



Observatoire des sciences sociales sur le Covid-19

Le Bulletin de l'Obss

N° 13 Janvier 2022

Sommaire

N° 13 janvier 2022

Editorial

Covid-19 : Un variant chasse-t-il l'autre ? **2**

Billets

De Delta à Omicron : pourquoi un variant chasse l'autre ? **3**

Omicron : les problèmes que pose un variant **9**

Surveiller variants en Afrique **14**

Les leçons des controverses **18**

Articles de presse

Réactions des pays africains face à Omicron **22**

Omicron déjà oublié en Afrique du sud ? **24**

Mieux vaut en rire

Covid Afrique pas de panique **26**

Les variants en lettres grecques **26**

Annonces

Appel à communications – Colloque AMADES 2022

Anthropologie et Covid. États, expériences et incertitudes en temps de pandémie

Marseille : 15, 16, 17 juin 2022

Source :

<https://amades.hypotheses.org/13868>

Un observatoire et son bulletin

Face à la situation exceptionnelle de la pandémie qui mobilise fortement les communautés scientifiques du monde entier, nous avons pensé que les sciences sociales pouvaient également apporter leur pierre à l'édifice pour la compréhension des pratiques sociales et politiques en lien avec la pandémie. Dans cette perspective, nous avons décidé de mettre en place un observatoire de veille et d'analyse des conséquences politico-sociales de la pandémie du Covid-19 dont l'objectif est d'informer, de stimuler la réflexion scientifique et d'éclairer le monde de la décision. Le bulletin de l'Obss témoigne de l'activité de cet observatoire. Conçu comme un outil participatif, ouvert au brassage dynamique d'idées et de réflexions en temps réel, il est animé conjointement par deux centres de recherche en sciences sociales au Congo, en l'occurrence le Laboratoire de recherche en sciences sociales économiques et politiques (LARSEP) et l'Observatoire de la Gouvernance (OG), en collaboration avec des chercheurs de l'Institut des Mondes Africains (IMAf) en France.

Édito

Covid-19 : Un variant chasse-t-il l'autre ?

Nous consacrons ce premier numéro de l'année 2022 à l'évolution du virus et à ses conséquences du point de vue des stratégies de lutte contre la pandémie. En effet, la vitesse d'évolution du virus qui cause la pandémie de Covid-19 (SARS-CoV-2) engage les scientifiques à une sorte « course aux armements » dans l'espoir de le stopper. Selon les virologues et les épidémiologistes, nous avons, malgré nous, sélectionné des phénotypes plus contagieux et plus virulents

Suite à la page 2

Édito

Covid-19 : Un variant chasse-t-il l'autre ?

Nous consacrons ce premier numéro de 2022 à l'évolution du virus et à ses conséquences du point de vue des stratégies de lutte contre la pandémie. En effet, la vitesse d'évolution du virus qui cause la pandémie de Covid-19 (SARS-CoV-2) engage les scientifiques à une sorte « course aux armements » dans l'espoir de le stopper. Selon les virologues et les épidémiologistes, nous avons, malgré nous, sélectionné des phénotypes plus contagieux et plus virulents (variants Alpha et Delta). On estime en moyenne que, le long d'une chaîne de transmission, deux mutations se fixent au hasard dans le génome du SARS-CoV-2 chaque mois. Ils soulignent que *chaque infection non évitée est une occasion pour le virus de muter et, potentiellement, d'engendrer un variant*. Fort heureusement, ces événements restent très rares, car la majorité des mutations sont délétères. Identifié pour la première fois au Botswana et en Afrique du Sud en novembre 2021, le variant Omicron s'est rapidement propagé partout sur la planète ce qui pose, une fois de plus, la question de la surveillance des variants. Heureusement, omicron semble entraîner moins de formes sévères que les précédents variants du SARS-CoV-2, en revanche, il est beaucoup plus transmissible.

En ce début de l'année 2022, nous sommes à deux ans après le déclenchement de la pandémie de Covid-19. Les scientifiques tentent de tirer les principales leçons des controverses sur ses origines qui occupent une place importante dans la médiatisation de la pandémie. Les hypothèses se sont multipliées, évoquant aussi bien le passage naturel à l'humain depuis une chauve-souris – avec ou sans hôte intermédiaire (pangolin, civette, vison, chien viverrin, etc.) – que l'échappement d'un laboratoire de virologie dans la ville chinoise de Wuhan. Les hypothèses, qui varient selon les disciplines, illustrent bien le processus de recherche en train de se faire ». Ainsi, Les écologues ont replacé l'émergence du Covid-19 dans le contexte de l'augmentation inquiétante des émergences de nouvelles maladies zoonotiques causées par les atteintes à l'environnement. D'autres ont alerté sur le rôle possible des élevages animaux (notamment de visons) comme réacteurs de sélection des agents infectieux. Quant aux biologistes moléculaires qui utilisent la transgénèse (insertion de gènes au sein de virus) comme outil de travail quotidien pour comprendre la fonction de gènes ou de protéines spécifiques des virus, ils se sont inquiétés du manque de transparence des travaux menés dans les laboratoires de Wuhan en Chine, ville présumée, à tort ou à raison, lieu d'émergence de la pandémie. Chacun voit donc « midi à sa porte », en émettant le souhait (très idéalisé) d'un meilleur comportement dans son domaine sociétal d'intérêt.

Actuellement, les regards sont bien rivés sur le nouveau variant Omicron, mais il est difficile de dire combien il existe de mutants d'intérêt au niveau mondial. Il est probable que plusieurs variants aient émergé sans ensuite percer. En effet, même avec un avantage sélectif, les premiers stades de propagation d'un variant sont gouvernés par le hasard. En tout état de cause, l'émergence du variant Omicron rappelle à tous la nécessité d'avoir une vision à long terme pour sortir de cette pandémie. Hormis les scientifiques, peu s'en préoccupent, car cela entre en contradiction avec l'immédiateté du temps politique et médiatique. Si elle est une actrice parmi d'autres, la recherche scientifique a un important rôle à jouer, du développement de traitements jusqu'à l'anticipation de l'évolution virale.

Deux mois après son apparition, le variant Omicron semble déjà loin des esprits en Afrique du Sud. Les contaminations ont diminué aussi vite qu'elles avaient grimpé, et les hôpitaux n'ont pas vécu l'engorgement des précédentes vagues.

Sur cette note positive, nous souhaitons à toutes et à tous une très bonne année 2022, sans covid, espérons-le.

Sylvie Ayimpam et Jacky Bouju

Billets



De Delta à Omicron : pourquoi un variant chasse l'autre ?

Découvert le 25 novembre dernier et déclaré « préoccupant » par l'OMS le lendemain, le variant Omicron (B.1.1.529) est suivi de près par de nombreuses équipes. Chercheurs au sein de l'unité « Maladies infectieuses et vecteurs : Écologie, Génétique, Évolution et Contrôle » (Université de Montpellier, CNRS, IRD), Mircea Sofonea, maître de conférences, et Samuel Alizon, directeur de recherche, spécialistes de l'épidémiologie et de l'évolution des maladies infectieuses, reviennent sur la dynamique des variants. Prépondérance de Delta, particularités d'Omicron... Explications en 10 points clés par les deux spécialistes.

Samuel Alizon et Mircea T. Sofonea

The Conversation : Pourquoi Delta a-t-il écrasé tous les autres variants du SARS-CoV-2 pendant des mois ?

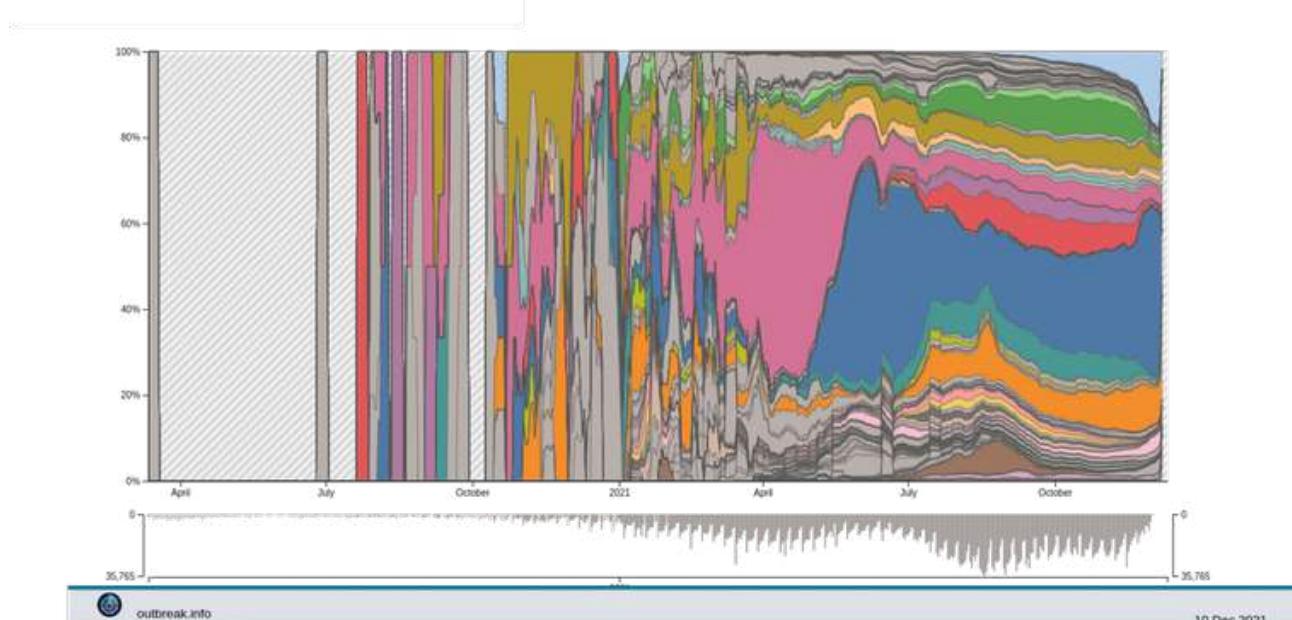
Samuel Alizon : Le variant Delta est assez « monstrueux ». Cela se voit par exemple au niveau des estimations du nombre de reproduction de base, R_0 (nombre moyen d'infections que cause une personne infectée, dans une population donnée). Notre équipe l'a évalué aux alentours de 3 dans un rapport de mars 2020 pour les lignées ancestrales, en France. Pour le variant Alpha, le R_0 était entre 4 et 5 ce qui explique son invasion rapide début 2021. Pour Delta, les estimations sont entre 6 et 8.

