

ORIGINES DU VIRUS

(Corrigé le 20 mars 2021, sur la base de connaissances disponibles à cette date).

Un nouveau virus de la famille des Coronaviridae a été détecté dans la ville de Wuhan en Chine en décembre 2019, l'OMS a déclaré le stade de pandémie le 11 mars 2020. Ce virus porte le nom de SRAS-CoV-2. La maladie associée à ce virus est la COVID-19.

Le début de l'écllosion de pneumonie atypique de COVID-19 a été signalé le 31 décembre 2019. C'est la plus récente des 7 souches de coronavirus pathologiques pour l'humain. *(Le SRAS-CoV, le MERS-CoV et le SARS-CoV-2 peuvent provoquer une maladie grave, tandis que HKU1, NL63, OC43 et 229E sont associés à des symptômes bénins)*

SARS-CoV-2, virus à ARN, est un Beta-Coronavirus très proche du virus du SRAS. Chez l'homme, l'infection aux coronavirus se traduit le plus souvent par des rhumes et des infections respiratoires rarement graves. L'infection par le coronavirus est bénigne dans 85% des cas. Cependant le SARS-CoV-2 peut donner des formes sévères et mortelles.

Ce virus cause des infections respiratoires avec des symptômes de fièvre, de toux et de difficultés respiratoires.

Deux types différents de SRAS-CoV-2 ont été identifiés.

- La première forme ou **forme S** est une forme "plus bénigne" de la pandémie, elle représente encore 30% des cas actuels.
- Depuis janvier une nouvelle forme est apparue: **la forme L plus grave** (70%des cas) car outre les atteintes pulmonaires elle touche le système nerveux ce qui explique, les céphalées, l'anosmie, l'agueusie et les troubles digestifs associés; nausées, vomissements .

Les séquences génétiques suggèrent une recombinaison de celle de la chauve-souris (96 % identique) et d'un animal inconnu (la piste du Pengolin semble abandonnée aujourd'hui). Ce mécanisme de recombinaison a déjà été décrit chez les coronavirus et semble aller dans le sens d'une sélection naturelle.

Un an après le début de l'épidémie de Covid-19, les origines du SARS-CoV-2 sont toujours inconnues. L'enquête controversée menée en janvier par l'Organisation mondiale de la santé (OMS) en Chine n'a pas permis d'en résoudre l'origine.

Toutefois, les experts de l'OMS admettent que l'hypothèse du coronavirus transmis par un premier animal, puis un second, avant une contamination de l'homme est « la plus probable ».

Malgré cela, on ignore comment il est passé de l'animal à l'homme, question cruciale afin d'anticiper et mieux nous prémunir des émergences futures de ce type de virus.

En l'absence d'éléments probants, les hypothèses se sont multipliées : Accident de laboratoire ? Virus créé à partir de celui du sida ? (Le sars cov2 aurait été utilisé comme vecteur d'un vaccin anti-VIH ?) Ces spéculations légitimes, ont même été étayées d'hypothèse plus douteuses comme par ex arme biologique ?

Ce qui est déjà admis par les scientifiques, c'est que le SARS-CoV-2 a une origine animale : celle d'une chauve-souris : la souche RaTG13. La chauve-souris serait donc selon en toute vraisemblance le réservoir naturel du virus, comme elle l'a été pour d'autres coronavirus (lors de l'épidémie de SRAS en 2003, par exemple).

Les connaissances acquises semblent également confirmer l'origine géographique du coronavirus : c'est bien en Chine, dans la province du Hubei, que le virus aurait émergé vers septembre-octobre 2019. L'hypothèse longtemps privilégiée du marché animalier de Wuhan, a en revanche été écartée, le marché a plutôt joué un rôle d'amplificateur de la transmission que de générateur de l'épidémie.

De plus, des travaux récents ont montré que le virus circulait hors de Chine dès novembre 2019.

Reste donc des hypothèses. Et parmi elles, celle du virus échappé d'un laboratoire, malgré la controverse et en l'absence de consensus, cette thèse ne peut être totalement écartée.

L'une des pistes concerne le RaTG13, ce fameux coronavirus de chauve-souris identique à 96 % à « notre » coronavirus. On sait que cette souche, **prélevée pour la première fois en 2013** dans une mine désaffectée de la province chinoise du Yunnan, a été étudiée par des chercheurs de Wuhan – où est installé le laboratoire P4, spécialisé dans l'étude des pathogènes les plus dangereux.

Toutes les hypothèses restent ouvertes, a toutefois nuancé le directeur de l'OMS, début de février, dans un contexte de tensions diplomatiques autour de cette enquête, jugée peu crédible par de nombreux scientifiques. Très attendu, le rapport final de l'OMS sur les origines du virus devait être publié la semaine du 15 mars.