

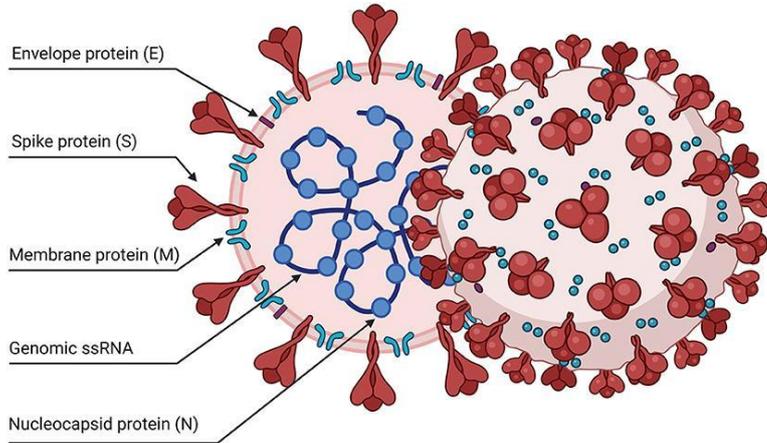
SVT	Thème 3 - Une histoire du vivant	Term Ens Scient
DST	Chapitre 2 - L'évolution comme grille de lecture du monde	ESTHER & PIOCHE

Fiche 4 - Evolution et apparition des variants du virus SARS-COV2

(ancien exercice de DST)

Dans cet exercice, nous nous intéresserons à l'évolution des variants du virus à l'origine de l'épidémie de COVID de 2019.

DOC1 - Structure du virus SARS-COV2



Le SARS-COV-2 est un virus, cela signifie qu'il est composé d'une enveloppe formée de protéines et d'une molécule d'ADN ou d'ARN portant des informations génétiques.

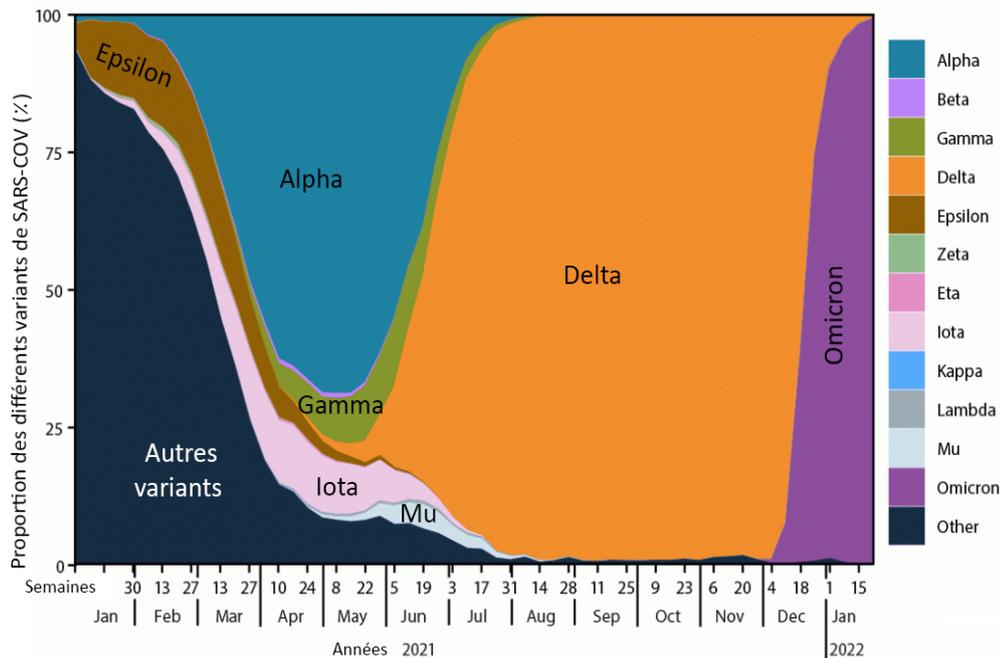
Pour le SARS-COV2, l'enveloppe est formée de protéine E, des protéines M et de protéine S (SPIKE). Le matériel génétique est de l'ARN et il est stabilisé par des protéines N.

Les gènes codant pour les protéines SPIKE de surface subissent fréquemment des mutations modifiant la capacité du virus à infecter l'humain.

Les gènes codant les protéines M et N subissent peu de mutations.

Source : *Frontiers in Virology* par Massimo PIZZATO et ses collègues du département de biologie intégrative de l'université de TRENTE, en Italie. <https://www.frontiersin.org/>