On pourrait presque parler d'un avantage « qualitatif » sur les autres variants, comme le signalent les études de terrain : si contrôler la propagation des lignées ancestrales revenait à stopper la propagation d'une grippe pandémique ($R_0 < 3$), avec Delta cela s'apparente plus à contrôler un virus comme la rubéole ($R_0 > 5$). Ce choc est particulièrement violent pour les populations peu vaccinées ou immunisées, comme on l'a vu cet été aux Antilles ou plus récemment en Europe de l'Est.

Mircea T. Sofonea : Parmi les virus respiratoires humains, seuls ceux des oreillons, de la varicelle et de la rougeole sont plus contagieux, avec des R_0 souvent estimés à plus de 10. Et plus un virus se propage vite, plus un autre variant qui n'est qu'un peu plus contagieux tardera à émerger.

C'est un résultat de biologie de l'évolution qu'illustre le modèle géométrique de Fisher qui date des années 1930. Schématiquement, il revient à considérer chaque mutation comme un déplacement aléatoire de proche en proche sur un paysage dont le relief représente la capacité du virus à se propager dans la population humaine. Par sélection naturelle, seuls les déplacements correspondant à une ascension sont conservés. Le modèle de Fisher suggère que cette ascension se fait de plus en plus lentement, car la probabilité qu'un déplacement aléatoire tombe sur un point plus élevé diminue avec la proximité du sommet du paysage, l'optimum adaptatif.

De fait, depuis juillet 2021, le nombre de variants n'a pas explosé et nous avons plutôt assisté à la diversification de la lignée du variant Delta en une centaine sous-lignées – dont certaines sont surveillées plus étroitement du fait des mutations d'intérêt qu'elles portent.



Proportion des sous-lignées du variant Delta dans le monde. Chaque sous-lignée est d'une couleur différente. L'histogramme en bas indique le nombre total de séquences de variant Delta. Delta Variant Report. Alaa Abdel Latif, Julia L. Mullen, Manar Alkuzweny, Ginger Tsueng, Marco Cano, Emily Haag, Jerry Zhou, Mark Zeller, Emory Hufbauer, Nate Matteson, Chunlei Wu, Kristian G. Andersen, Andrew I. Su, Karthik Gangavarapu, Laura D. Hughes

Sous-lignées du variant Delta

Proportion des sous-lignées du variant Delta dans le monde. Chaque sous-lignée est d'une couleur différente. L'histogramme en bas indique le nombre total de séquences de variant Delta. Delta Variant Report. Alaa Abdel Latif, Julia L. Mullen, Manar Alkuzweny, Ginger Tsueng, Marco Cano, Emily Haag, Jerry Zhou, Mark Zeller, Emory Hufbauer, Nate Matteson, Chunlei Wu, Kristian G. Andersen, Andrew I. Su, Karthik Gangavarapu, Laura D. Hughes

T.C. : *Delta peut-il conserver « indéfiniment » cet avantage ?*

S.A. : Plus les populations s'immunisent, que ce soit par la vaccination ou, malheureusement, par les infections elles-mêmes, plus l'avantage de Delta s'amenuise. En effet, on sait aujourd'hui que d'autres variants échappent mieux que lui à l'immunité. L'hypothèse la plus commune est donc que Delta soit finalement remplacé par des lignées capables d'infecter des hôtes immunisés. Pour le moment,

le variant Beta est celui pour lequel les tests en laboratoire détectent le plus d'échappement immunitaire.

Des expériences avec des protéines virales de synthèse permettent d'anticiper quelles mutations, ou quelles combinaisons de mutations, sont les plus à surveiller.

T.C. : Vous souligniez précédemment qu'« il faut savoir à quel point le variant Delta est maintenant adapté à nous ». Qu'en est-il ?

S.A. : Avec une contagiosité deux fois plus élevée que les lignées initiales, le variant Delta est sans conteste adapté à court terme à notre espèce. Sur le long terme, c'est moins sûr : cela dépendra de la durée de notre immunité contre l'infection, et des coûts associés à l'échappement immunitaire pour lui. En effet, on sait que certaines mutations permettent au virus d'échapper aux anticorps de patients guéris ou de personnes vaccinées... mais on ne sait pas à quel point ces virus mutés sont contagieux.

M.T.S. : Il est important de garder à l'esprit que la notion d'adaptation, particulièrement dans le cas d'une maladie virale émergente, est relative : le paysage adaptatif évoqué plus tôt est en réalité animé de mouvements comparables à la houle. L'évolution du SARS-CoV-2 illustre bien l'image de la « course aux armements » à laquelle nous nous livrons avec lui : pour le moment nous avons, malgré nous, sélectionné des phénotypes plus contagieux et plus virulents (variants Alpha, Delta). Désormais les regards se portent sur les variants susceptibles de contourner notre deuxième filtre protecteur, que représente l'immunité (post-vaccinale et post-infectieuse).

T.C. : D'où pourrait provenir un nouveau variant ?

M.T.S. : Un variant apparaît comme n'importe quel mutant, au hasard. Chacune des près de 30 000 bases (lettres) du génome du SARS-CoV-2 mute en moyenne tous les 300 000 cycles de division, et une infection peut produire plusieurs milliards de particules virales. Au bout du compte, la grande majorité des individus infectés peut transmettre des virus différents de ceux qui l'ont contaminé. On estime en moyenne que, le long d'une chaîne de transmission, deux mutations se fixent au hasard dans le génome du SARS-CoV-2 chaque mois.

Un mutant particulier est considéré comme un variant s'il présente des changements remarquables d'une ou plusieurs caractéristiques d'intérêt (contagiosité, virulence, échappement immunitaire, symptomatologie ou résistance aux antiviraux). L'émergence d'un variant correspond souvent à bond mutationnel, avec des vitesses évolutives 2 à 4 fois plus élevées.

Au final, chaque infection non évitée est une occasion pour le virus de muter et, potentiellement, d'engendrer un variant. Fort heureusement, ces événements restent très rares, car la majorité des mutations sont délétères.

C'est la population dans laquelle le virus circule qui détermine quelles mutations lui seront, dans ce contexte donné, avantageuses (on dit que les pressions de sélection diffèrent) : si cette population n'est pas du tout immunisée, les lignées les plus contagieuses sont favorisées ; si elle est immunisée, alors les lignées capables d'échapper à cette immunité se propagent davantage.

S.A. : À cela, on peut rajouter le cas des infections chroniques, notamment chez des personnes immunodéprimées. Dans ce cas, le niveau de sélection « intra-patient » se rajoute au niveau de sélection populationnelle. Or il a été montré qu'au cours d'une infection de plusieurs mois, le système immunitaire sélectionne des virus de SARS-CoV-2 ayant des mutations qui ont été retrouvées chez des variants.

En théorie, ce résultat n'est pas automatique et, pour le virus de l'immunodéficience humaine (VIH) par exemple, on pense que l'adaptation intra-patient se fait au détriment de la propagation dans la population. En tout cas, ce résultat fait que la co-circulation du VIH et du SARS-CoV-2 dans des

populations non vaccinées comme en Afrique subsaharienne est un enjeu sanitaire majeur, ainsi que cela a déjà été signalé lors de l'évolution du variant Gamma.

T.C. : Que peut-on dire plus précisément de l'origine d'Omicron ?

S.A. : Le nouveau variant Omicron a été identifié en Afrique du Sud (et au Botswana, ndlr), mais il n'est a priori pas apparu là-bas. Ce pays l'a détecté grâce à la qualité de son suivi épidémiologique et génomique. À ce sujet, la réaction de rejet de ce pays de la part de la communauté internationale est problématique, car risque de décourager les efforts de surveillance.

Si l'origine exacte de ce variant est pour le moment inconnue, le plus vraisemblable est qu'il provienne d'une région d'Afrique où le suivi de l'épidémie est limité. En effet, il n'existe quasiment pas de séquences récentes de virus SARS-CoV-2 proches de celle d'Omicron : les analyses de génomes nous indiquent que son ancêtre commun avec les autres variant remonte à mi-2020 ! Cela signifie qu'il proviendrait de lignées qui ont circulé pendant plus d'un an sans être échantillonnées (ce qui est fort possible vu le faible investissement pour le suivi de l'épidémie dans beaucoup de pays d'Afrique).

On pourrait aussi envisager que le virus ait fait un passage par un réservoir animal, car certaines de ses mutations intriguent. On sait que le SARS-CoV-2 peut infecter des mammifères et, dans certains cas, comme dans les élevages de visons, il existe des cas de retours dans la population humaine. Mais pour Omicron, on ne dispose encore que de très peu de données pour explorer cette hypothèse.

T.C. : L'expression de « saut évolutif » a été employée pour certains variants. Qu'est-ce que cela veut dire ?

