

Sélection de variants SARS-CoV-2 par les vaccins : explications sur un mécanisme bien connu

FS francesoir.fr/societe-sante/selection-de-variants-sras-cov-2-par-la-vaccination-explications-sur-un-mecanisme-bien

26 septembre 2021

🕒 Publié le 26/09/2021 à 15:05



Les variants, question de temps ?

Pixabay

PARTAGER CET ARTICLE :

Auteur(s): FranceSoir

A +A

La pandémie COVID-19, nous l'avons maintes fois évoqué, restera marquée par un négationnisme du traitement précoce (en particulier des vieilles molécules potentiellement « repositionnables », telles l'hydroxychloroquine, l'azithromycine, l'ivermectine. Pas assez chères hélas pour apporter un bénéfice financier, surtout en comparaison de l'obsession vaccinale, que nous savions depuis mars 2020, être « La Solution Ultime et Unique ».

La vaccination

Quid du vaccin ? N'est ce pas une erreur tout aussi mortifère d'être « pro-vaccin » que d'être « anti-vaccin » ? Un médicament ne doit-il pas être constamment évalué sous le prisme du rapport bénéfice-risque ?

Les anciens vaccins, conçus pour prévenir des maladies souvent ou constamment débilitantes ou mortelles (poliomyélite, tétanos par exemple), évalués depuis des dizaines d'années, ont fait la preuve de leur efficacité et de leur relative innocuité. Des millions de vies ont été sauvées depuis qu'Edward

Jenner a découvert le principe du vaccin contre la variole, une maladie qui tuait jusqu'à 30 % des personnes infectées et laissait aux survivants de graves séquelles. Louis Pasteur a fait une percée inégalée dans l'histoire de la médecine avec son invention du vaccin antirabique, car la morsure d'un animal enragé signifiait une mort certaine (létalité de 100 %). La variole a été éradiquée par le couple "endiguement - qui n'a rien à voir avec le confinement inutile et mortifère qui nous a été imposé - et vaccin". La rage quant à elle, tue aujourd'hui rarement.

Il est concevable que certains vaccins puissent être obligatoires, eu égard au bénéfice individuel et social apporté. En est-il de même du vaccin contre le SARS-CoV-2 ?

Analysons l'article de Megawaty Tan et al. qui vient d'être publié dans « Archive of Microbiology and Immunology » concernant une probable sélection de variants par le vaccin SARS-CoV-2.

La seule vaccination contre la maladie COVID-19 est-elle "la" bonne solution ?

La létalité du SRAS-CoV-2 en France est beaucoup plus faible que pour les autres maladies précédemment évoquées (2 %), et la mortalité à peine de l'ordre de 0,09 % en 2020.

Par ailleurs, la fréquence de mutation est considérablement plus lente chez les pathogènes pour lesquels les anciens vaccins ont été conçus. Pour les poxvirus (variole), le taux de mutation est de (1,7 à 8,8) 10^{-6} substitutions nucléotidiques/site/an, soit 1 000 fois plus lent que celui du SARS-CoV-2, ce qui permet la mise en place des vaccins restant efficaces au cours du temps, puisque le germe ne mute que très peu.

La comparaison des courbes de mortalité du Royaume-Uni, de la France, de l'Italie et des États-Unis au 9 mai 2021 (voir ci-dessous) met en évidence trois situations radicalement différentes, qui posent des questions sur la validité de la stratégie de vaccination de masse.

