

Le coronavirus ?

Par Dimitri PIANETA

Introduction

Depuis 2020, un mot est à la mode le coronavirus et la maladie qui en découle est le SARS-CoV-2. On le nomme aussi la covid-19 en France.

Dans cette fiche, nous allons parler de la transmission, des caractéristiques de cette maladie et les influences des gouttelettes ainsi que les aérosols.

Qu'est-ce que le virus SARS-CoV-2 ?

Le SARS-CoV-2 appartient à la famille des coronavirus (CoV) dénomination liée à la « couronne » que forment certaines protéines à la surface de ces virus. Il a été identifiée pour la première fois à Wuhan en Chine, en décembre 2019.

Plusieurs coronavirus sont déjà connus pour être capables d'infecter les humains : trois coronavirus saisonniers responsables de symptômes hivernaux sans gravité (rhumes), le SARS-CoV responsable du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS) et MERS-CoV responsable d'une atteinte respiratoire potentielle sévère (Middle East Respiratory Syndrome).

Le SARS-CoV-2 est le septième coronavirus pathogène pour l'Homme. Il est responsable de la maladie Covid-19 (COronaVirus Disease 2019). Les sept coronavirus sont nommées :

- **Human coronavirus 229E (HCoV-229E)**
- **Human coronavirus NL63 (HCoV-NL63)**
- **Human coronavirus OC43 (HCoV-OC43)**
- **Human coronavirus HKU1 (HCoV-HKU1)**
- **Middle East respiratory syndrome-related coronavirus (MERS-CoV) ou EMC/2012 (HCoV-EMC/2012)**
- **Severe acute respiratory syndrome coronavirus (SARS-CoV or SARS-CoV-1)**
- **Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2)**

Je souhaite maintenant, vous explique les différences de ces sept coronavirus :

- **HCoV-229E** : Le *coronavirus humain 229E* (nom scientifique *Human coronavirus 229E*, sigle **HCoV-229E**) est une espèce de coronavirus qui infecte les humains et les chauves-souris. Il s'agit d'un virus à ARN simple brin enveloppé, de sens positif, qui pénètre dans sa cellule hôte en se liant au récepteur APN. Avec le coronavirus humain OC43 (HCoV-OC43), il est l'un des virus responsables du rhume. L'espèce appartient au genre *Alphacoronavirus* et au sous-genre *Duvinacovirus*. Les rhumes sont la plupart du temps bénins, mais des complications respiratoires graves peuvent survenir chez les personnes âgées ou atteintes d'une maladie chronique.
- **HCoV-NL63** : Le *coronavirus humain NL63* (nom scientifique *Human coronavirus NL63*, acronyme **HCoV-NL63**) est une espèce de coronavirus qui a été identifiée fin 2004 chez un enfant de sept mois atteint de bronchiolite aux Pays-Bas. Il s'agit d'un virus à ARN simple brin enveloppé, de sens positif, qui pénètre dans sa cellule hôte par le récepteur ACE2. L'infection par le virus a été confirmée dans le monde entier et est associée à de nombreux symptômes

et maladies courants. Les maladies associées comprennent des infections légères à modérées des voies respiratoires supérieures, une infection aiguë sévère des voies respiratoires inférieures, un croup et la bronchiolite.

Le virus se rencontre principalement chez les jeunes enfants, les personnes âgées et les patients immunodéprimés souffrant d'une maladie respiratoire aiguë. Il a également une association saisonnière dans les climats tempérés. Une étude réalisée à Amsterdam a estimé la présence de HCoV-NL63 dans environ 4,7% des maladies respiratoires courantes.

Le virus provient de civettes¹ et de chauves-souris infectées.

- **HOC43 : Le coronavirus humain NL63** (nom scientifique *Human coronavirus NL63*, acronyme **HCoV-NL63**) est une espèce de coronavirus qui a été identifiée fin 2004 chez un enfant de sept mois atteint de bronchiolite aux Pays-Bas. Il s'agit d'un virus à ARN simple brin enveloppé, de sens positif, qui pénètre dans sa cellule hôte par le récepteur ACE2. L'infection par le virus a été confirmée dans le monde entier et est associée à de nombreux symptômes et maladies courants. Les maladies associées comprennent des infections légères à modérées des voies respiratoires supérieures, une infection aiguë sévère des voies respiratoires inférieures, un croup² et la bronchiolite.

Le virus se rencontre principalement chez les jeunes enfants, les personnes âgées et les patients immunodéprimés³ souffrant d'une maladie respiratoire aiguë. Il a également une association saisonnière dans les climats tempérés. Une étude réalisée à Amsterdam a estimé la présence de HCoV-NL63 dans environ 4,7% des maladies respiratoires courantes.

Ce coronavirus est un membre de l'espèce *Betacoronavirus 1*⁴, dans le genre *Betacoronavirus*⁵, qui infecte les humains et les bovins³. Son ancêtre pourrait être un coronavirus « bovin » ayant par

¹ Civette et anciennement chat musqué sont des noms vernaculaires qui désignent en français de nombreuses espèces de petits mammifères du sous-ordre des Feliformia, principalement de la famille des Viverridé. Ci-



dessous une photo de la civette.