S.A. : On touche là à un vieux débat en biologie de l'évolution entre les partisans du « gradualisme », que l'on peut faire remonter à Charles Darwin, et ceux des « équilibres ponctués » (les sauts), popularisés par Niles Eldredge et Stephen Jay Gould. La vérité emprunte aux deux et la pandémie actuelle en offre un bon exemple.

On sait que le SARS-CoV-2 accumule naturellement des mutations génétiques à une vitesse assez régulière, et c'est ce qui nous permet de le suivre à la trace dans les études de phylodynamique. Mais l'évolution des variants se traduit aussi par des changements étendus dans le génome, ou « balayages sélectifs » où une mutation bénéfique (et les séquences associées) se fixe : avec d'abord la mutation D614G (au tout début de la pandémie, le 614e acide aminé de la protéine Spike était habituellement un acide aspartique - « D » dans la nomenclature spécialisée ; il est ici remplacé par une glycine, « G », ndlr), puis avec le variant Alpha (les variants Beta et Gamma sont restés minoritaires au niveau mondial) et ensuite le variant Delta.

Donc selon l'échelle à laquelle vous regardez (le mois ou l'année) et les critères que vous utilisez (les mutations neutres ou celles dites phénotypiques affectant les propriétés biologiques telle la contagiosité), vous aurez une vision de continuité ou de sauts.

T.C. : Et comment interpréter Omicron, qui présente 53 mutations dont une trentaine sur la seule protéine Spike ?

S.A. : Pour le moment on n'en sait que peu de choses d'Omicron mais, effectivement, son profil mutationnel interpelle. Comme l'analysent l'expert en évolution virale sud-africain Darren Martin et ses collaborateurs, on peut classer ces mutations en trois groupes :

D'une part, il y a toutes les mutations et délétions qui tournent autour de la mutation N501Y dans la protéine Spike ($\Delta 69-70$, K417N, N501Y, H655Y, P681H). Cette dernière a déjà été décrite comme modifiant profondément le paysage adaptatif du virus, c'est-à-dire le champ de ses possibles.

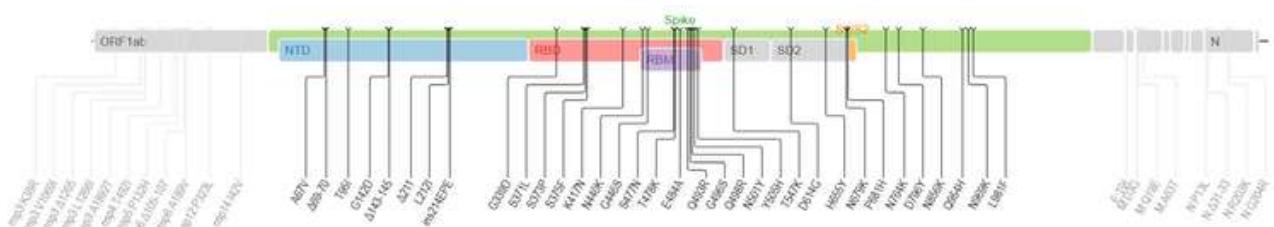
Ensuite, toujours dans la Spike, il existe un second ensemble de mutations à des positions déjà mutées chez d'autres variants, par exemple en position 484 (N440S, S477I ou E484A). On s'attend à ce

qu'elles aient un effet sur le phénotype des infections, par exemple leur contagiosité, leur virulence ou leur capacité d'échappement à la réponse immunitaire.

Enfin, il existe un ensemble de 14 mutations qui sont très peu présentes dans les lignées circulant, et même quasi absentes des autres sarbecovirus connus (sous-genre de bétacoronavirus regroupant les coronavirus liés au syndrome respiratoire aigu sévère, dont le SARS-CoV-2, ndlr). De plus, individuellement, ces mutations semblent contre-sélectionnées. Leur présence est donc actuellement une énigme, car le variant semble bien adapté à notre espèce. Une possibilité est qu'il existe un effet collectif de ces mutations ou une interaction avec d'autres mutations (telles que la N501Y) selon un phénomène d'épistasie, courant en génétique des populations : même si deux mutations A et B sont délétères isolément, leur présence conjointe peut être avantageuse.

À noter que l'on distingue déjà deux sous-lignées d'Omicron. Elles sont notées BA.1 et BA.2, et n'ont pas toutes les deux les mêmes mutations clés.

Séquence génétique d'Omicron et localisation des mutations



La lecture du génome du variant Omicron a révélé la présence de nombreuses mutations, dont la majorité concerne la protéine Spike. (Mullen J, Tsueng G, et int., and tCfVS/<https://covdb.stanford.edu/page/mutation-viewer/#omicron/Wikimedia>, CC BY-SA)

T.C. : Quels autres signaux seraient inquiétants, à part ces mutations ?

M.T.S. : Le point le plus frappant est qu'Omicron est associé à une reprise épidémique très forte en Afrique du Sud, juste après la vague de variant Delta. Sur cela, il faut préciser qu'il est très délicat d'appréhender les contextes nationaux. Par exemple, notre équipe déploie beaucoup d'efforts pour comprendre l'épidémie en France. Par conséquent, pour juger de la gravité de la situation épidémique dans un pays, le mieux est de s'en remettre aux épidémiologistes et agences sanitaires de ce pays... Et dans le cas de l'Afrique du Sud, ces spécialistes sont inquiets.

Plusieurs expériences consistant à soumettre le virus à des anticorps issus de personnes vaccinées ou guéries sont en cours. Aucune n'est encore publiée donc il est difficile de tirer des conclusions, d'autant que les résultats préliminaires sont assez divergents entre études – voire au sein de certaines études... Il faut garder à l'esprit que ces expériences indiquent une tendance générale et ne capturent pas la diversité de la réponse immunitaire. Au final, ce seront les analyses statistiques des études épidémiologiques qui seront les plus utiles. De ce côté, une première étude de terrain suggère une capacité du virus à causer plus de réinfections que les autres lignées. Autrement dit, la croissance rapide d'Omicron pourrait s'expliquer plus par sa capacité à contourner les réponses immunitaires que par son Ro.

T.C. : Quelle peut-être la diffusion réelle d'Omicron au niveau mondial ?

S.A. : Omicron a déjà été détecté à bas bruit dans des dizaines de pays, dont la France. Une telle répartition fait penser à ce qu'on appelle une dynamique « source-puits » en écologie scientifique : on aurait une région du monde où ce virus est majoritaire et un phénomène de dispersion en cours.

Dans plusieurs pays qui ont un bon suivi de leur épidémie, Royaume-Uni et Danemark notamment, on distingue déjà une croissance très rapide des tests cohérents avec ce variant. En effet, comme il

comporte une délétion en position 69-70 de la Spike, un des tests de dépistage qui comporte 3 cibles dans le génome rend des tests positifs avec 2 des 3 cibles présentes.

M.T.S. : En France, les données de criblage, qui consistent à chercher des mutations particulières, permettent d'avoir une idée quasiment en temps réel de la propagation d'un groupe de génotypes. L'avantage est que cette technique est moins coûteuse et plus rapide que le séquençage complet des génomes. Seul celui-ci permet toutefois d'identifier avec certitude le variant.

T.C. : A-t-on une idée du nombre de variants (d'intérêt ou préoccupants) qui ont pu apparaître sans être repérés ?

S.A. : Les regards sont évidemment actuellement rivés sur le nouveau variant Omicron, mais il est difficile de dire combien il existe de mutants d'intérêt au niveau planétaire. Il est assez vraisemblable que plusieurs aient émergé sans ensuite percer. En effet, même avec un avantage sélectif, les premiers stades de propagation d'un variant sont gouvernés par le hasard.

M.T.S. : Dans un modèle simpliste, la probabilité d'extinction d'une épidémie est de $1/R_0$. En première approximation, avec un R_0 de 3, dans 33 % des cas les chaînes de transmission s'éteignent spontanément. Ainsi, plusieurs introductions du SARS-CoV-2 en France ont pu avoir eu lieu et la quête d'identification d'un cas index est discutable.

C'est aussi pour cela qu'il est possible qu'il y ait eu plusieurs émergences de variants dont les chaînes de transmission se soient éteintes d'elles-mêmes. En effet, les événements de super-propagation (à la faveur de rassemblement sans gestes barrières, etc.) jouent un rôle clé dans la propagation de ce virus, l'essentiel des transmissions étant le fait d'une minorité de cas.

T.C. : Quels sont les autres variants actuels les plus surveillés ?

S.A. : En France, on surveille avec attention la lignée B.1.640, détectée pour la première fois en mars 2021, notamment en République Démocratique du Congo ; elle n'est pas répertoriée comme variant d'intérêt par l'OMS mais semble se propager assez vite. Notre équipe a aussi identifié une circulation de variants Delta portant au moins deux mutations associées à de l'échappement immunitaire dans la protéine Spike (la T95I et la E484Q). Pour le moment, leur circulation reste limitée. En tout cas, l'émergence du variant Omicron nous rappelle la nécessité d'avoir une vision à long terme pour sortir de cette pandémie. À part le conseil scientifique, peu s'en préoccupent, car cela entre en contradiction avec l'immédiateté du temps politique et médiatique. Si elle est une actrice parmi d'autres, la recherche scientifique a un important rôle à jouer, du développement de traitements jusqu'à l'anticipation de l'évolution virale.

Malheureusement, elle s'inscrit sur le temps long ce qui la rend peu attractive pour les politiques... et elle fait les frais d'une inculture scientifique qui traverse presque tous les milieux de la société française. Avec les récentes suppressions des cours de biologie ou de physique-chimie pour la majorité des lycéennes et lycéens, les croyances aux solutions miraculeuses risquent encore d'empirer.