microsoftteams-image_2.png

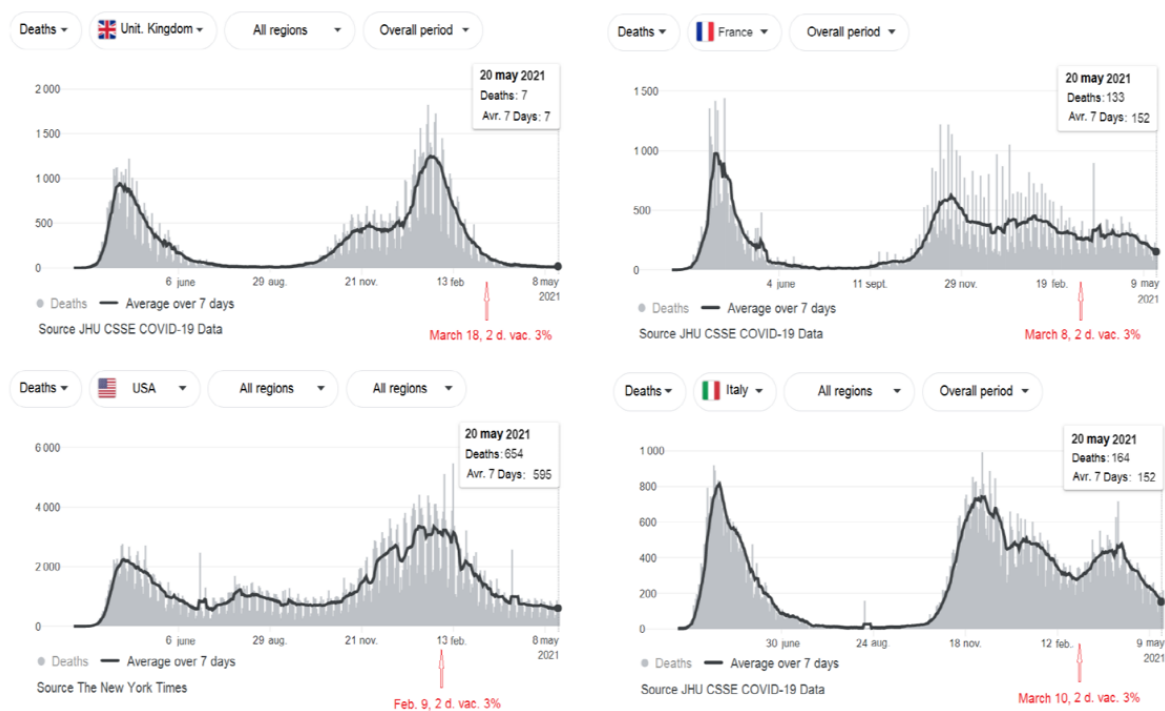


Figure 1

- (1) le nombre de morts au Royaume-Uni a été proche de zéro pendant quatre semaines avec, au 21 mai 2021, un taux de vaccination complète (deux doses) de 31,9 % seulement (56,6% \geq une dose) ;
- (2) en France, avec un retard de vaccination complète à un niveau d'environ 14,1 % (seules les personnes âgées étant massivement vaccinées), le nombre de morts n'a cessé de baisser pendant ces quatre dernières semaines ;
- (3) aux États-Unis, pays le plus avancé pour vacciner massivement sa population avec 38,6 % de personnes totalement vaccinées (48,8 % \geq une dose), la courbe du nombre de morts n'est pas encore à zéro et semble se trouver sur un plateau en léger déclin.

Comment interpréter ces données ?

Royaume-Uni, frontières fermées, population vaccinée :

Nous rappelons que les frontières du Royaume-Uni ont été fermées depuis Noël 2020, avec obligation d'une quarantaine drastique pouvant durer jusqu'à 21 jours si deux tests PCR SARS-CoV-2 ne sont pas négatifs à huit jours d'intervalle.

France, frontières ouvertes, population peu vaccinée :

La France, au contraire, depuis le début de la pandémie en janvier 2020, n'a jamais fermé ses frontières. Depuis l'été 2020, de nombreux variants du virus ont été ainsi introduits, générant plusieurs rebonds épidémiques. La vaccination ayant démarré à un rythme très lent fin février et début mars 2021 (au 8 mars, seulement 3 % de la population était totalement vaccinée avec deux doses), le bilan des morts indique que les rebonds sont toujours plus faibles, et ce indépendamment du statut vaccinal. L'immunité collective s'installe progressivement dans la population, alors que dans le même temps les

variants du virus se propagent lentement, malgré les mesures de confinement apparaissant de fait peu utiles. En effet, à l'IHU Méditerranée de Marseille, parmi 40 000 patients avec PCR confirmé Covid-19, seuls 100 cas ont développé la maladie une deuxième fois.

À noter, avec une situation géographique similaire, des frontières ouvertes et un statut de confinement comparable, l'Italie présente exactement le même profil épidémique que la France.

États-Unis, frontières fermées, population vaccinée :

Enfin, les États-Unis ont fermé leurs frontières auparavant ouvertes mais, contrairement au Royaume-Uni et à la France, une très grande partie de sa population (environ 40 %) est en surpoids, avec comme corollaire diabète et hypertension artérielle. Dans la mesure où ces comorbidités ont un impact négatif sur la mortalité, la présence d'un plateau persistant impliquerait une mauvaise protection du vaccin sur cette population.