² (ou laryngo-trachéo-bronchite) est une affection respiratoire habituellement déclenchée par une infection virale aiguë des voies aériennes supérieures. L'infection conduit à un gonflement de l'intérieur de la gorge, qui gêne la respiration normale et produit les symptômes classiques : toux dite « aboyante », stridor, dysphonie. Le croup peut produire des symptômes légers à sévères, souvent aggravés la nuit. Il est souvent traité par une dose unique de stéroïdes oraux. Occasionnellement, l'adrénaline est utilisée si le cas est sévère. L'hospitalisation est rarement requise.

³ Déficit immunitaire qui se traduit par une insuffisance des moyens de défense naturelle de l'organisme, qui est alors moins résistant aux agents infectieux que sont les bactéries, les virus, les parasites et les champignons. L'inefficacité de la réponse immunitaire chez une personne immunodéprimée se traduit par des infections plus fréquentes, potentiellement plus graves et souvent récidivantes.

⁴ Le betacoronavirus 1 est une espèce de coronavirus qui infecte les humains et le bétail. Le virus infectant est un virus à ARN monocaténaire enveloppé à polarité positive, et appartient au genre *Betacoronavirus* et au

mutation acquis une aptitude à infecter l'Homme, et d'après les études d'horloge moléculaire cette émergence serait relativement récente, leur ancêtre commun le plus récent étant daté de 1890 environ.

Il s'agit d'un virus à ARN simple brin enveloppé, de sens positif, grossièrement sphérique et de grande taille pour un virus (de 120 à 160 nm), coiffé et polyadénylé et encapsidé dans une nucléocapside hélicoïdale. Il pénètre dans sa cellule hôte en se liant au récepteur de l'acide N-acétyl-9-O-acétylneuraminique.

- **HCoV-HKU1** : Le **coronavirus humain HKU1** (nom scientifique *Human coronavirus HKU1*, acronyme **HCoV-HKU1**) est une espèce de coronavirus provenant de souris infectées. Chez l'homme, l'infection entraîne une maladie des voies respiratoires supérieures avec des symptômes du rhume, mais peut évoluer vers une pneumonie et une bronchiolite. Il a été découvert pour la première fois en janvier 2005 chez deux patients à Hong Kong. Des recherches ultérieures ont révélé qu'il avait une distribution mondiale et une genèse antérieure.
- **MERS-CoV** : Le **coronavirus du syndrome respiratoire du Moyen-Orient** ou **MERS-CoV** (acronyme anglais de *Middle East respiratory syndrome-related coronavirus*, anciennement **2012-nCoV** ou **nCoV** pour *novel coronavirus*) est le nom d'un variant de coronavirus hautement pathogène découvert en 2012 au Moyen-Orient, provoquant en particulier un symptôme de pneumonie aiguë, le syndrome respiratoire du Moyen-Orient.
- **SARS-CoV** : Le **coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère** ou **SARS-CoV** (acronyme anglais de *severe acute respiratory syndrome coronavirus*) (parfois **SARS-CoV-1** pour bien le différencier du SARS-CoV-2 apparu en 2019) est le coronavirus responsable de l'épidémie de syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS) qui a sévi de 2002 à 2004. C'est une souche de l'espèce de coronavirus SARSr-CoV. Cet agent infectieux serait apparu en novembre 2002 dans la province du Guangdong, en Chine. Entre le 1^{er} novembre 2002 et le 31 août 2003, le virus aurait infecté 8 096 personnes dans une trentaine de pays, causant 774 décès, essentiellement en Chine, à Hong Kong, à Taïwan, et en Asie du Sud-Est.
- **SARS-CoV-2** : (acronyme anglais de *severe acute respiratory syndrome coronavirus 2*) est le sigle du **coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère**. Il est parfois partiellement francisé en **SRAS-CoV-2**. Ce coronavirus hautement pathogène, découvert en décembre 2019 dans la ville de Wuhan (province de Hubei, en Chine), est une nouvelle souche de l'espèce de coronavirus SARSr-CoV.

C'est l'agent pathogène à l'origine d'une pneumonie atypique émergente, la maladie à coronavirus 2019 (Covid-19). La progression de cette maladie a conduit l'Organisation mondiale de la santé (OMS) à la déclarer urgence de santé publique de portée internationale le 30 janvier 2020, puis pandémie le 11 mars 2020.

sous-genre Embecovirus. Il possède, comme d'autres embécovirus, une protéine de surface en forme de pic plus courte supplémentaire, appelée hémagglutinine estérase (HE).

⁵ Betacoronavirus (ou β -coronavirus) est l'un des quatre genres connus de coronavirus. Il est classé dans la sous-famille des Orthocoronavirinae, la famille des Coronaviridae et l'ordre des Nidovirales. Il regroupe des virus à ARN simple brin enveloppés, de sens positif, d'origine zoonotique. Le genre *Betacoronavirus* est organisé en 5 sous-genres et une quinzaine d'espèces. Dans la littérature plus ancienne, ce genre est également connu sous le nom de « coronavirus du groupe 2 »

SARS-CoV-2 est un virus à ARN. Molécule issue de la transcription d'un gène enveloppé. Le génome (30 kilobases) code pour 15 gènes dont 4 correspondant à des protéines de structure : une protéine de surface (protéine Spike ou S), une protéine de membrane (M), une protéine d'enveloppe (E) et une protéine de nucléocapside (N).