12 décembre 2021

Samuel Alizon, Directeur de Recherche au CNRS, Institut de recherche pour le développement (IRD) Mircea T. Sofonea, Maître de conférences en épidémiologie et évolution des maladies infectieuses, laboratoire MIVEGEC, Université de Montpellier

Omicron : les problèmes que pose un variant trois fois moins sévère, mais deux fois plus transmissible

Identifié pour la première fois au Botswana et en Afrique du Sud en novembre 2021, le variant Omicron s'est rapidement propagé partout sur la planète. S'il semble entraîner moins de formes sévères que les précédents variants du SARS-CoV-2, il est beaucoup plus transmissible, ce qui fait peser un risque important sur les hôpitaux. Épidémiologiste et biostatisticien à l'École des Hautes Études en Santé Publique, Pascal Crépey nous explique pourquoi, et fait le point sur la situation française.

Pascal Crépey

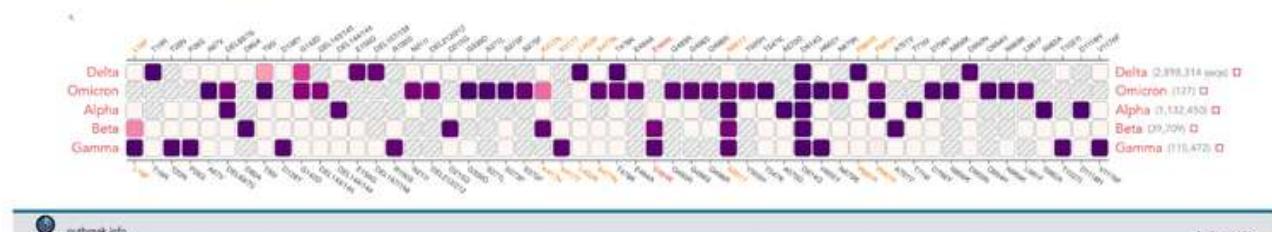
The Conversation : Sait-on précisément où en est la propagation d'Omicron dans notre pays ? A-t-on assez de données pour suivre efficacement sa dissémination ?

Pascal Crépey : Aujourd'hui, nous avons une vision assez précise de la dynamique de ce variant sur le territoire. Mais cela n'a malheureusement pas toujours été le cas ces dernières semaines. En effet, identifier un variant peut se faire de deux façons, soit en lisant totalement sa séquence d'ARN (c'est le séquençage), soit en la passant, littéralement, au "crible" (on parle de criblage), c'est-à-dire en recherchant un certain nombre de mutations prédéfinies, dont l'absence ou la présence vont permettre de catégoriser ce variant sans avoir à le séquencer. Cette dernière approche est plus rapide, le résultat est obtenu en quelques heures, mais a des limites, puisqu'elle se focalise sur des quelques mutations déjà connues.

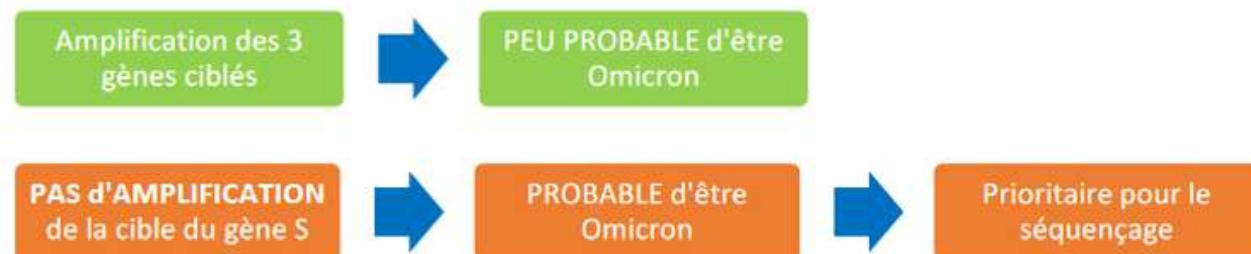
C'est de cette façon qu'on avait pu suivre le variant Alpha : son profil était différent de celui de la souche historique. Dans le cas d'Omicron, la situation était similaire, jusqu'à ce qu'on s'aperçoive qu'une nouvelle version de ce variant avait émergé, acquérant une mutation qui brouillait les pistes, car elle faisait ressembler son profil avec celui du variant précédent. En effet, Delta peut acquérir certaines mutations d'Omicron et vice-versa.

Profil de mutations des VOC (source : Outbreak.info, 01 Décembre 2021)

Mutations by lineage



Profils de criblages des différents variants. <https://www.afro.who.int>



<https://www.afro.who.int>

Le risque était qu'une partie des variants Omicron circulants passent sous les radars. Pour renforcer le système de détection la direction générale de la santé (DGS) a donc décidé mi-décembre de mettre à jour le système afin que les laboratoires d'analyse intègrent des marqueurs plus spécifiques d'Omicron. Mais ce genre d'adaptation prend du temps, car tous les laboratoires qui participent doivent modifier leurs protocoles, leurs logiciels, mettre en place des contrôles qualité... En outre, le grand nombre de tests pratiqués en ce moment a compliqué encore un peu plus les choses, en engorgeant les laboratoires.

Quoi qu'il en soit, selon le bulletin épidémiologique hebdomadaire de Santé Publique France du 13 janvier, durant la première semaine de 2022, « 89 % des tests criblés montraient un profil compatible avec le variant Omicron ». Comme pour le reste de l'Europe, en France ce variant aura remplacé le précédent en quelques semaines.

TC : Omicron se répand donc beaucoup plus rapidement que les variants précédents...

PC : Effectivement. Alors que le nombre de reproduction initial (R_0) du variant historique était situé autour de 2,5, le variant Alpha avait un R_0 de 80 % supérieur, situé autour de 4. Le variant Delta était lui-même encore plus transmissible, avec un R_0 compris entre 6 et 8. Or, le variant Omicron pourrait être jusqu'à 100 % plus transmissible, ce qui signifie son R_0 se situerait autour de 12 ou 15.

Ce virus fait donc désormais partie des plus contagieux que l'on connaisse : le seul autre équivalent connu avec un tel R_0 est le virus de la rougeole, qui se propage lui aussi par aérosol. Le point positif est que, puisqu'on ne connaît pas d'autre virus avec des R_0 plus élevés, on peut espérer qu'Omicron n'a plus vraiment de marge de progression en termes de transmissibilité...

(Le nombre de reproduction R , correspond au nombre moyen de personnes contaminées par chaque personne infectée, à un instant donné. On distingue le nombre de reproduction initial, R_0 (au moment où l'agent pathogène est introduit au sein d'une population dans laquelle l'ensemble des individus sont susceptibles d'être infectés, sans mesure de contrôle) du nombre de reproduction effectif R_t , calculé ensuite. R_t est généralement inférieur à R_0 , car la proportion de sujets non immunisés à tendance à diminuer et en raison de la mise en place de mesures préventives, ndlr)

TC : Le virus semble provoquer moins de formes graves. Est-ce un fait acquis ? Cette moindre sévérité pourrait-elle compenser l'avantage en transmissibilité et alléger le fardeau hospitalier ?

PC : D'après les dernières données britanniques, la sévérité d'Omicron serait 30 à 50 % de celle de Delta. Cela est aussi confirmé par les données américaines. Ce qui nous ramène à un niveau qui est, au maximum, de l'ordre de la sévérité du variant historique, responsable de la première vague, voire qui pourrait s'avérer moitié moins sévère que ce variant.

Au point de vue individuel, il vaut donc certainement mieux être infecté par le variant Omicron que par l'un des précédents variants, car le risque de développer une forme grave est moins élevé. Mais d'un point de vue collectif, le problème est tout autre : étant donné que sa capacité à se transmettre est très importante, Omicron va infecter beaucoup plus de personnes que ses prédecesseurs. Donc globalement, il risque d'être responsable de davantage de formes sévères, de plus d'hospitalisations, de plus d'entrées en réanimation et donc de plus de morts que les autres variants.

Ce paradoxe apparent complique probablement la compréhension de la dynamique épidémique d'un grand nombre de personnes, politiques et médecins inclus.

TC : On a beaucoup discuté de la fermeture des écoles. Jouent-elles un rôle important dans cette vague ? Omicron touche-t-il davantage les enfants ?

PC : Pour l'instant, l'augmentation d'incidence observée chez les enfants, qui s'accompagne d'une augmentation des hospitalisations pédiatriques, n'a rien de surprenant. Il s'agit en effet de la partie de la population qui est la moins protégée, et qui a néanmoins des contacts sociaux. Mécaniquement, s'il y a plus d'infections, le risque d'observer des hospitalisations augmente, même si le risque "individuel" pour un enfant de faire une forme grave reste très faible.

Concernant le rôle des écoles dans la dynamique épidémique : certes, elles jouent un rôle dans la propagation du virus, mais on constate que pour cette vague, l'augmentation des contaminations s'est produite pendant les vacances de Noël, alors que les établissements scolaires étaient fermés. Omicron se transmettant beaucoup plus, il n'a plus vraiment besoin des écoles pour diffuser. En outre, les écoles sont le miroir de ce qui se passe dans les foyers : il est difficile de savoir si les plus jeunes se contaminent chez eux ou en milieu scolaire. Donc oui, fermer les écoles pourrait éviter des contaminations, mais cette mesure ne suffirait certainement pas, à elle seule, à bloquer l'épidémie.

TC : Les contaminations atteignent des niveaux record. Pour quand est attendu le pic de cette vague ? Quelles risquent d'être les conséquences pour l'hôpital ?

PC : Ce que l'on constate aujourd'hui, c'est que la dynamique de la maladie semble un peu différente de celle observée lors des vagues précédentes. Actuellement, les données hospitalières indiquent que les passages en services d'urgence se traduisent par un nombre d'hospitalisations plus faible que lors des vagues précédentes. Par ailleurs, ces hospitalisations entraînent pour l'instant moins d'admissions en réanimation, et les séjours ont aussi l'air d'être plus courts. Si cela se confirme, cela va forcément influer sur les lits disponibles, ce qui pourrait améliorer notre capacité à absorber la vague Omicron.

