

## Les variants

Le génome viral est soumis à de fréquentes mutations. La majorité conduit à une mort du virus ou à une absence de modifications de ses caractéristiques.

L'étude de Takahiko Koyama, Daniel Platt et Laxmi Parida a recensé toutes les mutations des séquençages faits dans 68 pays entre février et mai 2020.

De nombreux variants ont été décrits. Certains sont liés à des formes particulières de la maladie, comme la perte du goût et de l'odorat davantage retrouvée dans des formes mutées en D614G de la protéine S. D'autres sont très localisés : variant nigérian ou variant danois issu d'un passage du virus par un élevage de visons contaminés (Y453F).

Table 1. **Number of gene variants in SARS-CoV-2 genomes, 2019–2020**

Genome segment <sup>a</sup>	Missense mutation	Synonymous mutation	Non-coding region			In-frame		Frameshift deletion	Stop-gained	Total
			Mutation	Deletion	Insertion	Deletion	Insertion			
<i>ORF1ab</i>	1905	1344	0	0	0	57	2	7	13	3328
<i>S</i>	394	260	0	0	0	27	0	0	6	687
<i>ORF3a</i>	169	71	0	0	0	5	0	1	1	247
<i>E</i>	27	15	0	0	0	1	0	0	0	43
<i>M</i>	53	71	0	0	0	0	0	0	0	124
<i>ORF6</i>	28	11	0	0	0	2	0	0	2	43
<i>ORF7</i>	59	29	0	0	0	1	0	2	6	97
<i>ORF8</i>	68	26	0	0	0	1	0	0	7	102
<i>ORF10</i>	20	12	0	0	0	0	0	1	1	34
<i>N</i>	246	126	0	0	0	6	0	0	0	378
Intergenic	0	0	0	7	2	0	0	0	0	9
5'-UTR	0	0	260	50	37	0	0	0	0	347
3'-UTR	0	0	224	85	27	0	0	0	0	336
<b>Total</b>	<b>2969</b>	<b>1965</b>	<b>484</b>	<b>142</b>	<b>66</b>	<b>100</b>	<b>2</b>	<b>11</b>	<b>36</b>	<b>5775</b>

E: envelope protein; M: membrane glycoprotein; N: nucleocapsid phosphoprotein; ORF: open reading frame; S: spike glycoprotein; SARS-CoV-2: severe acute respiratory syndrome coronavirus 2; UTR: untranslated region.

<sup>a</sup> Genes are in italics.

Note: We compared 10022 genomes to the NC\_045512 genome sequence.<sup>17</sup>

source : *Bull World Health Organ* 2020;98:495–504

## Les principales mutations de la séquence de la protéine S

### Variant anglais

Il est apparu en septembre 2020. On y observe plusieurs variations :

- Délétion des acides aminés 69-70 (désignée  $\Delta$ H69/V70) de la protéine S : elle provoque la perte des acides aminés histidine en position 69 et valine en position 70.
- Substitution de l'acide aminé 501 de la protéine S : N501Y. Or cette substitution est justement sur le lieu de contact entre S1 et ACE2 et elle favorise la fixation du virus. Cela induit une hausse de la contagiosité (un contact sera plus « efficace » avec cette souche) mais ne joue pas sur la virulence et les symptômes.