Le SARS-Cov-2 en détail

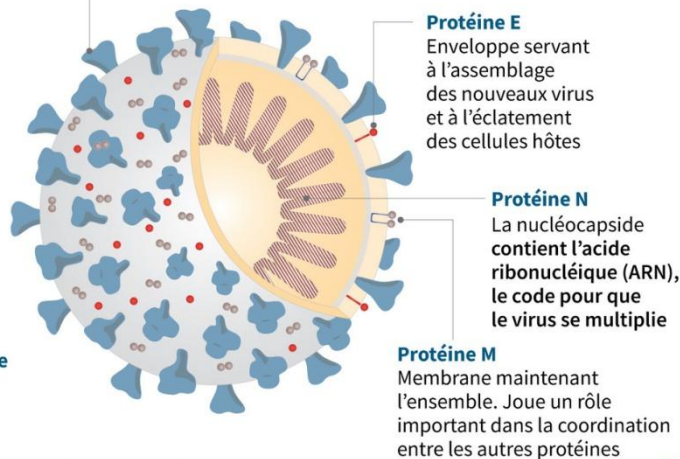
Comprendre la structure du virus devrait aider au développement d'un vaccin contre le Covid-19

Protéine S

Pointe permettant au virus de s'accrocher à une cellule hôte et d'y entrer

Le nom du virus provient du latin «corona» qui signifie «couronne», en référence à la forme que les pointes lui donnent lorsqu'il est observé au microscope

Le SARS-CoV-2, virus à l'origine du Covid-19, appartient à la famille des coronavirus



Protéine E

Enveloppe servant à l'assemblage des nouveaux virus et à l'éclatement des cellules hôtes

Protéine N

La nucléocapside contient l'acide ribonucléique (ARN), le code pour que le virus se multiplie

Protéine M

Membrane maintenant l'ensemble. Joue un rôle important dans la coordination entre les autres protéines

Sources : virology.biomedcentral.com, courses.lumenlearning.com, mdpi.com

© AFP

Ce génome présente 79% d'homologie avec le SARS-CoV et 52% d'homologie avec le MERS-CoV. Le coronavirus le plus proche phylogénétiquement est RaTG13-CoV, un coronavirus qui infecte les chauve-souris (95% d'homologie).

Quelle est son origine ?

L'origine du SARS-CoV-2 n'est pas totalement élucidée. Particulièrement fréquent chez certains animaux, les coronavirus ne franchissent qu'épisodiquement la barrière d'espèces pour infecter l'Homme. Il existe cependant des exceptions, comme le SARS-CoV qui a été accidentellement transmis à l'Homme via la consommation de civettes masquées et le MERS-CoV via les dromadaires.

Le SARS-CoV-2 est génétiquement plus proche des virus infestant les chauve-souris que du MERS-CoV ou du SRAS-CoV. Mais jusqu'à présent, aucune transmission virale directe n'a été décrite entre ces espèces et l'humain. C'est pourquoi les chercheurs estiment probable que la transmission à l'Homme a eu lieu par le biais d'une espèce hôte intermédiaire.

Le pangolin a été initialement identifié comme porteur d'un coronavirus proche du SARS-CoV-2, toutefois plusieurs éléments laissent douter, notamment les séquences génétiques du virus responsable de l'épidémie actuelle et celles du coronavirus infectant le pangolin conservent des différences significatives.

Résumé de cette question :

On suppose deux hypothèses :

- Le virus aurait été transmis de la chauve-souris à l'Homme via une espèce animale non encore identifiée.
- Le virus aurait circulé depuis plusieurs années chez l'Homme, à bas bruit, jusqu'à ce qu'une mutation récente l'ait rendu plus virulent et pathogène.

Comment ce virus se transmet-il ?

Le SARS-CoV-2 se transmet depuis une personne infectée vers une personne non infectée par deux voies principales :

- Le contact direct avec la personne infectée ou une surface qu'elle a constaminée.
- La transmission aérienne (ou aéroportée) du virus via des gouttelettes ou un aérosol émis par la personne infectée.

Des gouttelettes (mesurant $1\mu\text{m}$ à 1mm) sont émises par notre bouche et notre nez lorsque nous parlons, crions, chantons, toussons ou éternuons. Les aérosols correspondent quand à eux à des suspensions de particules plus petites (quelques nanomètres à $100\mu\text{m}$) à l'image de la vapeur produite par notre respiration par temps froid.

Le virus est rarement présent dans le sang, le sperme, les sécrétions vaginales, les urines ou les selles. En réalité, cette situation concernerait essentiellement des personnes qui ont développé une forme grave de la maladie. Quoiqu'il en soit, aucun cas de transmission intra-utérus (au cours d'une grossesse). Le virus n'a pas été identifié dans le lait maternel.