Mais on attend encore des données plus précises, car même si ces chiffres semblent encourageants, il reste encore trop d'inconnues pour être tout à fait rassuré, notamment parce que les travaux que nous avons menés avec Simon Cauchemez, de l'Institut Pasteur, ont mis en évidence un effet « cascade d'âge » durant les vagues épidémiques.

Au début d'une vague, ce sont d'abord les personnes les plus jeunes qui sont infectées, parce qu'elles ont plus de contacts sociaux que les autres classes d'âge. L'épidémie se propage ensuite de proche en proche, en remontant la pyramide des âges. Donc en début de vague, les personnes touchées sont forcément plus jeunes, ce qui signifie que le fardeau hospitalier est moins lourd. C'est ce que l'on observe à présent. Il est à craindre que, dans les semaines à venir, lorsque le virus touchera les personnes plus âgées, la situation se détériore. Reste à voir dans quelles proportions. Nous en saurons plus entre mi- et fin janvier, car c'est à cette période qu'est attendu le pic des contaminations.

Il faut aussi souligner que les situations sont très hétérogènes d'une région à l'autre. Dans certains endroits, comme en PACA, le fardeau hospitalier est déjà très lourd, tandis qu'ailleurs, comme dans l'Ouest, le contexte est plus favorable. De multiples facteurs expliquent ces disparités : climatiques, structurels, culturels, comportementaux... On sait notamment que les facteurs socio-économiques sont importants, ils influent à la fois sur le risque d'infection et sur la gravité de la maladie.

Il existe un lien entre le niveau de vie des populations et leur santé, moins bonne chez les plus pauvres. On sait aussi que la couverture vaccinale et le niveau d'éducation sont corrélés : plus la population a un niveau d'éducation élevée, plus la couverture vaccinale est importante. Cela se traduit par des écarts qui peuvent aller jusqu'à plus de 10 % d'une région à l'autre (83 % de la population a reçu une première dose dans le Finistère contre 70 % dans les Bouches du Rhône, par exemple).

TC : Justement, quel rôle joue la vaccination ?

PC : Il existe des preuves claires que la vaccination est très efficace pour limiter le risque de survenue de formes graves. La stratégie vaccinale en place, et notamment l'administration d'une troisième dose, devrait donc nous permettre d'atténuer très largement la vague d'hospitalisation à venir.

Cela a déjà des conséquences sur les admissions en réanimation, qui pour l'instant sont encore davantage liées au variant Delta qu'au variant Omicron. La troisième dose influe sur les deux variants, et la plus grande sévérité de Delta qui explique qu'il provoque plus d'hospitalisations. Reste à voir ce qui va se passer à mesure que la vague d'Omicron progresse.

On entend beaucoup parler de l'absence d'efficacité des vaccins contre la transmission. Or, on a tendance à confondre deux concepts distincts : transmission et excrétion. C'est vrai, une personne vaccinée, si elle est infectée, transmettra quasiment autant qu'une personne non-vaccinée. Cependant, son risque d'être infecté est réduit (de 80 % juste après la 2e ou 3e dose, à 50 % quelques mois plus tard). Et le meilleur moyen de ne pas transmettre est bien de ne pas être infecté !

Malheureusement, cette protection contre l'infection n'est pas durable, car elle dépend des anticorps neutralisants produits juste après la vaccination et qui disparaissent en quelques mois. On constate néanmoins qu'après une troisième dose, l'efficacité contre l'infection à Omicron est similaire à celle que l'on observait contre Delta après la deuxième dose.

TC : L'immunité collective est-elle désormais une chimère ?

PC : Non, l'immunité collective n'est pas du tout une chimère : nous l'avons déjà atteinte quatre fois, à chaque fois que nous avons passé le sommet d'une vague !

Il faut bien comprendre ce qu'est l'immunité collective : il s'agit du niveau d'immunité qui permet de faire passer le nombre de reproduction effectif en dessous de 1, donc d'entamer la phase décroissante de l'épidémie. Selon les projections, le pic de contaminations par Omicron pourrait survenir entre mi- et fin janvier : à ce moment-là, grâce à la vaccination et en raison des infections qui seront survenues, on aura atteint un niveau d'immunité dans la population qui permettra de casser le processus de croissance exponentielle de l'épidémie.

Mais l'immunité collective est temporaire : l'immunité individuelle baisse dans le temps et un nouveau variant pourrait lui échapper. C'est la raison pour laquelle il est illusoire de penser que laisser circuler le virus est une solution ! Premièrement, un tel laisser-aller a un coût humain important. Ensuite, plus le virus se réplique, plus il y a de variabilité génétique, et plus on augmente le risque d'émergence d'un variant qui aurait acquis des fonctions d'échappement immunitaire pouvant nous poser problème. C'est d'autant plus inquiétant qu'étant donné que les capacités de propagation d'Omicron sont maximales, son remplaçant potentiel devra avoir un autre avantage évolutif, qui pourrait justement être la capacité d'échapper à l'immunité.

On sait que les virus ne restent généralement pas bloqués très longtemps face à de tels obstacles, ils les contournent, comme les cours d'eau contournent les piles des ponts... Mieux vaut donc rester vigilant et se dire qu'il y a toujours un intérêt à diminuer la circulation virale.

TC : Ce qui pose à nouveau la question de l'immunité vaccinale au niveau mondial ?

PC : Je pense que, malheureusement, la vaccination au niveau global dans un but d'éradication du virus n'est plus vraiment une option. Il faudrait en effet atteindre des niveaux de vaccination qui sont déjà difficilement atteignables en France ou en Europe, en raison notamment de l'hésitation vaccinale, alors même que ces pays payent déjà l'un des fardeaux épidémiques les plus importants...

Il est plus probable que l'on se dirige vers un scénario de type grippe, qui nécessitera une surveillance annuelle, et un regain de vigueur de l'épidémie en hiver, après une accalmie qui s'étendra de mai à septembre.

Pascal Crépey

Professeur, département Méthodes quantitatives en santé publique (METIS), EA 7449 REPERES, École des hautes études en santé publique (EHESP)



Pour promouvoir la vaccination, de nombreuses personnalités sénégalaises, comme ici le ministre Ablaye Diouf Sarr (en février 2021), ont reçu leur dose devant les médias. Seyllou / AFP

En Afrique, pour mieux surveiller les variants, il faut séquencer davantage

Alpha Kabinet Keita, Dramane Kania et Richard Njouom

La rapide propagation du variant Omicron, identifié pour la première fois en Afrique du Sud et au Botswana, pose, une fois de plus, la question de la surveillance des variants. Alpha Keita, virologue à l'IRD et directeur adjoint du Cerfig (Centre de recherche et formation en infectiologie de Guinée), Dramane Kania, pharmacien virologue au Centre Muraz de l'Institut national de Santé publique du Burkina Faso, et Richard Njouom, Chef du Service de Virologie au Centre Pasteur du Cameroun à Yaoundé, font le point sur la situation de l'épidémie de Covid-19 en Afrique, et reviennent sur les enjeux liés au séquençage.

The Conversation : Où en est la situation de l'épidémie en Afrique ? Que sait-on de la circulation du virus aujourd'hui ?

Dramane Kania : Si l'on compare la situation sur le continent africain à celle observée sur les autres continents, l'impact de la pandémie semble moins important : le nombre de cas enregistrés y est plus faible, tout comme le nombre de décès.

Cependant, il ne faut pas tirer de conclusion hâtive : ces apparences sont probablement trompeuses, et en réalité la circulation du virus est certainement plus importante que ne l'indiquent ces chiffres. Ce décalage s'explique par des problématiques spécifiques au continent africain : dans de nombreux pays, les capacités de diagnostic sont limitées et les données manquent, même si des projets comme APHRO-COV et d'autres initiatives ont permis de renforcer les capacités diagnostiques dans plusieurs pays. De plus, une large partie de la population n'a pas forcément l'habitude de se référer aux structures de soins en cas de problème de santé. Pour ces raisons, le nombre de cas réels de Covid-19 est donc très certainement sous-estimé.

Cette hypothèse est corroborée par le fait que, dans les pays qui disposent de davantage de moyens et où le diagnostic peut donc se faire de façon plus routinière (comme en Afrique du Sud, ou dans les pays du Maghreb), le nombre de cas rapportés est plus important. En Afrique de l'Ouest, au contraire, l'existence d'une sous-estimation a été confirmée par des études de séroprévalence, qui détectent les anticorps produits après une infection par le virus. Ces travaux ont montré que dans certains endroits, plus de la moitié de la population a été exposée au SARS-CoV-2 au cours des derniers mois.

Alpha Keita : Au 2 janvier en Afrique, on décomptait plus de 9,5 millions de cas et non loin de 230 000 décès. C'est moins que sur d'autres continents, mais on constate qu'il existe de grandes disparités d'un pays à l'autre : la plupart des décès enregistrés le sont dans les pays dont les systèmes de santé sont les plus performants, et qui sont capables de collecter correctement les données en lien avec l'épidémie. Cela accrédite l'hypothèse d'une sous-notification des cas.

Dans le cadre du projet Ariacov, qui appuyait la riposte africaine dans la lutte contre le coronavirus, nous avons mené en Guinée une étude sérologique sur des échantillons prélevés parmi la population de la capitale, Conakry. Ces travaux, qui ont consisté en trois enquêtes réalisées à quelques mois d'intervalle, ont révélé qu'en décembre 2020, 17 % de la population de Conakry avaient été en contact avec le virus. Fin février – début mars, ce chiffre était passé à plus 30 % de la population. En juin – juillet, il atteignait quasiment 50 %.

