dirige l'Unité de Génétique Moléculaire des Virus à ARN, le Centre coordonnateur du Centre National de Référence des virus des infections respiratoires ainsi que le Centre de Référence de l'OMS pour les virus influenza H5 et pour le SARS-CoV-2. Elle sert régulièrement comme experte dans des comités d'institutions de Santé Publique nationales ou internationales. Ses travaux de recherche sur les virus de la grippe et d'autres virus respiratoires ont été ponctués par différentes émergences virales (SRAS, grippe aviaire H5N1, grippe H1N1 2009, MERS-CoV, SARS-CoV-2). Ils ont pour objectif de mieux comprendre les déterminants moléculaires de l'évolution virale, du franchissement de la barrière d'espèces et de l'adaptation à l'homme, et les interactions moléculaires entre les virus et leur hôte. Depuis le début de la pandémie COVID-19, son équipe a permis la détection des premiers cas en France avec le développement d'un test de diagnostic de référence, le suivi de l'évolution génétique et des caractéristiques virologiques du SARS-CoV-2 et de ses variants ainsi que l'étude de l'histoire naturelle de l'infection en lien avec la réponse anticorps.



Résumé : Au siècle dernier l'impact des différentes pandémies de grippe et notamment la pandémie de grippe espagnole en 1918 ont marqué la conscience collective. Au cours des dernières décennies les épisodes récurrents de grippe aviaire à virus H5N1 ou H7N9 avec la survenue de cas d'infection sévère chez l'homme, ainsi que la pandémie de grippe H1N1 en 2009 ou l'épidémie de coronavirus responsable du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV) en 2002, de coronavirus responsable du syndrome respiratoire sévère du Moyen-Orient (MERS-CoV) en 2012, et la pandémie de COVID-19 liée au SARS-CoV-2 toujours en cours ont souligné le potentiel dévastateur de ces virus respiratoires et la rapidité de leur diffusion dans un monde globalisé. L'expérience acquise a permis une meilleure compréhension des facteurs d'émergence, de diffusion et de contrôle des épizooties, épidémies et pandémies. L'importance de l'interface entre l'animal, l'homme et l'environnement comme source d'émergence a fait naître le concept « *One Health* ». Les déterminants moléculaires cruciaux pour le franchissement de la barrière d'espèce et l'adaptation à un nouvel hôte ont été identifiés avec une attention particulière pour les mécanismes de l'entrée virale, de la réplication virale et de la capacité d'échappement à la réponse immunitaire de l'hôte. Le suivi des trajectoires évolutives des virus grâce à la surveillance génomique et le partage en temps réel des séquences ouvre la voie à de meilleures prédictions également en lien avec les travaux de modélisation pour informer les politiques de santé publique. En termes de mesures spécifiques de contrôle, l'expérience a souligné la nécessité de disposer de moyens thérapeutiques et prophylactiques à large spectre vis-à-vis des virus susceptibles d'émerger ou de ré-émerger. La préparation à de futures pandémies devra capitaliser sur l'expérience acquise et faire l'objet de travaux de recherche multidisciplinaires associant l'ensemble des secteurs mais également prendre en compte les aspects organisationnels au plan national et international sans oublier la dimension sociale et sociétale.