Quel est le risque à éviter pour avoir le covid ?

Je suis inspiré de l'article suivant « Two metres or one : what is the evidence for physical distancing in covid-19 » de Nicholas R. Jones et Colloborateurs, 2020.

Cet article a une bonne explication de l'utilité des 2 m de la distance physique entre deux personnes. Cela justifie bien les mesures que le gouvernement Français a pris.

Cependant, il ne faut pas oublier de faire les gestes barrières pour limiter le virus se propage trop vite et d'être touché par cette maladie.

Dans cet article, il y a une explication des 2 mètres pour la distance physique entre deux personnes.

Modalités Du Contact	Faible densité de personnes			Forte densité de personnes		
	En extérieur bien ventilé	En intérieur bien ventilé	Mal Ventilé	En extérieur bien ventilé	En intérieur bien ventilé	Mal Ventilé
Contact bref avec un masque						
Se taire						
Parler						
Crier						
Contact prolongé avec un masque						
Se taire						
Parler		*		*		
Crier						
Contact bref sans masque						
Se taire						
Parler						
Crier						
Contact prolongé sans masque						
Se taire						
Parler						
Crier						

Légende :

* : niveau de risque incertain, dépend des définitions quantitatives de la distanciation, de la densité et de la durée de contact.

En vert : risque faible, en orange : risque modéré, en rouge : risque fort.

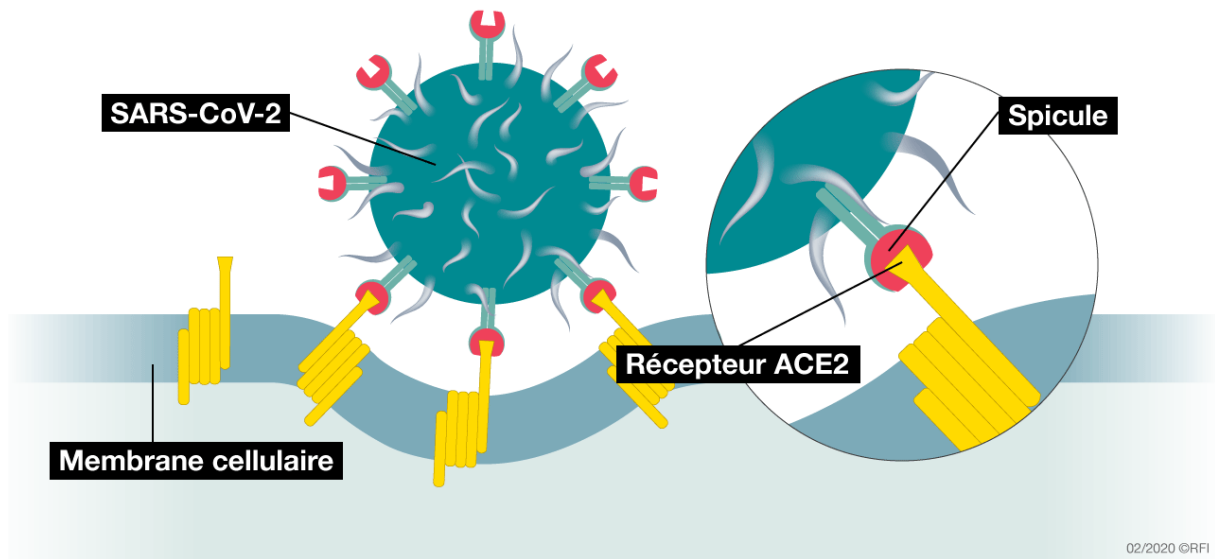
Quand est-on contagieux ?

Il se déroule en moyenne 5 à 8 jours entre l’infection par le virus et la possibilité de le transmettre à un tiers, que l’on développe des symptômes ou non. Le risque de transmission est maximal à l’apparition de ces symptômes (lorsqu’on en a), mais il débute en moyenne 2 à 3 jours avant. Ce risque diminue ensuite progressivement à partir du 7^e jour suivant l’apparition des symptômes. Il devient limite au-delà de 10 jours et exceptionnel après 14 jours. Attention, ces durées ne sont que des moyennes : plus les symptômes sont sévères et persistent, plus la possibilité de transmettre le virus se prolonge.

Comment l’infection par le virus se déroule-t-elle ?

Le virus pénètre dans l’organisme via les voies aériennes, depuis le nez et la bouche. Une partie de sa protéine de surface (la région RBD de la protéine S) se fixe au récepteur ACE2 exprimé à la surface des cellules qui tapissent nos voies respiratoires. Une autre protéine cellulaire (TMPRSS2) permet ensuite au virus de pénétrer dans la cellule. Une fois à l’intérieur, il utilise la machinerie cellulaire de l’hôte pour s’y multiplier. De nouveaux virions se forment et vont infecter de nouvelles cellules.

Comment le coronavirus infecte l'homme ?