Ces résultats indiquent clairement que le nombre de cas est sous-estimé. Le nombre des décès l'est également, car seuls sont comptabilisés ceux qui surviennent dans les hôpitaux et les centres affiliés au CHU. En définitive, certes la pandémie n'a pas été l'hécatombe attendue, mais il faut bien comprendre que les nombres de cas et de décès ont été sous-évalués.

Richard Njouom : Au Cameroun la situation de l'épidémie de Covid-19 est identique à celle des autres pays d'Afrique subsaharienne : le nombre de cas confirmés d'infections par le SARS-CoV-2 y est faible, tout comme le nombre de décès qui sont attribués au virus, probablement en raison d'une sous-estimation.

Afin de mieux saisir l'impact de la pandémie de Covid-19 et de suivre l'évolution du SARS-CoV-2 sur le continent africain, nous avons lancé dès le printemps 2020 un programme de recherche collaboratif appelé REPAIR avec l'ensemble des instituts africains membres du Pasteur Network. Ces travaux touchent à divers domaines : développement et évaluation des performances de tests diagnostiques (au Centre Pasteur du Cameroun, nous avons développé un test colorimétrique simple d'utilisation, actuellement en cours d'évaluation sur le terrain et dans les autres instituts du Pasteur Network), études d'épidémiologie moléculaire du virus, modélisation mathématique de sa diffusion... Des enquêtes de séroprévalence du SARS-CoV-2 ont également été conduites au sein de plusieurs populations « sentinelles », telles que les personnels de santé et les donneurs de sang.

TC : Cette circulation du SARS-CoV-2 peut-elle favoriser l'émergence de variants ?

DK : Ce que nous dit la théorie c'est qu'effectivement, plus un virus circule, plus le risque d'émergence de variants est important. En effet, lorsqu'un virus se multiplie dans une cellule infectée, il recopie son matériel génétique d'innombrables fois. Ce faisant, il peut commettre des erreurs, les mutations. Certaines de ces mutations sont délétères, et les virus qui les portent s'éteignent ; d'autres sont réparées ; d'autres enfin persistent.

Toute la question est de savoir si ces changements qui surviennent dans le génome (qui est en quelque sorte le « plan de construction des particules virales », ndlr) vont se traduire par des changements au niveau de la structure du virus, et si tel est le cas, quelles vont en être les conséquences : vont-ils modifier sa transmissibilité ? Sa virulence ? D'autres caractéristiques ?

Pour pouvoir détecter cela, il faut disposer d'un bon système de suivi ou de surveillance, basé notamment sur d'importantes capacités de séquençage. Malheureusement, en Afrique, la majorité des

laboratoires n'ont pas les capacités techniques requises. Dans la plupart des cas, on ne peut aller au-delà des tests diagnostiques, qui ne font que détecter la présence du virus ou confirmer son absence.

S'il est parfois possible de séquencer le génome des virus provenant d'échantillons testés positifs, cela ne peut se faire que ponctuellement, et parfois seulement 3 ou 4 mois après le prélèvement des échantillons. La capacité à faire du suivi en temps réel des variants est très insuffisante ; pour cette raison, notre vision de l'évolution de l'épidémie et du nombre de variants circulant réellement sur le continent est certainement faussée.

Les pays qui sont capables de mettre en place ce type de surveillance détectent davantage de variants, ce qui explique probablement en partie le fait que l'Afrique du Sud a identifié au moins deux variants préoccupants sur son territoire depuis le début de la pandémie. Cela a permis aux autorités d'alerter la communauté internationale très tôt. Preuve de l'importance du séquençage, au centre Muraz de Bobo Dioulasso, partenaire de l'ANRS | Maladies infectieuses émergentes, nous avons pu détecter mi-décembre deux cas d'infections par le variant Omicron, ce qui signifie qu'il circule aussi au Burkina Faso.

TC : Concrètement, comment se fait la surveillance des variants ?

AK : Elle repose essentiellement sur la capacité des pays à séquencer les virus circulants. À l'heure actuelle, lorsqu'on regarde les contributions aux bases de données dans lesquelles les chercheurs déposent les séquences obtenues (comme la plate-forme GISAID par exemple), on constate que l'Afrique ne participe que très peu. La Guinée, par exemple, n'a déposé que 311 génomes sur GISAID depuis le 10 janvier 2020. (*sur la même période, l'Afrique du Sud en a déposé près de 25 000, la France 16 000, le Royaume-Uni près d'1,5 million et les États-Unis 1,9 million. La Chine en a déposé 1299, ndlr*). Pour améliorer la situation, le projet Afroscreen a été lancé. Financé par l'Agence Française de Développement (AFD) et coordonné par l'ANRS|Maladies infectieuses émergentes, en collaboration avec l'Institut Pasteur et l'IRD, il nous a notamment permis, en Guinée, de pratiquer le criblage d'échantillons en routine au cours des deux derniers mois. Cette approche consiste à rechercher, dans des échantillons testés positifs, les profils de mutation correspondant aux variants connus, répertoriés par l'Organisation mondiale de la Santé (OMS). Ce criblage est effectué sur des prélèvements provenant soit de patients hospitalisés dans l'un des trois grands centres de soins de la capitale, soit de personnes qui viennent spontanément se faire tester, soit de voyageurs. Les résultats peuvent être obtenus en quelques heures, ce qui permet de faire du suivi en temps réel.

Si efficace soit-il, le criblage a néanmoins des limites, puisqu'il est focalisé sur les variants déjà connus (variants d'intérêt ou variants préoccupants), dont les mutations ont déjà été identifiées. Les profils de mutation des variants non classés sont tous répertoriés comme « sauvages », ce qui n'apporte pas d'information complémentaire et ne permet pas de surveiller de façon exhaustive les variants qui émergent.

Seul le séquençage de génome complet peut permettre d'analyser en détail les mutations qui peuvent survenir dans les nouveaux variants, et de déterminer si elles peuvent être inquiétantes ou non, si l'on peut craindre qu'elles rendent le virus plus transmissible, ou lui permettent d'échapper à l'immunité – qu'elle soit naturelle ou conférée par les vaccins, etc.

Il faut donc renforcer ces capacités dans le plus grand nombre de pays possibles (pour pouvoir notamment comparer les données d'un pays à l'autre), ce qui est aussi l'objet du réseau Afroscreen.

RN : Le séquençage est effectivement essentiel pour étudier la diffusion du SARS-CoV-2 dans le temps et dans l'espace et traquer l'émergence de variants dangereux. Au Cameroun, nous avons pu renforcer nos capacités, tant au niveau matériel qu'en matière de formation des personnels. Nous avons ainsi pu mettre en place dès le mois de janvier 2021 une surveillance génomique qui s'est traduite par le séquençage de 116 génomes complets. Les résultats obtenus ont confirmé la circulation

des variants Alpha, Beta, Delta et Gamma dans le pays. Nous espérons que le réseau Afroscreen permettra de décupler cet effort.

L'autre intérêt de faire partie d'un réseau de cette taille, qui regroupe 13 pays africains, est le partage de connaissances et de données. Grâce à la publication des résultats obtenus dans la base de données ouverte GISAID, il sera possible de suivre et mieux comprendre la circulation dans la région.

TC : Concernant la vaccination, où en est-on sur le continent ?

DK : De nombreux pays ont initialement rencontré des difficultés à se procurer le vaccin. Pour pallier le problème, diverses initiatives ont vu le jour. Au-delà de cette question d'accessibilité, certes essentielle, un second problème se pose : celui de l'adhésion des populations, qui manquent globalement d'informations scientifiques pour répondre à leurs interrogations. Les fake news, en revanche, sont abondamment relayées sur les réseaux sociaux, et alimentent la défiance des gens vis-à-vis de la vaccination. À l'heure actuelle, on a l'impression que seuls les citoyens qui sont dans l'obligation de voyager se résolvent à se faire vacciner... Renverser cette tendance constitue un autre défi.

RN : Au Cameroun la situation vaccinale est très en retard : seul 1.1 % de la population cible a un schéma vaccinal complet. Les gens font preuve de défiance envers les vaccins disponibles dans le pays. L'un des défis est donc de convaincre du bien-fondé des vaccins. Ce retard vaccinal observé en Afrique plaide d'autant plus pour un renforcement de la surveillance des variants par le séquençage. Si nous pouvons déterminer quels variants circulent sur quels territoires, il serait plus aisés pour les autorités sanitaires de décider la mise en place de campagnes de vaccination ciblées, plus efficaces pour circonscrire l'épidémie.

