

🏠 (//www.latribune.fr) > Opinions (https://www.latribune.fr/opinions.html)  
> Tribunes (https://www.latribune.fr/opinions/tribunes/accueil-tribunes.html)


## Coronavirus : un analyseur de la complexité des relations hommes-animaux ?

**OPINION.** La virologie peut-elle offrir une prise de recul informée par une analyse bien ordonnée, incluant une déconstruction d'amplifications médiatiques et de questions plus scientifiques ? C'est aussi ce qui motive aujourd'hui les experts et praticiens de cette discipline, qui concerne la société[1]. Les deux questions de l'avenir des variants et de l'origine du covid sont notamment liées car elles questionnent le rapport homme-animal, qui est au cœur des réflexions sur l'environnement, de la biodiversité aux effets ou accélérateurs du changement climatique. (\*) Par Joël Ruet, président du Bridge Tank.

Écoutez cet article



Powered by ETX Daily Up (https://hubs.ly/H0P90IH0)

00:00/11:26 

Joël Ruet (\*)  
11 Août 2021, 9:14

10 mn



Le consensus émergent depuis février 2021 - avec l'identification de coronavirus de chauve-souris une séquence génique à 95-96% identique à celle du covid humain - est qu'il y a une « haute probabilité d'origine par la chauve souris », même si la différence génique de 5% est environ celle entre le macaque et l'homme. (Crédits : Reuters)

Alors que, dans un été qui n'a plus la torpeur d'antan, la rentrée se prépare lentement, celle-ci sourd déjà d'une nouvelle menace, les « variants » - nul besoin de préciser "du covid". D'où l'importance de la virologie.

Au-delà des génomes, celle-ci s'intéresse depuis près d'un siècle à l'approche biologique systémique des espèces-hôtes des virus. Le motto de la virologie peut se résumer simplement : la raison d'être évolutionniste d'un virus, au sens darwinien, est de muter. Il est conditionné pour muter, et ainsi trouver sa voie parmi ses hôtes...

L'hypothèse de l'immunité collective face au covid reste incertaine du fait de la durabilité de l'immunité post-vaccinale. Dans le cas défavorable, envisageable, de virus résistants[2], l'histoire documentée des virus par le passé donne deux familles de scénarios : la nécessité de revacciner régulièrement face à des variants très contagieux mais de moins en moins dangereux (le variant delta est 100 fois plus contagieux que le covid originel mais moins létal, même corrigé de l'effet vaccination), ou l'émergence d'un variant plus létal mais qui finira par s'éteindre après un « feu d'artifice », ayant occasionné des décès, mais ayant éliminé les autres variants, et donc l'épidémie[3].

Si prédire semble impossible, il reste, d'une part, l'observation génomique de la formation des variants significatifs (avec un nombre de mutation significatives) et, d'autre part, le travail d'expérimentation de laboratoire. Après un an et demi de pandémie, ce qui frappe est que les variants se développent bien plus vite que l'émergence très lente d'un virus pathogène.

## **De l'émergence de la maladie jusqu'aux variants**

La discipline a cependant accumulé des consensus : ainsi le SARS-1 de 2003 n'est-il aucunement le parent du SARS-Cov-2 de la fin 2019, devenu pandémie en 2020. Par comparaison entre les collections nationales de virus conservées en laboratoires et des prélèvements nouveaux sur des animaux ou des humains, pathogènes ou non pathogènes, les virologues estiment la constante de temps d'évolution des mutations : « l'horloge biologique ». Les coronavirus mettent des décennies à évoluer vers des formes pathogènes par accumulation graduelle de mutations. Certains chercheurs mentionnent une cinquantaine d'années probables pour la formation du Sars-Cov-2 ou covid et donc de durée d'émergence de la maladie ; les épidémies viennent ainsi de loin et à bas bruit. Les mutations s'accélèrent lors du fameux « passage de la barrière des espèces ».

Le variant britannique, par exemple, présente 17 mutations significatives par rapport aux autres formes du covid. Ce nombre, important de l'aveu des spécialistes[4], fait pencher certains virologues pour l'hypothèse d'un nouveau franchissement de barrière d'espèce : de l'homme vers l'animal (domestique ou d'élevage), et, en fait, d'un double franchissement avec retour vers l'homme. Ce schéma cognitif est connu depuis longtemps, avec notamment les travaux de Charles Nicolle de l'Institut Pasteur, primés par le Nobel de 1928. C'est sans doute là où une meilleure connaissance sur l'origine de l'émergence du covid, qui procède autant de la recherche, comme on l'a vu, que de la saga politique, serait utile : au niveau du type et de la fréquence des interactions homme-animal.