02/2020 ©RFI

Le schéma suivant montre le déroulement de l'infection du coronavirus dans l'organisme humaine :

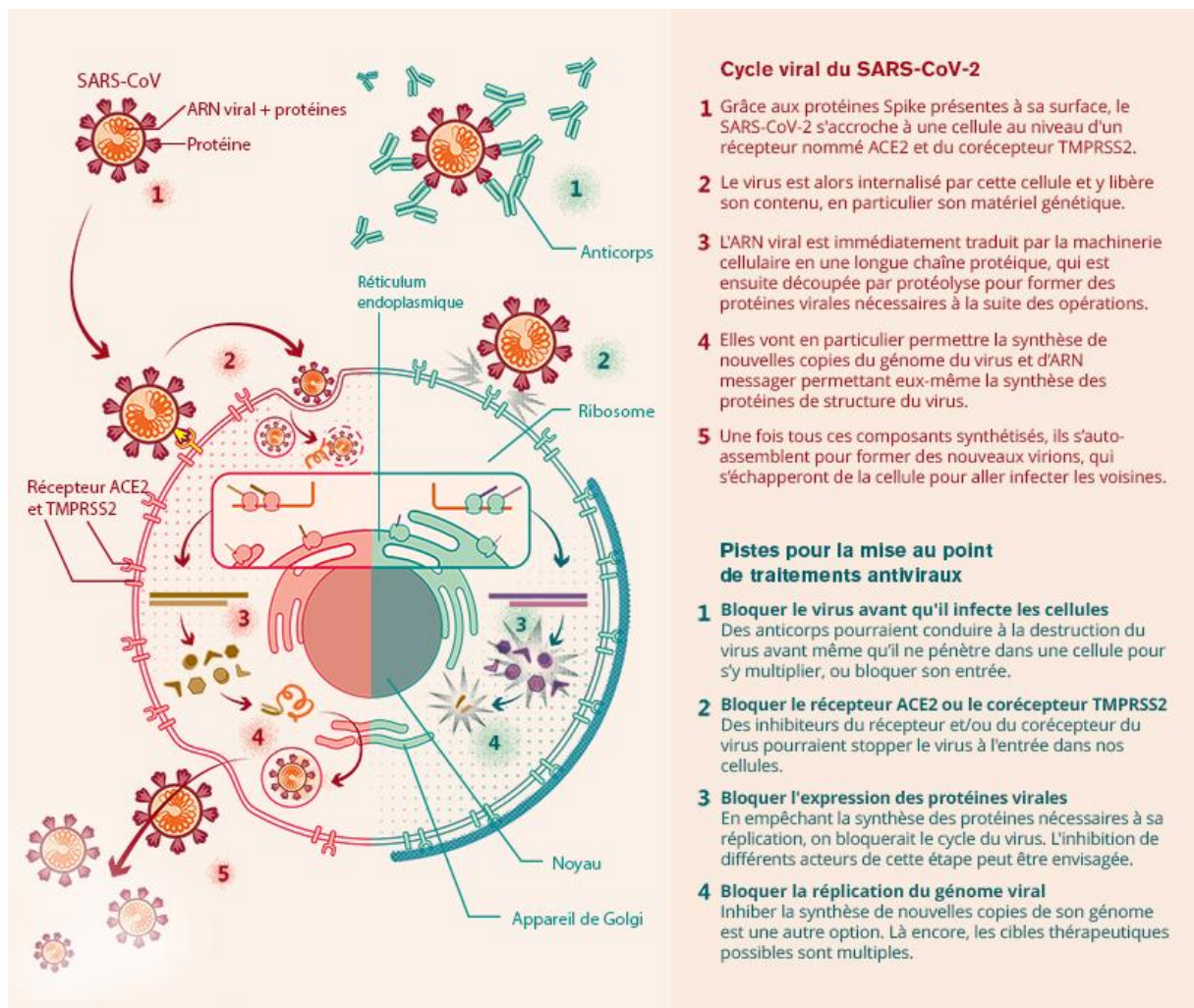
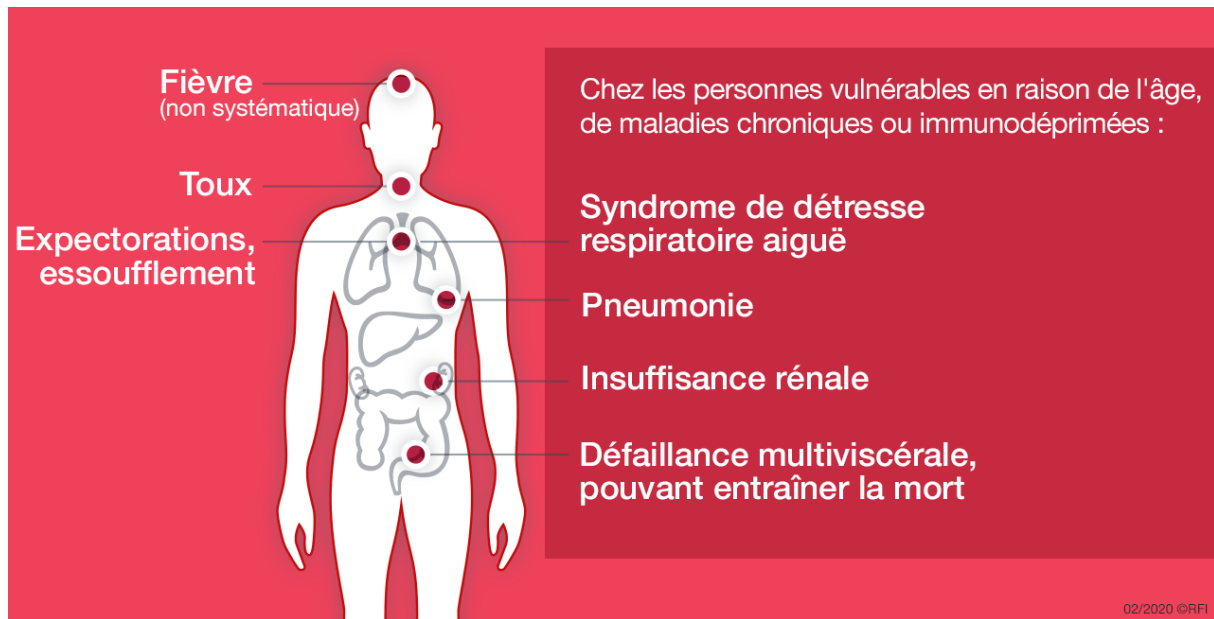