Alpha Kabinet Keita

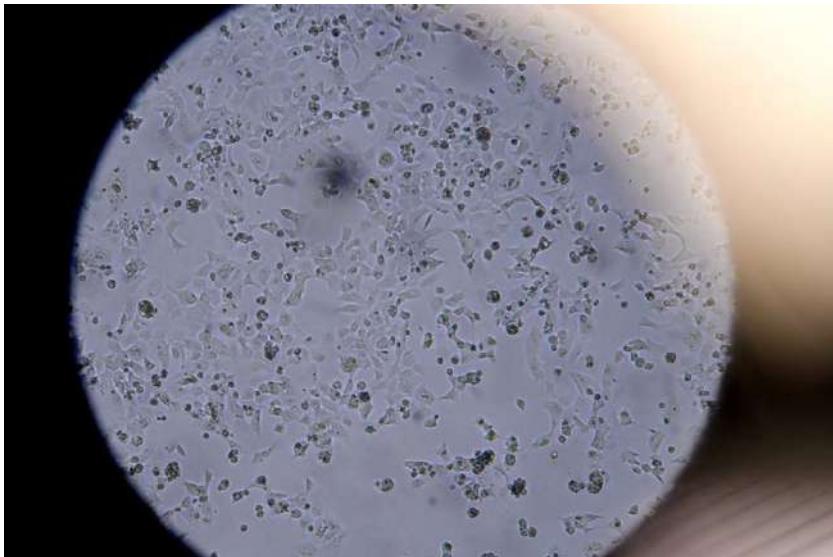
Microbiologiste, chercheur à l'Unité TransVIHMI (Univ Montpellier, IRD, INSERM), Directeur Adjoint du CERFIG, Université de Montpellier

Dramane Kania

Pharmacien-Virologue, Centre MURAZ (Bobo-Dioulasso, Burkina Faso) - Institut National de Santé Publique

Richard Njouom

Chef du service de virologie du Centre Pasteur du Cameroun, Centre Pasteur du Cameroun



Vue au microscope de cellules infectées par le SARS-CoV-2. BEN STANSALL / AFP

En 2022, tirons les leçons des controverses sur les origines du SARS-Cov-2

Philippe Grandcolas

Le Covid-19 est probablement la pandémie et la maladie infectieuse la plus médiatisée de tous les temps. D'autres zoonoses – ces maladies dont l'agent infectieux est issu d'un animal – ont eu aussi un grand retentissement sociétal, comme le sida (virus HIV) qui tue encore plus d'un demi-million de personnes par an dans le monde. Et d'autres maladies tout aussi terribles, comme le paludisme ou Ebola, frappent tout particulièrement les régions tropicales et on peut regretter qu'elles n'inquiètent guère les habitants et les dirigeants des puissants pays du Nord.

Émergence du Covid-19, à chacun son hypothèse !

La question de l'origine du Covid-19 a une part importante dans la médiatisation inédite de la pandémie. Les hypothèses se sont multipliées, évoquant aussi bien le passage naturel à l'humain depuis une chauve-souris – avec ou sans hôte intermédiaire (pangolin, civette, vison, chien viverrin, etc.) – que l'échappement d'un laboratoire de virologie dans la ville chinoise de Wuhan.

Chaque « corporation » y a été de son hypothèse : les scientifiques écologues, dont je suis, ont replacé l'émergence du Covid-19 dans le contexte de l'augmentation inquiétante des émergences de nouvelles maladies zoonotiques, causées par les atteintes à l'environnement. Des journalistes ont alerté sur le rôle possible des élevages animaux (notamment de visons) comme réacteurs de sélection d'agents infectieux. Quant aux biologistes moléculaires de laboratoire qui utilisent la transgenèse (insertion de gènes au sein de virus) comme outil de travail quotidien pour comprendre la fonction de gènes ou de protéines spécifiques des virus, ils se sont inquiétés du manque de transparence des travaux menés dans les laboratoires de Wuhan en Chine, ville présumée à tort ou à raison lieu d'émergence de la pandémie. Chacun voit donc midi à sa porte, en émettant le souhait (très idéalisé) d'un meilleur comportement dans son domaine sociétal d'intérêt.

Bien que de moindre intérêt, on peut également mentionner le développement de nombreuses publications, passablement complotistes, qui traquent les informations disponibles dans les courriers et documents des différents acteurs du domaine (groupes de recherche, OMS, chercheurs, etc.) ; et pensent y trouver les preuves de méfaits ou d'imprudences expliquant l'émergence de la maladie. Enfin, pour compléter cette liste déjà trop longue, on doit aussi signaler des épisodes de politique internationale incriminant tel ou tel personnage ou institution, à tort ou à raison, mais pour des raisons d'adversité politique.

Le concept central d'« une seule santé »

Que penser de toutes ces hypothèses ? En fait, chacune d'entre elles, sauf sans doute celle de l'origine naturelle, fait passablement l'impasse sur les démarches scientifiques intégratives qui sont le futur indispensable des recherches sur les maladies infectieuses.

Depuis des années maintenant, biologistes et médecins ont forgé en recherche scientifique le concept d'« une seule santé » (One Health) : la santé humaine dépend de celle de l'environnement et de celle des autres animaux. Ce concept prend ainsi en compte toutes les hypothèses formulées pour permettre de juger à terme de leur vraisemblance à la lumière des éléments recueillis : agents infectieux inconnus ou émergents (virus, bactéries, protozoaires, etc.) dans leurs animaux réservoirs, rôle des élevages et trafics (qui concentrent et affaiblissent ces animaux réservoirs) ; enfin, rôle des laboratoires de biologie médicale qui devraient étudier cette problématique sans générer de risques supplémentaires.

À ce dernier égard, il est particulièrement ironique de constater que les tenants des fuites de laboratoire de Wuhan mentionnent eux-mêmes la nécessité de juger du rôle des protéines spike des nouveaux variants (Omicron notamment) en les étudiant leur biologie grâce à la transgenèse dans des lentivirus. Les expertises collégiales nationales (FRB) et internationales (IPBES) mentionnent toutes cette exigence absolue d'intégration « une seule santé » pour comprendre et juguler l'émergence de maladies dans le futur !

Les humains ne vivent pas en vase clos et leur santé dépend évidemment de celle de leur environnement : il faut sans cesse le rappeler tant nos attitudes demeurent anthropocentriques et centrées sur les remèdes a posteriori chez les humains plutôt que sur les études intégratives a priori des crises sur les écosystèmes.

À la recherche de nouvelles connaissances cruciales

Pour prévenir l'émergence de nouvelles maladies, nous sommes donc directement dépendants des connaissances que nous avons sur la biodiversité : celle des agents infectieux et celle des animaux réservoirs. Chaque étude récente de l'évolution des coronavirus montre que nous ne connaissons que des parents proches, mais pas immédiats, du SARS-CoV-2, tous localisés dans l'Asie du Sud-Est où l'origine de la maladie peut donc être vraisemblablement située.

À cet égard, l'émergence présumée à Wuhan (province d'Hubei) doit être réinterprétée en regard des détections bien plus précoces de la maladie déjà transmise en plusieurs points du globe, et notamment en Europe (dans cette étude française notamment). Cela signifie que les parents et précurseurs du SARS-CoV-2 ne sont pas encore connus et se trouvent quelque part dans des animaux ou humains de cette région.

Depuis le début de la pandémie, de nouveaux résultats importants ont été acquis, avec la découverte de nouveaux coronavirus en Thaïlande, au Cambodge et au Laos. Ces études sont cruciales, car elles permettent de dessiner à grands traits l'évolution de ces virus et de leurs caractéristiques biologiques. D'autres coronavirus déjà connus de chauve-souris rhinolophes, par exemple en Russie, ont été par ailleurs testés pour leur capacité malheureusement positive à se fixer sur les protéines des cellules humaines et donc à constituer un risque potentiel. Pour comprendre comment lutter efficacement contre le virus, il est en effet important de savoir sous quels régimes de sélection naturelle ces traits originels sont apparus. Pour empêcher de futures émergences, il est également primordial de connaître les animaux réservoirs impliqués et les éventuels hôtes intermédiaires.

La quête de l'origine

Comme tout un chacun le perçoit désormais, les virus évoluent rapidement et ce que l'on appelle « variants » sont le résultat de mutations apparaissant et se transmettant dans des populations colossales de virions. Pour mémoire, un malade infecté héberge de 1 à 100 milliards de virions (nombre total de particules virales). La population mondiale de SARS-CoV-2 compte donc des milliards de milliards de virions, issus d'autant d'épisodes de réPLICATIONS dans nos corps avec à chaque fois la possibilité d'apparitions et de transmissions de mutations !

Mais l'origine de certains virus peut aussi être recherchée dans des événements de recombinaisons entre virions occupant les mêmes cellules de leur hôte, et générant des mosaïques à partir de virions différents. Si l'on ne connaît pas raisonnablement les virus dans la nature, il est illusoire de penser comprendre un jour leur origine. Il a ainsi fallu quatorze ans pour identifier une localité en Asie d'où était issu le virus du premier SARS qui, bien que moins pandémique, avait tout de même touché au moins 8000 personnes et causé plus de 700 décès dans huit pays différents. Récemment encore, on s'est aperçu que le virus Ebola pouvait resurgir dans des populations humaines à la suite d'une « dormance » chez un individu apparemment « porteur sain ». Et certains biologistes imaginent actuellement que des variants très modifiés (comme Omicron) pourraient apparaître soudainement dans des populations humaines à la suite d'une longue évolution dans le corps de malades immunodéprimés, une hypothèse néanmoins très spéculative... La biologie de terrain des virus et de leurs réservoirs est donc fondamentale à toute politique de santé publique. Aujourd'hui, de nombreuses équipes recherchent activement les précurseurs du SARS-CoV-2, mais encore sans succès immédiat.

Le Covid-19, une zoonose parmi d'autres

Il est désormais essentiel que la focalisation médiatique sur le Covid-19 ne devienne pas l'arbre qui cache la forêt. Depuis 1940, le nombre d'émergences de maladies infectieuses ou de pic épidémiques a augmenté considérablement, et chacun a entendu le nom de plusieurs d'entre elles, apparues ou devenues épidémiques récemment : sida, Ebola, Nipah, MERS, SARS, maladie de Lyme, Zika, virus du Nil occidental, etc. La fragmentation et la conversion effroyable des milieux, avec des millions d'hectares de forêts tropicales disparaissant chaque année, nous met en contact croissant avec la faune sauvage et donc les animaux réservoirs qui sortent du bois.