Vaccin et apparition de variants par pression sélective

Variants du SRAS-CoV-2 :

Il est évident qu'un vaccin utilisant une seule protéine, générant de fait une immunité « étroite » contre peu d'antigènes, aura une probabilité plus forte d'induire un échappement par mutation du virus. Cette question a été vigoureusement balayée et jugée non pertinente par les autorités sanitaires françaises. En relayant cet article, nous nous demandons si ceux qui nient a priori une telle possibilité, sont également négationnistes de l'évolution des espèces ? Essayons d'y voir plus clair en analysant les données disponibles.

La sélection de variants est un mécanisme d'échappement immunitaire très bien connu, en particulier pour les virus ayant des taux de mutation relativement élevés comme les virus de la grippe et les coronavirus - vous trouverez les références scientifiques dans la bibliographie de l'article publié. Les vaccins contre ces virus peuvent favoriser l'apparition de nouveaux mutants qui peuvent se propager plus facilement puisqu'ils n'entrent pas en compétition avec les souches largement éradiquée par le vaccin. En même temps, une grande partie de la population n'a pas encore été exposée au virus original, ce qui crée des « vides immunitaires » permettant aux nouveaux variants de devenir dominants.

La pression sélective chez le SARS-CoV-2 :

Le domaine de liaison de la protéine de pointe (spike) du SARS-CoV-2 au récepteur ACE2 est l'endroit où se produisent la plupart des mutations adaptatives. C'est également la partie du virus visée par les vaccins. Il a été démontré que le remdesivir, qui entrave le bon fonctionnement de la polymérase virale, provoque une évolution accélérée du virus du SARS-CoV-2 chez un patient immunodéprimé, malade traité quatre fois avec ce produit.

Il est également rapporté que des variants connus peuvent être sélectionnés artificiellement en laboratoire.

close

volume_off

"L'utilisation d'une technique d'évolution in vitro avec un lentivirus portant le domaine de liaison au récepteur (RBD) de la protéine de pointe du SRAS-CoV-2 vers l'ACE2 a permis aux mutations les plus contagieuses, S477N, E484K et N501Y, d'être parmi les premières sélectionnées, ce qui explique la convergente évolution des variants "européenn" (20E-UE1), "britannique" (501.V1), "sud-africain" (501.V2) et "brésilien" (501.V3)".

Toutes ces observations sont des faits scientifiques avérés indiquant que le SARS-CoV-2 est soumis à une pression évolutive adaptative sous la contrainte du traitement ou de vaccins conférant une immunité partielle.

Voir aussi : "Ne faisons pas un remède pire que le mal" : l'entretien essentiel, avec Christian Vélot

Deux éléments clefs doivent présider à l'élaboration d'un vaccin contre un coronavirus :

1. Éviter l'échappement des variants dans la vaccination contre les coronavirus du SARS est l'une des deux questions clés dans l'élaboration de vaccins sûrs et valides.
2. Éviter une aggravation paradoxale de la maladie chez les personnes qui ont été immunisées par le vaccin.

Selon un article de recherche publié en 2006 dans PLOS Medicine, "pour une prophylaxie immunitaire efficace chez l'homme, il faudra une large couverture des différentes souches de CoV SRAS et un contrôle de l'échappement immunitaire par sélection de variants. Des combinaisons d'anticorps monoclonaux neutralisant le virus et non concurrentes pourraient être utiles. "En indiquant que les vaccins élaborés contre le SARS-CoV-2 n'empêcheraient pas de développer la maladie ou d'être contagieux, les fabricants de vaccins ont clairement admis qu'ils ne pouvaient pas éviter ces deux problèmes.

La question de savoir si les vaccins utilisés ont généré de nouveaux variants est donc cruciale. À partir de diverses sources publiques, nous avons reconstitué l'historique des essais vaccinaux menés dans le monde et établi leur chronologie en fonction des dates de première apparition des principaux variants préoccupants ou « variants of concern » (VOC).