Figure 1: Le cycle viral du SARS-CoV-2 et les cibles thérapeutiques à l'étude ©Inserm/Camille

Que sait-on de la Covid-19 ?



D'autres symptômes peuvent accompagner ou remplacer ces symptômes, de façon moins systématique : douleurs musculaire (myalgies), maux de tête (céphalées), maux de gorge, congestion nasale, nausées, vomissement, diarrhées... La survenue brutale d'une perte de goût (agueusie) ou d'odorat (anosmie) en l'absence de rhinite peut aussi être un signe de Covid-19.

Sur le plan dermatologique, certaines personnes développent un éryhème (rougeur) ou une éruption, et plus rarement des engelures notamment au niveau des orteils.

Quelle est la propagation du virus ?

Au moment que nous n'avons écrit cette fiche très peu de donner sur les variantes du COVID-19 sont connus.

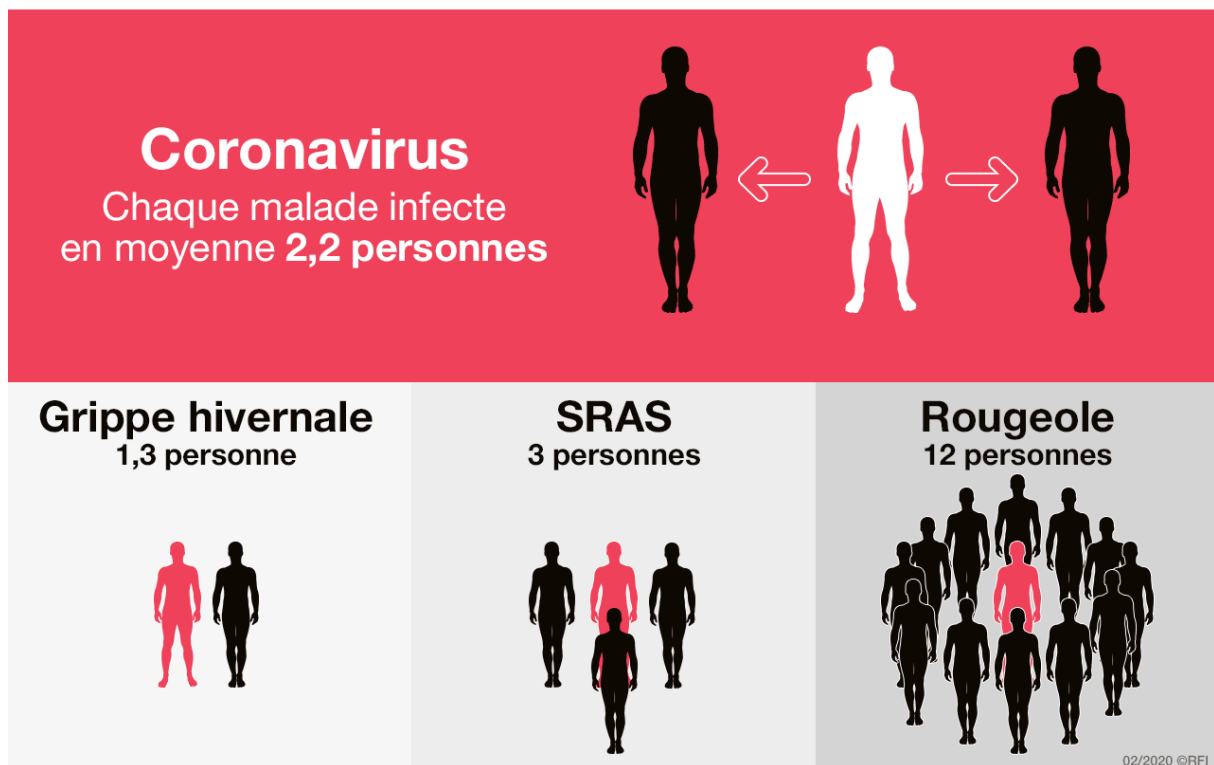
Il y a trois variants actuels :

- Le premier nommé anglaise qui a été détectée en novembre au Royaume-Uni, le variant B.1.1.7, désormais appelé VOC 202012/01, trouve « probablement » son origine dans le sud-est de l'Angleterre en septembre, selon l'*Imperial College de Londres*. Il s'est rapidement étendu dans tout le Royaume-Uni et a désormais été détecté dans des dizaines de pays du monde, des États-Unis à la Corée du Sud en passant par l'Inde, la France ou le Danemark.