La croissance exponentielle des centres urbains, les braconnages et trafics générés, les élevages industriels aux conditions sanitaires désastreuses et, enfin, les transports internationaux en croissance folle, représentent autant de facteurs de transferts d'agents infectieux vers les humains et d'émergence de maladies. Voir la question des zoonoses émergentes uniquement comme un problème de gestion de laboratoire de recherche à Wuhan serait, on le comprend, très dangereusement réducteur. Une telle focalisation nous empêcherait de prêter attention à tous les problèmes existants ou en devenir de santé

environnementale. Près de nous, en Europe, qui se soucie par exemple de la maladie de Lyme, de la toxoplasmose ou de la leptospirose, alors que leur impact et leur gestion sont problématiques ? Ces agents infectieux ne se sont pas échappés de laboratoires mal gérés !

En 2022 comme à plus long terme, prendre en compte l'état de l'environnement doit rester une problématique majeure des politiques de santé publique.

Philippe Grandcolas

Directeur de recherche CNRS, systématicien, directeur de l'Institut de systématique, évolution, biodiversité (ISYEB), Muséum national d'histoire naturelle (MNHN)

2 janvier 2022, 18:25 CET •Mis à jour le 4 janvier 2022, 11:01 CET

Articles de presse



Harare au Zimbabwe, le 13 décembre 2021. ©AP Photo/Tsvangirayi Mukwazh

Covid-19 : les différentes réactions des pays africains face au variant Omicron

Dès l'annonce par l'Afrique du Sud et le Botswana de l'apparition d'un nouveau variant, de nombreux pays dans le monde ont fermé à nouveau leurs frontières. Une décision condamnée par l'OMS et fustigée par le président sud-africain Cyril Ramaphosa. Comment réagissent les pays africains à l'arrivée d'Omicron ? Le variant Omicron, détecté par l'Afrique du Sud et le Botswana le 25 novembre, est signalé dans 23 pays, dont quatre sur le continent africain avec le Ghana et le Nigeria, selon le Centre de contrôle et de prévention des maladies de l'Union africaine en date du 30 novembre. Dès l'apparition du nouveau variant, qui se distingue par sa contagiosité, de nombreux pays dans le monde ont immédiatement réagi en fermant leurs frontières aux voyageurs provenant non seulement d'Afrique du Sud, mais de toute l'Afrique australe.

Des pays africains qui ferment leurs frontières

Sur le continent, c'est le **Maroc** qui le premier a décidé une fermeture totale de ses frontières le 25 novembre annonçant la suppression "*jusqu'à nouvel ordre*" des vols directs à destination et en provenance de France, avant de refermer toutes les frontières aériennes pour deux semaines. Il a été suivi par l'**Égypte** qui depuis le 26 novembre n'accepte plus de voyageurs en provenance d'Afrique du Sud, du Botswana, du Lesotho, de la Namibie et du Zimbabwe. L'**Angola** a également fermé ses frontières à l'Afrique du Sud, le Mozambique et la Namibie. Le **Soudan** a fermé ses frontières depuis le 30 novembre aux personnes venant d'Afrique du Sud, du Botswana, du Lesotho, de Namibie et du Zimbabwe. Après **Maurice**, les **Seychelles** et le **Rwanda**, le **Gabon** annonce le 1er décembre une interdiction d'entrée sur le territoire aux voyageurs en provenance de huit pays d'Afrique australe (Angola, Afrique du Sud, Botswana, Lesotho, Malawi, Mozambique, Swaziland, Zimbabwe). Le 2 décembre, la **Guinée équatoriale** décide de suspendre tous les vols internationaux du 6 décembre au 2 janvier 2022.

Une décision "politique" critiquée par l'OMS

Le Directeur général de l'OMS Tedros Adhanom Ghebreyesus a critiqué cette mesure. Pendant leur conférence de presse du 1er décembre, avec Michael Ryan, le directeur de l'OMS pour les situations d'urgence, il a répété que les interdictions de voyages - mises en place par certains pays - n'empêcheront pas la propagation du variant Omicron sur la planète.

"L'idée que vous pouvez mettre un couvercle hermétique sur des pays n'est franchement pas possible", a insisté Michael Ryan, appelant les pays à prendre des mesures en suivant des principes *"de santé publique et non politique"*.

Maria Van Kerkhove, la responsable de la gestion de l'épidémie de Covid-19, a rajouté que les interdictions de voyager *"ont rendu difficile"* l'envoi d'échantillons depuis l'Afrique du Sud, alors même que le pays est tout à fait disposé à les partager.

De nouvelles restrictions jugées discriminantes

Un point martelé par le président sud-africain Cyril Ramaphosa lors de son déplacement au Nigeria et en Côte d'Ivoire le 2 décembre où il a dénoncé ce qu'il appelle *"une forme d'apartheid sanitaire"*. Le président sud-africain a affirmé être avec son homologue ivoirien *"préoccupé que l'Afrique et le reste du monde en développement continue à se battre (contre la pandémie) en ayant un accès limité aux vaccins si nécessaires pour sauver des vies"*. Il a en outre estimé que cette décision d'isoler son pays était *"une gifle à l'expertise et l'excellence africaines"*, puisque ce sont *"nos propres scientifiques qui ont, les premiers, détecté le variant Omicron"*.

"Il est tout à fait regrettable, malheureux, et je dirais même triste que des pays africains aient imposé des restrictions de voyage", a déclaré le porte-parole du ministère des Affaires étrangères sud-africain, Clayson Monyela. La Côte d'Ivoire de son côté a décidé à partir du 1er décembre de renforcer ses contrôles sanitaires à l'aéroport et de procéder *"au dépistage systématique par test PCR de tout voyageur en provenance de pays où le variant Omicron a été détecté"*. Les restrictions de voyage imposées à l'Afrique australe par de nombreux pays occidentaux relèvent de *"l'afrophobie"*, a dénoncé pour sa part le président du Malawi, Lazarus Chakwera dans un post sur sa page Facebook.

Une couverture vaccinale très faible sur le continent

La couverture vaccinale en Afrique reste faible, avec seulement 7% des 1,2 milliards d'habitants entièrement vaccinés. Les campagnes de vaccination ont connu un démarrage lent en raison d'un accès limité aux vaccins et souffrent également dans certains pays d'une grande méfiance envers les vaccins contre le Covid-19. L'Afrique a besoin d'1,5 milliard de doses pour vacciner 60% de sa population et atteindre un certain niveau d'immunité collective. Jusqu'à présent, le continent a reçu un peu plus de 400 millions de doses. L'inégal accès aux vaccins est *"le meilleur allié de la pandémie de Covid-19"*, a affirmé en octobre le secrétaire général de l'ONU, Antonio Guterres, lors d'une conférence de presse avec le directeur général de l'OMS Tedros Adhanom Ghebreyesus.

En Afrique du Sud, le variant Omicron déjà oublié



FMI Photo/James Oatway

Un test Covid-19 est effectué sur un homme à Johannesburg, en Afrique du Sud (photo d'archives)

Les contaminations ont diminué aussi vite qu'elles avaient grimpé, et les hôpitaux n'ont pas vécu l'engorgement des précédentes vagues.

Joséphine Kloeckner

Deux mois après l'apparition du nouveau « variant préoccupant » (selon l'OMS) en Afrique australe, celui-ci semble déjà loin des esprits. Les grandes vacances d'été sont passées par là, et surtout, les données chaque semaine plus rassurantes fournies par les chercheurs et les hôpitaux ont plongé le pays dans une ambiance optimiste de « fin d'épidémie ». En novembre, la visible contagiosité très forte du variant avait pourtant de quoi inquiéter. « Nous nous préparions au pire », raconte le Dr Fareed Abdullah, médecin en unité Covid à l'hôpital Steve-Biko, à Pretoria. 200 lits avaient alors été ouverts, comme lors de la vague Delta pendant laquelle cela n'avait pas suffi. Mais au pic de la vague Omicron, 108 personnes occupaient ces lits. « Nous n'avons jamais été engorgés pendant cette période. Aujourd'hui, l'impact sanitaire et psychologique d'Omicron est moindre en Afrique du Sud, et surtout, les données chaque semaine plus rassurantes fournies par les chercheurs et les hopitaux ont plongé le pays dans une ambiance optimiste de fin d'épidémie.

Joséphine Kloeckner
Le Point Afrique du Sud

https://www.lepoint.fr/afrique/en-afrique-du-sud-le-variant-omicron-deja-oublie-18-01-2022-2460877_3826.php

Mieux vaut en rire qu'en pleurer

CORONAVIRUS : PAS DE PANIQUE EN AFRIQUE



DELTA
EPSILON
LAMBDA

LES VARIANTS NOMMÉS PAR DES LETTRES GRECQUES





LARSEP
Laboratoire de Recherches
en Sciences Sociales Économiques
et Politiques



IMAF
Institut des mondes africains
UMR 8171 (CNRS)-UMR 243 (IRD)

Avertissement : Le Bulletin de l'Obss est à diffusion limitée, réalisé bénévolement et constitué pour la plupart d'articles republiés sous licence *creative commons*. Sa diffusion est gratuite et réservée aux scientifiques, et aux spécialistes de la réponse aux épidémies, à des fins scientifiques et humanitaires.

Le Bulletin de l'Obss

Directeur de publication : Jacky Bouju (LARSEP-Aix-Marseille Université)

Rédacteur en chef, composition : Sylvie Ayimpam (IMAF-LARSEP)

Secrétariat scientifique : Michel Bisa Kibul (OG, Université de Kinshasa)

Comité de rédaction : Jacky Bouju, Sylvie Ayimpam, Michel Bisa Kibul, Bienvenu Kobongo, Bienfait Kambale, Faustin Nshizirungu, Gloria Pindi, Vévé Banza, Jacques Lutala, Bora Kanyamukenge

Conception informatique et diffusion : Jacky Bouju

Site web: <https://larsep1.wordpress.com/>

E-mail : larsep@larsep.org