Beaucoup d'encre a coulé sur une chaîne manifestement simplifiée de l'émergence initiale du Sars-cov-2 pathogène. La presse a popularisé une chaîne simple, linéaire, à un seul maillon, via le désormais célèbre pangolin, un moment soupçonné d'avoir été « le » maillon hôte du virus entre la chauve-souris réceptacle de virus "ancestraux" du covid, et le covid chez l'homme. Le virus trouvé chez ledit pangolin ayant une homologie encore trop éloignée avec le covid, les chercheurs ont envisagé d'autres pistes d'animaux, puis des chaînes plus longues, toujours linéaires, d'animaux hôtes[5]. Le modèle simple à un maillon a été recherché car il fut celui du SARS-1 et du SARS-MERS d'Arabie... mais il n'explique manifestement pas le Covid. Le consensus émergent depuis février 2021 - avec l'identification de coronavirus de chauve-souris une séquence génique à 95-96% identique à celle du covid humain - est qu'il y a une « haute probabilité d'origine par la chauve souris »[6], même si la différence génique de 5% est environ celle entre le macaque et l'homme[7]. Ce qui reste loin du 99% d'homologie trouvée en 2003 entre le coronavirus de la civette et le SARS-1.

Mais l'écosystème de transmission demeure inconnu. Le débat croît entre origine purement animale -zoonose- qu'elle soit à une ou plusieurs marches d'escalier, et origine animale mais passée par l'homme et à l'animal et à nouveau l'homme - ou « anthropo-zoonose », à la Charles Nicolle...

## Les laboratoires et les virus animaux

Anthropo-zoonose qu'il convient de totalement distinguer d'une complexe saga sur le rôle de l'institut de Virologie de Wuhan, relancée récemment par une lettre dans le journal *Science*, le 13 mai 2021. Les demandes renouvelées de communication entre chercheurs au niveau international tournent de fait autour du processus d'interaction entre l'homme et les virus d'origine animale, en laboratoire.

Précisons d'abord que cette relance du débat en 2021 ne porte pas sur le laboratoire dit « P4 » de haute sécurité de Wuhan, mis en place par la coopération franco-chinoise et très photogénique lors du confinement, mais sur le laboratoire qui partage son site mais en est complètement séparé sanitaire, de classification « P3 ». C'est ce laboratoire P3, et non le P4, que l'OMS demande à revoir aujourd'hui. En pratique, la classification même des laboratoires renvoie au type de pratiques que la virologie entretient avec les virus. Les laboratoires communs d'hôpitaux -classés P2- ont par définition à traiter de prélèvements sur des patients, pour analyse et diagnostic de virus, et les maladies zoonotiques émergentes y transitent nécessairement lors de leur émergence à bas bruit ; les laboratoires « P3 » concernent deux aspects supplémentaires, la culture cellulaire de virus -augmenter la taille de l'échantillon à fins d'analyse- et éventuellement la recherche génétique par « augmentations de fonctions », pour simplifier, le même processus que les mutations mais avec des altérations significatives bien moins nombreuses et originales que ne le fait la nature[8], à des fins de recherche et de vaccin. Les laboratoires P3 sont des laboratoires de recherche sur des agents classifiés en dessous de « très dangereux »,

c'est-à-dire très contagieux et très létal à la fois, tel Ebola, par exemple, qui lui est traité en P4, ce qui n'est pas le cas des coronavirus, traités en P2, sauf le SARS-1, le MERS, et maintenant le covid, traités en P3 selon la réglementation internationale[9].

Le P3 de Wuhan abrite ainsi pour la Chine la collection nationale de virus au sein du fameux institut de Virologie de Wuhan. La relance récente de la controverse, complexe[10], porte en réalité peu sur l'hypothèse d'« augmentation de fonctions », nom donné à la recherche pour comprendre les réactions d'un virus et préparer des traitements, mais sur la pratique de la collecte (sites, modes opératoires, contextes d'incidences pathogènes rencontrées antérieurement) d'éventuels échantillons de covid liés au contact homme-chauve-souris (ou via un écosystème plus complexe, on l'a dit). Savoir de quelles grottes par exemple ont été tirées quels échantillons, après quelles maladies éventuellement constatées chez des travailleurs en sites miniers déclassés et colonisés par des chauve-souris étant les pistes explorées par les scientifiques au cœur du débat, qui, en revanche, semble accepter l'hypothèse de la maladie ayant déjà circulé à bas bruit en Chine -voire en Europe[11].