microsoftteams-image_3.png

Table 1a: Dates and Countries of first occurrence of VOC

| VOC | Name (Nexstrain) | First Detected | |
|-----------|------------------|----------------|-----------|
| | | Country | Date |
| B.1.1.7 | 20I/501Y.V1 | UK | 20-Sep-20 |
| B.1.351 | 20H/501.V2 | South Africa | 8-Oct-20 |
| P.1 | 20J/501Y.V3 | Brazil | 3-Nov-20 |
| B.1.617.2 | 20A/S:478K | India | 10-Dec-20 |
| B.1.427 | 20C/S:452R | US | July-2020 |

microsoftteams-image_4.png

Table 1b: Covid-19 vaccines brands vs countries where trials took place

| Country | Vaccines | Vaccines Trials Date | Number of Volunteers |
|-----------------|-----------------|----------------------------|----------------------|
| UK | Astra Zeneca | April 23 2020-Nov 4 2020 | 11750 |
| South Africa | Astra Zeneca | June 28 2020 | 2096 |
| | Pfizer | July 27 2020 - Nov 14 2020 | 372 |
| Brazil | Astra Zeneca | June 23 2020 | 10002 |
| | Pfizer | July 27 2020 - Nov 14 2020 | 1145 |
| | Sinovac | July 21 2020-Dec 16 2020 | 12396 |
| India | Covishield (AZ) | October 31 2020 | 1600 |
| | Covaxin | September & November 2020 | 26180 |
| | Sputnik V | NA | 100 |
| US, Peru, Chile | Astra Zeneca | February 17 2021 | 32449 |
| US | J&J | July - Aug 2020 | 805 |
| | Pfizer | July 27 2020 - Nov 14 2020 | 14460 |
| | Moderna | July 27 2020 - Oct 23 2020 | 30420 |
| Argentine | Pfizer | July 27 2020 - Nov 14 2020 | 2883 |
| Total | | | 146658 |

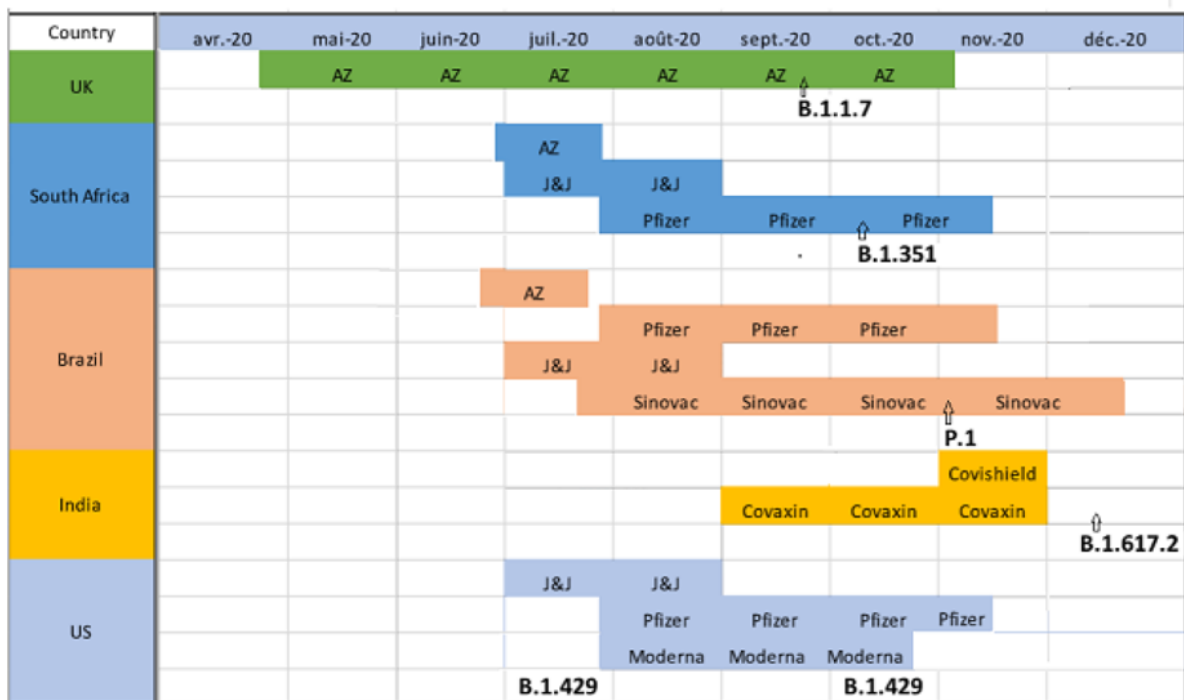


Figure 2: Gantt diagram of trials time periods and VOC emergences

Nous observons que les variants préoccupants (VOC) sont apparus dans les pays où de grands essais ont été menés.