Il a été rebaptisé **Variant of Concern (VOC) 202012/01**. Ce VOC fait partie du **lignage B.1.1.7**.

- Le deuxième nommé sud africain est appelé 501.V2, est désormais majoritaire en Afrique du Sud. Il a été détecté dans des échantillons remontant au mois d'octobre, puis a été repéré dans quelques autres pays du monde, notamment le Royaume-Uni et la France. Pour les deux variants, les cas sont probablement sous-estimés, selon les experts.
- Le troisième nommé Brésilien : Le Japon qui fait face à une troisième vague épidémique du coronavirus a décelé un nouveau variant sur son territoire, venu du Brésil. Le 9 janvier 2021, le ministère de la Santé japonais notifiait à l'OMS la détection d'un nouveau variant, différent

de ceux repérés au Royaume-Uni et en Afrique du Sud, chez 4 voyageurs en provenance du Brésil : le variant avec lignage **B.1.1.2.8**. Après étude du génome, l'Institut japonais de recherche sur les maladies infectieuses a indiqué qu'il présentait des similitudes avec les variants découverts au Royaume-Uni et en Afrique du Sud. Ce variant comporte **deux mutations biologiquement importantes** : la mutation **E484K**, retrouvée sur le variant **VOC 202012/01**, et la mutation **N501Y**, retrouvée sur le variant **501Y.V2**. Le 12 janvier 2021, une étude en prépublication réalisée par une équipe anglaise et brésilienne a décrit l'**émergence de ce variant au mois de décembre dans la région de Manaus**, où il était présent dans 42% des PCR positives (13 échantillons sur 31). Une seconde étude disponible en prépublication le 26 décembre 2020 indique que ce variant aurait **émergé fin juillet 2020** et a été détecté pour la première fois à Rio de Janeiro fin octobre 2020.



Comparaisons côte à côte des variantes importantes du SARS-CoV-2 :

Une gamme de variantes du SRAS-CoV-2 a émergé dans le monde depuis le début de la pandémie de COVID-19. La plus grande attention a été portée aux variantes à propagation rapide récemment identifiées au Royaume-Uni, en Afrique du Sud et au Brésil. Les scientifiques soupçonnent que les modèles particuliers de mutations des variantes ont le potentiel d'affecter leur transmissibilité, leur virulence et / ou leur capacité à échapper à certaines parties du système immunitaire. Ce dernier pourrait rendre les personnes immunisées contre le SRAS-CoV-2 d'origine vaccinale ou naturelle vulnérables à une réinfection avec de nouvelles variantes, et ces effets possibles restent à l'étude.

Il existe une poignée d'autres variantes - généralement avec moins de mutations accrocheuses - que les chercheurs surveillent également de près, note l'épidémiologiste moléculaire Emma Hodcroft de

l'Université de Berne en Suisse. Rendant les choses confuses, les scientifiques ne parviennent pas à s'entendre sur un système de dénomination normalisé pour les nouvelles variantes, provoquant ce qu'un chercheur a appelé un «désordre sanglant» de nomenclature.

Nom(s)	Distribution	Mutations notables	Effets potentiels sur la transmissibilité, la virulence et la fuite immunitaire
B.1.1.7, 20I/501Y.V1, VOC202012/01	Identifié pour la première fois fin décembre au Royaume-Uni, il s'est propagé dans 62 pays d'Europe, d'Asie, des États-Unis et ailleurs.	17 mutations récentes, dont N501Y, P681H, délétion HV 69–70, et quatre autres sur la protéine de pointe (Spike) ; la mutation ORF8 Q27stop en dehors de la protéine de Spike.	<ul style="list-style-type: none"> • Pensé pour avoir une transmissibilité accrue de plus de 40% • Augmentation de la virulence suggérée mais non résolue • Peu de préoccupations concernant l'efficacité actuelle des vaccins
B.1.351, 20C/501Y.V2	Identifié fin décembre en Afrique du Sud et maintenant repéré en Afrique, en Europe, en Asie et en Australie	21 mutations, dont N501Y, E484K et K417N sur la protéine de pointe, et délétion ORF1b en dehors de la protéine de Spike	<ul style="list-style-type: none"> • Suggéré d'avoir une transmissibilité accrue • Aucune preuve d'augmentation de la virulence • Des études in vitro suggèrent un potentiel d'évasion immunitaire suite à des infections naturelles et un léger effet sur la puissance des anticorps induits par le vaccin
P.1, 20J/501Y.V3	Découvert chez des voyageurs du Brésil lors d'un dépistage dans un aéroport japonais en janvier; maintenant connu pour circuler largement dans l'État brésilien d'Amazonas et également observé aux îles Féroé, en Corée du Sud et aux États-Unis	17 changements d'acides aminés, y compris N501Y, E484K et K417N sur la protéine de pointe; Délétion ORF1b en dehors de la protéine de pointe	<ul style="list-style-type: none"> • Effet sur la transmissibilité et / ou la virulence inconnu • Anecdotes de réinfections signalées, mais le potentiel d'évasion immunitaire reste non résolu
COH.20G/501Y	Deux cas de mutation N501Y ont été détectés à Columbus, Ohio, depuis la fin décembre, et dans d'autres États américains depuis	N501Y, localisé dans la protéine de Spike du virus. Il manque la plupart des autres mutations présentes dans le variant B.1.1.7 identifié au Royaume-Uni.	Aucune preuve encore de transmissibilité, de virulence et / ou d'évasion immunitaire altérée