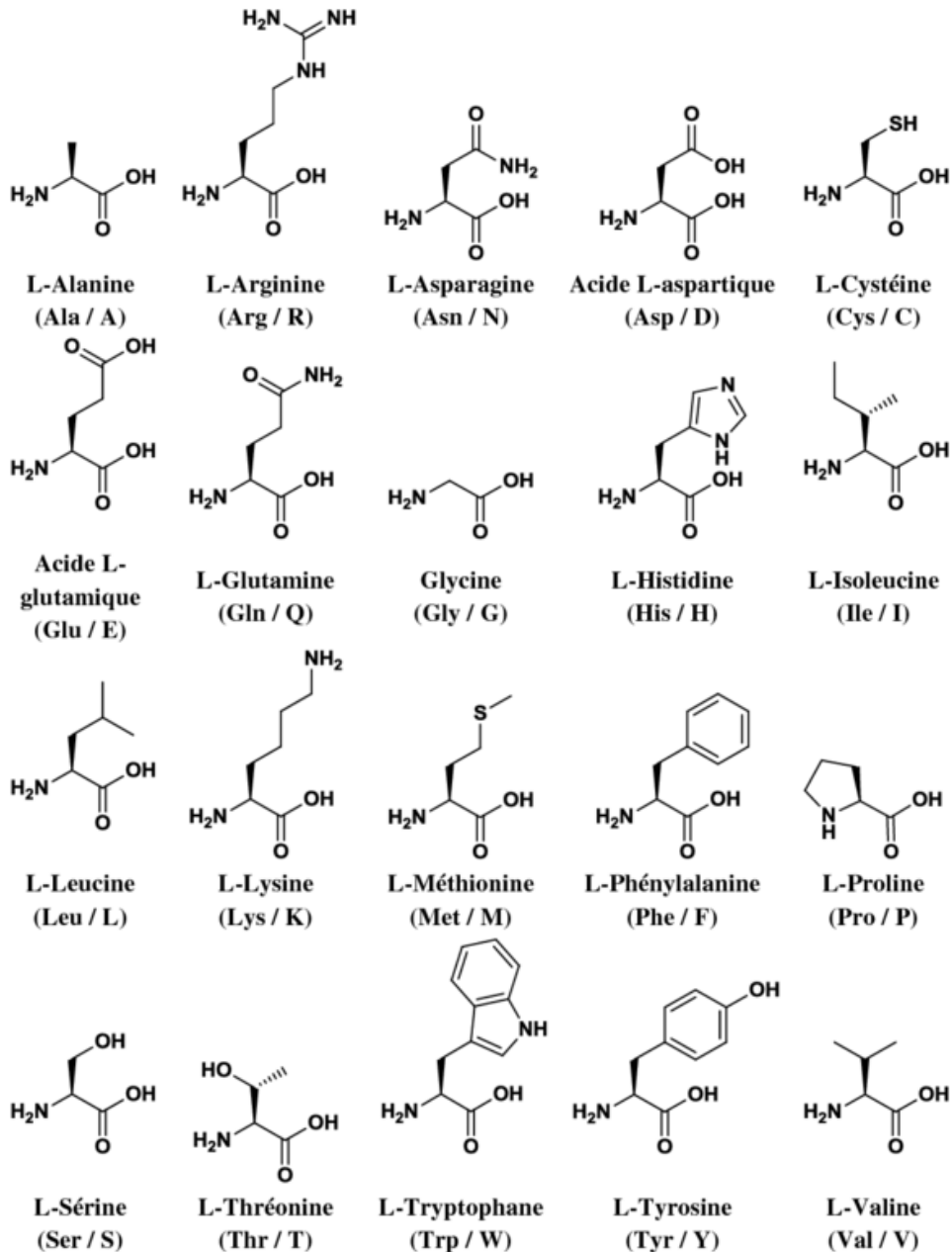
### Variant sud-africain

Ce variant détecté le 18 décembre 2020 repose sur les substitutions E484K, K417N et N501Y.

La substitution E484K pourrait être liée à un échappement du virus au système immunitaire, du fait d'une mauvaise reconnaissance par les anticorps. Par contre, les formes de la maladie ne sont pas plus sévères.

## Variant brésilien D614G

Le variant brésilien a été détecté chez des voyageurs venant du Brésil et ayant atterri au Japon le 9 janvier 2021. Il comprend 17 substitutions d'acides aminés, 3 délétions, 4 mutations silencieuses, et une insertion de 4 nucléotides. Parmi les substitutions sont retrouvées quelques mutations connues comme biologiquement importantes, dont les variations E484K, N501Y et K417T/N retrouvées dans le variant sud-africain.



### Sources

<https://www.lemonde.fr/blog/realitesbiomedicales/2021/01/18/covid-19-le-defi-des-nouveaux-variants/>  
*Bull World Health Organ* 2020;98:495–504