Le VOC 20C californien est une exception, puisqu'il a été isolé pour la première fois dans un seul échantillon, avant les essais de vaccination menés dans cette région. Mais le vaccin a pu sélectionner un variant pré-existant sous représenté.

Des pays comme le Royaume-Uni, l'Afrique du Sud, le Brésil, l'Inde, la Russie et les États-Unis sont les endroits où la plupart des participants ont été recrutés pour des essais de vaccins. L'immunité sous-optimale générée par les vaccins testés en masse va augmenter ; des rapports publiés sur Forbes, en février 2021, indiquent que les vaccins « Novavax » et « Johnson & Johnson » ont tous deux déjà montré une baisse substantielle de leur efficacité en Afrique du Sud.

Le Brésil est le pays où, proportionnellement à la population, le plus grand nombre de participants ont été inclus dans les essais. C'est également le pays où le plus grand nombre de variants a été détecté (jusqu'à 72). Wang et al. 2021 ont signalé que les VOC B.1.1.7 et B.1.351 présentent des mutations étendues dans la protéine spike, qui pourraient entraîner des modifications antigéniques préjudiciables aux thérapies par anticorps monoclonaux (mAb) et à la protection vaccinale. Il est tout aussi préoccupant qu'un autre variant connu sous le nom de P.1 ou 501Y.V3 augmente rapidement au Brésil (population de 212,5 millions de personnes) et se propage bien au-delà. P.1 contient trois mutations (K417T, E484K et N501Y) sur les mêmes résidus de domaine de liaison des récepteurs (« receptor binding domain » (RBD)) que B.1.351. N501Y est partagé par les virus de ces trois lignées (VOC du Royaume-Uni, SA et Brésil) ; bien que cette mutation puisse conférer une liaison accrue à l'ACE2, son impact antigénique est limité à quelques anticorps monoclonaux mAb et n'a pas d'effets prononcés sur l'activité neutralisante du plasma des convalescents ou des sérums vaccinaux.

À Manaus, au Brésil, une deuxième vague d'infection due au P.1 a décimé une population qui était déjà séropositive à 76 % en raison d'une infection antérieure au printemps 2020, comme le rapportent Sabino et al.

En Inde, le variant du virus combinant une double mutation, correspondant à la fois aux variants sud-africain et californien, est apparu dans l'État occidental du Maharashtra, entre décembre 2020 et mars 2021, et est désormais dominant. Malgré une coïncidence intrigante entre les lieux de vaccination et l'émergence ultérieure de variants, une explication avancée est que "les patients précédemment infectés par le SARS-CoV-2, mais qui n'ont pas développé de cas sévère de COVID-19, pourraient être encore plus malades s'ils sont infectés". Cette explication est faiblement convaincante au vu du taux extrêmement faible de réinfection mesuré en France, où de nombreux variants hautement infectieux ont circulé. On estimait que l'Inde, à la fin de 2020, avait un tiers d'immunité, et la pandémie a été strictement sous contrôle jusqu'au 20 février 2021, avant que la vaccination massive ne commence dans l'état du Maharashtra. La revue Nature a mis en avant le brassage, le déplacement et le voyage des populations pour expliquer cette explosion de variants.

Le plus grand nombre absolu de participants aux essais des vaccins anti Covid-19 se trouvait aux États-Unis. La principale mutation du variant californien (L452R) se retrouve également dans le variant indien B.1.617. La souche californienne, CAL.20C, a été observée pour la première fois en juillet 2020, dans un seul des 1 230 échantillons du comté de Los Angeles, puis n'a plus été détectée jusqu'en octobre. Il est probable que ce variant, bien que non détecté entre juillet et octobre, était encore présent chez de rares personnes, symptomatiques ou non, et que les grands essais et campagnes de vaccination ont favorisé son émergence, simplement par pression sélective. Il y a une contradiction entre, d'une part, les affirmations des autorités et des fabricants selon lesquelles les vaccins sont très efficaces et, d'autre part, le fait que de nouveaux variants puissent abroger leur efficacité.