<p>S Q677H, parfois appelée variante «Midwest»</p>	<p>Les virus contenant la mutation S Q677H sont récemment devenus fréquents dans les échantillons analysés en décembre et janvier dans l'Ohio, et ont également été trouvés dans plusieurs États du Midwest.</p>	<p>Mutation Q677H sur la protéine de pointe, A85S sur la protéine M et D377Y sur la protéine de nucléocapside</p>	<p>Jusqu'à présent, aucune preuve de transmissibilité altérée, de virulence et / ou d'évasion immunitaire.</p>
<p>L452R, B1429</p>	<p>La mutation L452R elle-même a été observée aux États-Unis et en Europe l'année dernière. En janvier 2021, sa fréquence a augmenté rapidement dans plusieurs comtés de Californie.</p>	<p>Mutation L452R, localisée sur la protéine de Spike.</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Associé à plusieurs épidémies importantes en Californie, mais on ne sait toujours pas si les surtensions sont causées par la variante elle-même • Effets sur l'efficacité du vaccin à l'étude

Comment fonctionnent les tests de détection des coronavirus ?

COMMENT FONCTIONNENT LES TESTS DE DÉTECTION DES CORONAVIRUS ?

COMMENT FONCTIONNENT LES TESTS ACTUELS ?

- Un prélèvement est effectué à l'intérieur du nez ou à l'arrière de la gorge d'un patient. Cet échantillon est ensuite envoyé à un laboratoire pour être testé.
- L'ARN du virus est extrait et purifié. Une enzyme, la transcriptase inverse, convertit l'ARN en ADN.
- L'ADN est mélangé à des amorces, des sections d'ADN conçues pour se fixer à des parties caractéristiques de l'ADN du virus. En chauffant puis en refroidissant l'ADN de façon répétée avec ces amorces et une enzyme de construction de l'ADN, on obtient des millions de copies de l'ADN du virus.
- Les molécules de colorants fluorescents se lient à l'ADN du virus lorsqu'il est copié. Cette liaison leur permet d'émettre plus de lumière, qui est utilisée pour confirmer la présence du virus dans l'échantillon.

PROBLÈMES LIÉS AUX TESTS

PROBLÈMES DE RÉACTIFS
La forte demande et les problèmes liés aux réactifs ont retardé les tests dans certains pays.

CELA PREND DU TEMPS
Il faut quelques heures pour obtenir les résultats du test, ce qui limite le nombre de tests pouvant être effectués.

FAUX POSITIFS ET NÉGATIFS
Dans certains cas, la dégradation ou la contamination de l'échantillon peut affecter les résultats.

TESTS POSITIFS ET NÉGATIFS

La fluorescence augmente au fur et à mesure que des copies de l'ADN du virus sont produites. S'il franchit un certain seuil, le test est positif. Si le virus n'est pas présent, aucune copie de l'ADN n'est produite et le seuil n'est pas atteint. Dans ce cas, le test est négatif.

POSITIF

NÉGATIF

LES FUTURS TESTS

Les tests actuels sont bons pour diagnostiquer une infection, mais ils ne peuvent pas nous dire si quelqu'un l'a eue et s'en est remis. Les tests qui recherchent des anticorps contre le virus peuvent le faire.

ANTICORPS
Produits par le système immunitaire. Ils restent dans le sang pendant un certain temps après l'infection.

INFECTION → **NEUTRALISATION**

Des tests qui recherchent des protéines à la surface du virus sont également en cours de développement. Ces tests sont plus rapides, mais moins précis.

© Andy Brunning/Compound Interest 2020 - www.compoundchem.com | @compoundchem | Traduction: Mathieu E. Rebeaud.
Ce graphique est partagé sous une licence Creative Commons - Attribution - Pas d'utilisation commerciale - Pas de modification 4.0.

Biographie

[1] Site Internet de Inserm et les journaux inserm

[2] Wikipédia

[3] Avis du Conseil scientifique COVID-19, 12 janvier 2021 « ENTRE VACCINS ET VARIANTS : UNE COURSE CONTRE LA MONTRE »