

Communiqué de presse, le 26 février 2021

## Compétition entre les mutants du SARS-CoV-2

**Quelle est la dangerosité des nouvelles mutations du SARS-CoV-2 ? Une équipe de recherche internationale a développé une approche permettant de comparer précisément la transmissibilité des nouveaux mutants du virus. Cette équipe se compose de chercheur-e-s de l'Institut de virologie et d'immunologie (IVI), rattaché à l'Office fédéral de la sécurité alimentaire et des affaires vétérinaires (OSAV) et à l'Université de Berne, du Centre américain de contrôle et de prévention des maladies et de l'Institut allemand Friedrich-Loeffler.**

Avant l'apparition des nouveaux mutants du coronavirus, comme le variant britannique B.1.1.7, le variant D614G du SARS-CoV-2 était le plus répandu dans le monde. Or, ce variant était déjà un mutant du virus SARS-CoV-2 initial qui est à l'origine de la pandémie. Une équipe de recherche internationale, à laquelle participent des chercheur-e-s bernois, a pu montrer en laboratoire et sur des modèles animaux pourquoi le variant D614G a pu s'imposer globalement sur le SARS-CoV-2 initial. « Notre approche nous permet une caractérisation plus rapide et plus fine des nouveaux mutants, comme le variant britannique B.1.1.7 », dit Volker Thiel de l'Institut de virologie et d'immunologie (IVI), un des quatre auteurs principaux de l'étude. Ces connaissances sont très importantes pour lutter contre les nouveaux mutants qui risquent de se propager très rapidement. Elles montrent, en effet, que les variants viraux qui présentent un avantage ont plus de chances de se transmettre. Les premiers résultats avaient été mis à disposition sur un serveur de prépublication à des fins de discussion scientifique. Ces résultats ont maintenant été publiés dans la revue *Nature*.

Le variant D614G présente une mutation dans la protéine Spike qui facilite l'amarrage du virus aux cellules humaines. Dans un premier temps, les chercheur-e-s de l'IVI et du laboratoire de David E. Wentworth au Centres américains de contrôle et de prévention des maladies d'Atlanta ont pu montrer dans des cultures cellulaires que le variant D614G s'amarrait plus fermement aux cellules humaines des voies respiratoires supérieures et du nez et qu'il se reproduisait aussi plus vite dans les cellules que le virus initial. Ces résultats ont aussi été confirmés dans l'organisme vivant, en l'occurrence dans un nouveau modèle animal de souris décrit dans cette étude. Ces expériences ont été ensuite faites à l'IVI dans le groupe de Charaf Benarafa, responsable du secteur Immunologie moléculaire.

### La nouvelle mutation l'emporte clairement

C'est cependant dans d'autres espèces animales que la propagation du virus SARS-CoV-2 d'un

animal à l'autre se mesure mieux. Le hamster et le furet, couramment utilisés dans la recherche sur les maladies infectieuses, se prêtent bien à une utilisation comme modèle animal. Pour directement comparer les deux variants, un mélange contenant une quantité équivalente du virus SARS-CoV-2 initial et du variant D614G a été instillée dans le nez d'un hamster et d'un furet tous deux légèrement narcotisés. Un jour après infection, chaque animal a été placé en contact avec un congénère sain pour mesurer la transmissibilité des deux variants en compétition directe. L'expérience a été répétée avec des paires de six animaux. Chez pratiquement tous les animaux infectés expérimentalement ainsi que tous les animaux sentinelles, le variant D614G dominait très tôt dans sa reproduction et sa transmission aux animaux sains. La distinction des variants a été réalisée en utilisant une technologie de séquençage très récente et la technique PCR. Les expériences ont été réalisées par l'équipe de Martin Beer, à l'Institut Friedrich-Loeffler de Greifswald-Île de Riems, un institut fédéral allemand de recherche sur la santé animale. « Ce qui distingue notre étude est d'avoir pu montrer clairement, en comparant directement, que le variant muté se transmet plus efficacement que le variant initial » dit Volker Thiel.

### **Un « test d'aptitude » pour d'autres mutations**

Cette méthode permet même de tester chaque mutation ou combinaison de mutations qui apparaît aujourd'hui chez de nombreux variants du virus. Pour ce faire, l'IVI peut recourir à une [technique de clonage qu'il a développée il y a une année et qui permet de reconstruire précisément des virus de SARS-CoV-2 en laboratoire](#). On sait par exemple que le virus britannique présente non pas une mais souvent plus de quatorze mutations, dont huit dans la protéine Spike. Cette technique de clonage permet donc la reconstruction de toutes les mutations des variants souhaités, qui pourront ensuite « affronter » un autre variant dans les modèles de cultures cellulaires et les modèles animaux développés et bien établis et décrits ici. Ces résultats montrent comment certaines mutations peuvent influencer l'aptitude et la transmissibilité des nouveaux variants. « Cette stratégie de test nous permet à présent de déterminer pourquoi de nouveaux variants du virus s'imposent », dit Volker Thiel.

Des projets de recherche similaires sur des agents pathogènes infectieux pourraient être réalisés à l'avenir dans le nouveau [Centre pluridisciplinaire sur les maladies infectieuses et l'immunité](#) (*Multidisciplinary Center for Infectious Diseases and Immunity (MCIDI)*) de l'Université de Berne.

**Vous trouvez des informations complémentaires et les adresses des interlocuteurs sur la page suivante.**

### **Institut de virologie et d'immunologie IVI**

L'Institut de virologie et d'immunologie (IVI), avec ses deux sites de Mithelhäusern et de Berne, est un établissement de recherche rattaché à l'Office fédéral de la sécurité alimentaire et des affaires vétérinaires (OSAV) et cofinancé par l'Université de Berne. Il s'agit du seul laboratoire vétérinaire de haute sécurité en Suisse où peuvent être diagnostiquées et étudiées les épizooties hautement contagieuses (p. ex. la fièvre aphteuse ou la peste porcine). Les infections virales qui menacent à la fois l'animal et l'homme (zoonoses) constituent un axe de recherche majeur de l'IVI conformément à l'approche « One Health ».

[Informations complémentaires](#)

### **Détails de la publication :**

Bin Zhou, Tran Thi Nhu Thao, Donata Hoffmann, Adriano Taddeo et al.: *SARS-CoV-2 spike 614G variant confers enhanced replication and transmission*. Nature, 26 février 2021,

<https://www.nature.com/articles/s41586-021-03361-1>

### **Contact :**

Prof. Dr Volker Thiel, Institut de virologie et d'immunologie (IVI), Office fédéral de la sécurité alimentaire et des affaires vétérinaires (OSAV) et Université de Berne

Tél. : +41 31 631 24 13 / [volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch](mailto:volker.thiel@vetsuisse.unibe.ch)