Jean-Claude Perez (en 2021), a émis l'hypothèse que les ARNm des vaccins Moderna et Pfizer entraîneront une faible fonctionnalité des « vaccins spike » car ils ont été conçus en recherchant une plus grande stabilité. Ils présentent des séquences dopées aux nucléotides CG qui, dès leur insertion dans l'hôte humain, vont paradoxalement chercher à muter, comme les variants du SARS-CoV-2, vers des formes CG ==> UA, afin d'améliorer leur stabilité et leur durée de vie dans les cellules. Selon ce principe, des différences de stabilité et de durée de vie des deux vaccins ARNm sont prédites. L'optimisation des codons synonymes, en utilisant différentes stratégies, peut conduire à des quantités différentes d'anticorps générés en raison de la différence de propension des ARNm à être traités par les ribosomes et éliminés par les cellules. En fait, la question sous-jacente de M. Perez est de savoir ce qui se passe lorsqu'un vaccin à ARNm est administré à un porteur asymptomatique du SARS-CoV-2. Est-il possible que l'ARNm du vaccin se recombine avec la souche naturelle du virus ? Si tel est le cas, l'ARNm de la protéine de pointe artificielle en déséquilibre harmonique, intégrée dans un virus viable, pourrait accélérer la production de nouveaux variants. Son étude suggère que les variants du Royaume-Uni, de la Californie, de l'Afrique du Sud et de l'Inde présentent le repliement probable de l'ARNm de la protéine spike en forme "d'épingle à cheveux", ce qui peut renforcer la cohésion et la durée de vie de cet ARNm. Pour les variants indiens B.1.617, les travaux de Jean-Claude Perez montrent une plus grande stabilité et durée de vie des ARN messagers, ce qui pourrait conduire à un plus grand caractère infectieux de ces génomes variants.

Conclusion

Il n'est pas certain que les vaccins soient nécessaires pour stopper la pandémie, et on ne peut exclure que les essais de vaccins aient pu contribuer à l'émergence de variants préoccupants (Royaume-Uni, Brésil, Afrique du Sud, Inde), échappant eux-mêmes aux vaccins, en raison d'une immunité sous-optimale et d'une plus grande pression exercée sur le virus. Ainsi, les vaccins peuvent avoir sélectionné de nouveaux variants dans les groupes de volontaires participant aux essais à travers le monde, et contribué à prolonger la pandémie de Covid-19. Il est recommandé d'obtenir la divulgation et le partage de toutes les données relatives aux essais menés détenues par les compagnies pharmaceutiques.

Article original de Megawaty Tan et al. traduit de l'anglais et adapté.

ndlr: les auteurs précisent qu'aux USA les frontières ont été fermées et non gardées ouvertes comme écrit dans l'article original.

Auteur(s): **FranceSoir**

PARTAGER CET ARTICLE :

Chère lectrice, cher lecteur,

Vous avez lu et apprécié notre article et nous vous en remercions. Pour que nous puissions poursuivre notre travail d'enquête et d'investigation, nous avons besoin de votre aide. FranceSoir est différent de la plupart des medias Français :

- Nous sommes un **média indépendant**, nous n'appartenons ni à un grand groupe ni à de grands chefs d'entreprises, de ce fait, les sujets que nous traitons et la manière dont nous le faisons sont exempts de préjugés ou d'intérêts particuliers, les analyses que nous publions sont réalisées sans crainte des

éventuelles pressions de ceux qui ont le pouvoir.

- Nos journalistes et contributeurs travaillent en collectif, au dessus des motivations individuelles, dans l'objectif d'aller à la **recherche du bon sens**, à la **recherche de la vérité** dans **l'intérêt général**.
- Nous avons choisi de rester gratuit pour tout le monde, afin que chacun ait la possibilité de pouvoir accéder à **une information libre et de qualité** indépendamment des ressources financières de chacun.

C'est la raison pour laquelle nous sollicitons votre soutien. Vous êtes de plus en plus nombreux à nous lire et nous donner des marques de confiance, ce soutien est précieux, il nous permet d'asseoir notre légitimité de media libre et indépendant et plus vous nous lirez plus nous aurons un impact dans le bruit médiatique ambiant.

Alors **si vous souhaitez nous aider, c'est maintenant**. Vous avez le pouvoir de participer au développement de FranceSoir et surtout faire en sorte que nous poursuivions notre mission d'information. **Chaque contribution, petite ou grande, est importante pour nous, elle nous permet d'investir sur le long terme. Toute l'équipe vous remercie.**

Soutenez FranceSoir dès 1€ >

[Voir les 77 commentaires / analyses](#)

[variants](#)

[Vaccins](#)

[EN DIRECT - Les derniers articles en temps réel >>](#)