Ce débat renvoie donc lui aussi, mais vu cette fois du laboratoire, à la question de l'interaction homme-chauve-souris en particulier et homme-animal en général. Au final, la « controverse scientifique », ou front pionnier à explorer par des expérimentations et des analyses, à ce niveau, porte sur le point focal entre la relation amont (en contact à la nature) et aval (en laboratoire) de l'homme à l'animal, ainsi que sur la relation entre animaux.

## **Une question de politique publique plus internationale**

Quelles conséquences au-delà de la connaissance scientifique ? D'abord, une anthro-zoonose avérée viendrait compliquer le débat, déjà clé et inquiétant, d'une vaccination partielle favorisant par détour les variants adaptés aux populations non vaccinées. Mais cela pourrait aussi augurer d'une question de politique publique plus internationale et plus générique, dépassant la virologie, et importante à l'aube de conférences sur le climat, l'adaptation de l'environnement, et celle sur la biodiversité et l'interface homme-nature : si les interfaces homme-élevages ou homme-animaux de compagnie pouvaient à minima accélérer les variants, alors le mythe des réserves d'épidémies dans les seuls pays « du Sud » (chasseurs au contact des forêts, marchés aux animaux) pourrait tomber ; des chercheurs ont ainsi identifié au Royaume-Uni des chauve-souris hôtes de coronavirus pouvant avoir des protéines jusqu'à 90% homogènes à celles du covid. La fréquentation croissante homme-animal, déjà à l'origine des fièvres animales, risque d'être un effet induit de la crise du covid. La communauté des virologues s'inquiète notamment du cas d'Ebola, virus très virulent et dangereux, qui aurait pu devenir plusieurs fois une pandémie.

Un virus, par définition, mute : le covid mutera encore énormément, comme il l'a vraisemblablement fait depuis des décennies hors des radars ; comprendre les mutations d'hier sur des coronavirus proches, les mutations actuelles sur les variants à venir, avec une humanité qui va toujours plus loin perturber la biodiversité ou déséquilibrer les

grandes masses animales par l'élevage, renvoie aux questions de notre temps de l'homme dans son macro-environnement vivant ; le virus n'en est peut être que le dérangeant révélateur infiniment petit.

---

[1] Cet article se fonde, outre les références spécifiées, sur des interviews de chercheurs, dont 3 sont consultables in extenso sur <https://m.youtube.com/c/thebridgetank> (<https://m.youtube.com/c/thebridgetank>) et notamment <https://m.youtube.com/watch?v=Dmjgvil2haM&t=8s> (<https://m.youtube.com/watch?v=Dmjgvil2haM&t=8s>). Les enjeux sociétaux sont clairement exposés dans <https://theconversation.com/de-la-controverse-scientifique-au-debat-de-societe-112039> (<https://theconversation.com/de-la-controverse-scientifique-au-debat-de-societe-112039>)

[2] Le scénario britannique actuel inquiète les spécialistes

[3] Interview, The Bridge Tank, URL cit. supra.

[4] Interview, The Bridge Tank, URL cit. supra.

[5] Open Letter 4: June 28, 2021 - <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.21927.27042/1>

[6] Article scientifique collectif dans Nature - <https://www.nature.com/articles/s41467-021-21240-1> (<https://www.nature.com/articles/s41467-021-21240-1>) et la découverte de la séquence « RaTG13 », février 2021, <https://www.nature.com/articles/d41586-021-01529-3> (<https://www.nature.com/articles/d41586-021-01529-3>)  
<https://theconversation.com/covid-19-why-lab-leak-theory-is-back-despite-little-new-evidence-162215-> (<https://theconversation.com/covid-19-why-lab-leak-theory-is-back-despite-little-new-evidence-162215->)

[7] Interview, The Bridge Tank, URL cit. supra.

[8] Interview, The Bridge Tank, URL cit. supra.

[9] Interview, The Bridge Tank, URL cit. supra.

[10] Pour un exposé précis, cf. « Sept questions-clés sur les origines du SARS- CoV-2 », Le Monde, page Planète, 8 juin 2021.

[11] Le Monde, op. cit. supra.

Joël Ruet (\*)



Rédiger un commentaire

**Suivez La Tribune**

Partageons les informations économiques, recevez nos newsletters