

SARS-CoV-2 : des mutations ont-elles augmenté sa virulence ?

<https://www.futura-sciences.com/sante/actualites/coronavirus-covid-19-chercheurs-savent-desormais-virus-si-infectieux-79909/>

Article de [Céline Deluzarche](#), publié le 28 avril 2020

Le coronavirus, responsable de la pandémie de [Covid-19](#), a déjà subi de nombreuses mutations, dont certaines le rendent plus ou moins pathogène. Certaines versions du virus, notamment celles circulant en Europe, seraient ainsi 270 fois plus agressives que d'autres.

A-t-on sous-estimé la capacité du coronavirus SARS-CoV-2 à muter ? À chaque [réplication](#), les virus subissent des modifications [génétiques](#) aléatoires qui affectent une partie de leur génome. La plupart du temps, ces [mutations](#) sont mineures et n'apportent pas de changement dans la biologie ou les fonctions du virus. Jusqu'ici, on pensait que c'était le cas pour le SARS-CoV-2. Des chercheurs chinois de l'université de Zhejiang en Chine viennent pourtant de découvrir que, non seulement le virus a une propension importante à muter, mais que certaines mutations induisent une dangerosité bien plus élevée. « Le SARS-CoV-2 a acquis des mutations capables de modifier substantiellement sa [pathogénicité](#) », résument les chercheurs dans leur article en pré-publication sur le site [medRxiv.org](#). Certaines souches seraient ainsi 270 fois plus virulentes que d'autres.

Certaines variantes du virus produisent 270 fois plus de charge virale (en vert) que d'autres. © NIAID

Onze souches de virus ont été isolées chez des patients de la province du Zhejiang. Au total, les chercheurs ont identifié 33 mutations dans le génome, dont 19 encore inconnues. Surtout, certaines de ces mutations portent sur la partie codant la structure des protéines de surface du virus, celles qui lui servent à [pénétrer dans la cellule](#). Afin de vérifier l'effet de ces mutations, les chercheurs ont infecté des cellules avec les différentes variantes du virus, et constaté que certaines souches produisent 270 fois plus de [charge virale](#) que d'autres, tuant ainsi la cellule beaucoup plus vite.

Les variantes européennes sont les plus dangereuses

Les chercheurs ont ensuite retracé différentes souches en circulation dans le monde pour retrouver celles correspondant aux séquences analysées. Les souches circulant en Europe et à New York seraient ainsi les plus virulentes, les plus modérées concernant à l'inverse le reste des États-Unis. Une précédente étude de l'université Northeastern avait déjà montré que le virus à New York [avait été importé d'Europe](#), probablement d'Italie, où il s'est avéré particulièrement meurtrier. Les scientifiques suspectent depuis longtemps que les différentes

formes du virus pourraient expliquer les étonnantes disparités de mortalité selon les pays et les régions. La France enregistre, par exemple, quatre fois plus de morts que l'Allemagne, alors qu'elle compte 20 millions d'habitants de moins. Cette étude est la première à confirmer un lien de cause à effet.

Nombre de génomes séquencés du SARS-CoV-2 selon leur pays d'origine. © Gisaid

Des mutations passées sous le radar ?

L'étude ayant été menée sur un échantillon très restreint, « *il est très probable que la capacité du virus à muter a été largement sous-estimée* », jugent les chercheurs. D'autant plus que les [séquençages](#) sont sujets à caution. Selon le [Centre national de Bioinformation chinois](#), plus de 11.300 génomes de SARS-CoV-2 ont été séquencés dans le monde, contenant pas moins de 4.855 mutations. Le problème, c'est que la plupart de ces analyses résultent d'un séquençage simple, où chaque [gène](#) n'est lu qu'une seule fois, ce qui induit un [taux d'erreurs](#) important. Pour son étude, l'équipe chinoise a utilisé un système de séquençage sophistiqué, où chaque séquence est lue plus de 100 fois, ce qui a notamment permis d'identifier les nouvelles mutations.

Il reste toutefois difficile d'appréhender les effets de telle ou telle mutation sur la dangerosité du virus, car l'évolution de la maladie dépend en grande partie d'autres facteurs, comme l'âge du patient, les [comorbidités](#), la génétique ou même le [groupe sanguin](#). Ce que redoutent le plus les scientifiques, c'est que le virus accumule suffisamment de mutations pour compromettre la [mise au point d'un vaccin](#). Pour le moment, aucune preuve d'un changement dans la biologie intrinsèque du virus n'a été apportée. Mais jusqu'à quand ?

Deux souches de Sars-CoV-2 circulent, et la plus virulente représente 70 % des infections

Article de Céline Deluzarche publié le 10/03/2020

Une équipe de chercheurs chinois a identifié deux types principaux de coronavirus Sars-CoV-2, responsables du Covid-19. La deuxième variante, mieux adaptée à la population humaine, serait plus contagieuse et plus virulente. Pas de quoi inquiéter les scientifiques cependant, qui travaillent toujours sur un [vaccin](#).

Chaque année, le [virus de la grippe](#) est différent, ce qui oblige à développer un [nouveau vaccin](#) pour tenir compte des mutations subies par le virus. Faut-il craindre un tel scénario pour le Sars-CoV-2, responsable du [Covid-19](#), alors que la course est engagée par les chercheurs du monde entier pour mettre au point un vaccin ? Nous n'en sommes pas encore là, mais des chercheurs chinois viennent de publier une étude montrant que deux types principaux de coronavirus circulent, ce qui expliquerait pourquoi certains cas sont beaucoup plus graves.

La souche d'origine supplantée par une souche plus virulente

Selon l'équipe de chercheurs, qui a publié ses travaux le 3 mars dans la revue [National Science Review](#), le coronavirus se partage en deux types, L et S, qui se distinguent par leurs récepteurs de surface, par lesquels les virus s'arriment et pénètrent dans les cellules humaines. Le type S, à l'origine de l'épidémie, aurait peu à peu été supplanté par le type L, qui se serait adapté à l'[espèce](#) humaine en devenant plus virulent et plus [contagieux](#). Ce dernier aurait pris le dessus sur le type S depuis janvier 2020, au fur et à mesure que la [pression](#) sélective augmentait sur le type S. À l'heure actuelle, le type L représente 70 % des cas contre 30 % pour la souche S. Cette dernière serait pourtant en résurgence, car provoquant des [symptômes](#) moins sévères, elle est moins bien repérée.

Un virus qui mute en permanence

Rien de bien étonnant à tout cela : les virus mutent en permanence pour s'adapter à leur [hôte](#) et à l'environnement. C'est ce que l'on appelle le « polymorphisme nucléotidique » (ou [SNP](#) pour *Single Nucleotide Polymorphism*), une mutation qui diffère par un seul [nucléotide](#) sur une paire de base. Et comme le Sars-Cov-2 est un virus à [ARN](#), il a tendance à muter facilement. Les chercheurs chinois ont d'ailleurs identifié 149 variantes mineures parmi les 103 génomes analysés. Ces différences peuvent expliquer en partie pourquoi [certaines personnes sont plus atteintes que d'autres](#). Des chercheurs italiens avaient déjà remarqué que la version italienne du virus était différente de la version chinoise. Ces mutations restent pour l'instant largement insuffisantes pour parler de l'apparition d'un nouveau virus, qui serait insensible contre un futur vaccin contre le Sars-CoV-2.