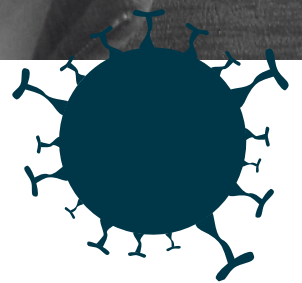


ÉTIENNE DECROLY
est virologue, directeur de
recherche CNRS au laboratoire
AFMB (Architecture et fonction des
macromolécules biologiques)
de l'université Aix-Marseille.



ORIGINE DU COVID-19



**Sans informations
précises sur ce qui
se passait dans le
laboratoire de Wuhan
on n'avancera pas!**

Depuis fin 2019, le monde est confronté au Covid-19, l'une des plus importantes pandémies qu'il ait connues. On la doit à un coronavirus, le SARS-CoV-2, dont on peine à connaître l'origine malgré les efforts déployés. Plusieurs hypothèses sont en lice, et toutes sont, à ce jour, plausibles.



Après plus de deux ans de Covid-19, peut-on revenir sur les premiers temps de l'épidémie ?

Le premier épicode de propagation du virus connu se situe dans la ville de Wuhan. Ce foyer épidémique important a engendré la dispersion du virus à travers le monde et déclenché la pandémie actuelle. Les experts de l'Organisation mondiale de la santé (OMS) suggèrent que l'origine de l'épidémie se situerait plus précisément sur le « marché humide » de cette ville, sans doute à la suite de la contamination par un animal qui n'a pas encore été identifié. Le virus se serait alors rapidement adapté pour que la transmission interhumaine soit possible avec efficacité.

Nous sommes en décembre 2019...

La question est sujette à discussion dans la littérature, non pas celle du début de la première flambée épidémique, qui est bien en décembre 2019-janvier 2020, mais celle de savoir à quelle date remontent véritablement les premiers cas d'infection humaine qui ont pu passer sous les radars. On sait aujourd'hui que la majorité des personnes infectées font des formes asymptomatiques. La recherche des premiers patients est donc compliquée, car beaucoup d'entre eux n'ont pas eu à se rendre dans un hôpital.

Comment, dès lors, estimer le « vrai » début ?

Différentes méthodes existent. La première est celle « des horloges biologiques » dont le postulat est que les mutations apparaissent à un rythme régulier mesurable. En fonction de la diversité des premiers génomes identifiés, il est possible d'estimer le début de l'épidémie humaine entre septembre et novembre 2019.

L'autre méthode couramment utilisée est fondée sur la recherche du patient « zéro ». Elle consiste à traquer les traces d'une infection ancestrale qui n'aurait pas pu être associée au SARS-CoV-2 à l'époque de la collecte. Ce travail d'enquête épidémiologique est incomplet dans le rapport de la commission conjointe OMS-Chine, mais l'organisation internationale annonce vouloir poursuivre la recherche du

patient zéro. Ces informations seraient particulièrement éclairantes sur l'origine de l'épidémie et conduiraient à des séquences génétiques plus ancestrales du virus, juste après le franchissement de la barrière d'espèce.

Que se passe-t-il entre les premiers cas et l'« explosion » épidémique ?

L'émergence du MERS-CoV en Arabie saoudite en 2012 apporte des informations clés. Initialement, le virus circule chez les chauves-souris, puis il infecte un hôte intermédiaire (le dromadaire) auquel il s'adapte progressivement. Le virus peut alors contaminer les éleveurs ou des personnes en contact avec les animaux infectés. Au départ, le virus n'est pas adapté au nouvel hôte humain, ce qui se traduit par des infections sporadiques avec peu de cas secondaires. Par la suite, les virus compétents pour la transmission interhumaine sont sélectionnés et déclenchent le début de l'épidémie. Les experts considèrent donc que l'émergence de nouvelles épidémies doit être précédée d'infections sporadiques par des virus ayant un potentiel de transmission interhumaine limité.

Parmi les tout premiers virus qui circulaient en décembre 2019, deux souches différentes coexistaient, la « A » et la « B », qui se distinguent par seulement deux mutations, ce qui a conduit certains scientifiques à proposer qu'il y ait eu deux événements indépendants de franchissement de la barrière d'espèce sur le marché humide, confortant ainsi l'hypothèse de l'origine zoonotique du virus. Toutefois, chez un patient contaminé, il est usuel de retrouver des virus contenant quelques mutations [l'une des deux souches pourrait donc découler de l'autre, ndlr]. Il est également étonnant que les souches A et B aient été déjà adaptées pour une transmission

EN CHIFFRES

510 441 943
cas confirmés dans le monde (au 26/04/2022)

6 221 480
décès dans le monde (au 26/04/2022)

27 567 552
cas confirmés en France (au 26/04/2022)

142 074
décès en France (au 26/04/2022)

HuCoV2_WH01_2019
BtRaTG13_2013_Yunnan
PnGX-P1E_2017
PnGX-P2V_2018
PnGu1_2019
BtZC45
BtZXC21
BtYu-RmYN02_2019
BtYN2013
BtHKU3-12
BtGX2013
BtYN2018B
BtRs4874
Cv007-2004
HuSARS-Frankfurt-1_2003

1a WFHAIIVSGTNG
1b WFHAIIVSGTN
1c WFNTI--NYQGG
WFNTIHLNYQGG
WYVAL-TKTNS
WYYSL-TTNN
WYYSL-TTNN
WYNEF
OFF
QYFSL-NVSDRE
QYFSL-NVDSIRYTY
RPITF
GFHTI--NNT
GFHTI--NNT
GFHTI--NHT
.....80.....90