DOC2 - L'apparition de variants/mutants du virus SARS-COV2 dans le monde



Remarque : **en janvier 2024, le variant dominant reste le variant OMICRON.**

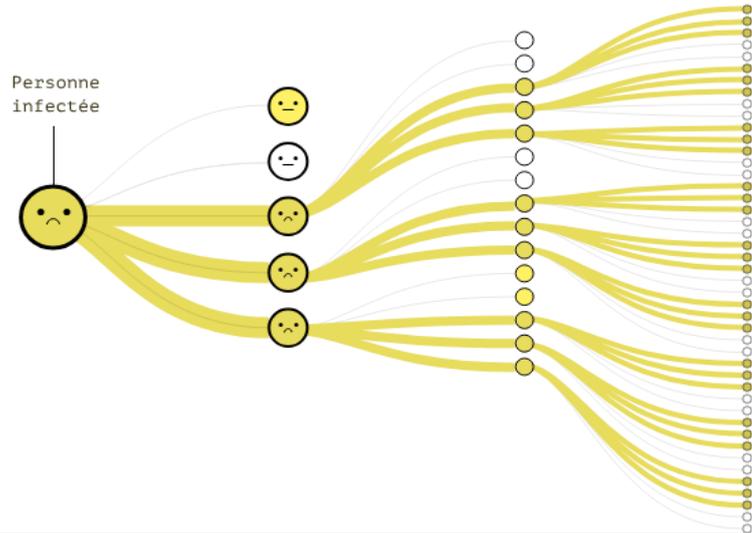
Source: CDC Center for Disease Control <https://www.cdc.gov/>

DOC3A - Comparaison des propriétés épidémiologiques différents variants du virus SARS-COV2

		Alpha	Gamma	Delta	Omicron
Mutations	Nombre de mutations observées par rapport à la souche d'origine	9	21	13	50
Indicateur de contagiosité	R₀ - Nombre de reproduction du virus (cf-doc3B)	4-5	1.5-2.5	5-8	9.5-10
Indicateur de létalité	Proportion moyenne de décès parmi les patients infectés dans les 30 premiers jours de l'infection	1.7%	2.4%	1.3%	0.6%

DOC3B - Le R_0 , un indicateur de la contagiosité d'un virus

Le R_0 , ou nombre de reproduction de base, indique le nombre moyen de nouveaux cas d'une maladie qu'une seule personne infectée et contagieuse va générer en moyenne dans une population non vaccinée ou immunisée.



Source : <https://www.lemonde.fr/>

Justifiez les réponses aux questions à partir de données tirées des documents et de vos connaissances :

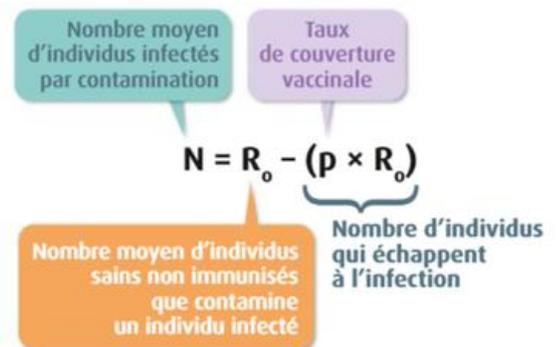
1. **En vous appuyant sur les documents, identifiez le mécanisme évolutif** permettant d'expliquer l'apparition de nouveaux variants. (2pts)
2. **A partir du document 2, décrivez l'évolution successive** des variants alpha, delta et omicron pendant l'année 2021. Pensez à donner des valeurs chiffrées. (2pts)
3. **Nommez et expliquez** le mécanisme évolutif qui explique le remplacement d'une souche majoritaire par une autre au cours du temps. (3pts)

DOC4 - Un modèle mathématique faisant le lien entre l'épidémie et la couverture vaccinale

Il existe un modèle mathématique permettant de modéliser le nombre de personnes infectées par contamination en fonction du R_0 et de la couverture vaccinale. Une vague épidémique se forme si N est supérieur à 1.

Depuis fin 2021, la couverture vaccinale contre le SARS-COV2 est stable à **80%** de la population française.

Source : <http://acces.ens-lyon.fr/>



DOC5 - Se préparer à l'émergence de nouveaux coronavirus

Après le SARS-CoV-1 en 2002 et le SARS-CoV-2 depuis 2019, nous ne sommes pas à l'abri qu'une autre souche émerge dans les prochaines années.

Les vaccins actuellement utilisés pour lutter contre l'épidémie de COVID cible les protéines de surface SPIKE. L'inconvénient, c'est que ces protéines subissent fréquemment des mutations. Il faut donc actualiser régulièrement les formules vaccinales.

Les derniers vaccins du COVID sont donc efficaces contre les variants OMICRON, moins contre les variants delta et alpha.

Les scientifiques cherchent donc à développer de nouveaux vaccins plus efficaces contre l'ensemble des coronavirus SARS-CoV. Leur solution, fabriquer un vaccin qui cible la **protéine (N)** du virus qui est conservée entre les variants du Sars-CoV-2 (elle subit peu de mutation).

Source : <https://www.anses.fr/fr/content/sars-cov-2-piste-vaccin-contre-tous-variants>

Justifiez les réponses aux questions à partir de données tirées des documents et de vos connaissances :

4. En vous basant sur un **calcul**, expliquez l'apparition d'une **vague épidémique** de COVID (souche Omicron) en France, fin 2021. Quel niveau de couverture vaccinale serait nécessaire pour éviter une vague épidémique ? (2pts)
5. **Donnez 2 arguments, justifiant la recherche de nouveaux vaccins** contre les SARS-CoV. (2pts)

Fiche 4+ : Les zoonoses

DOC1 - Présentation des zoonoses

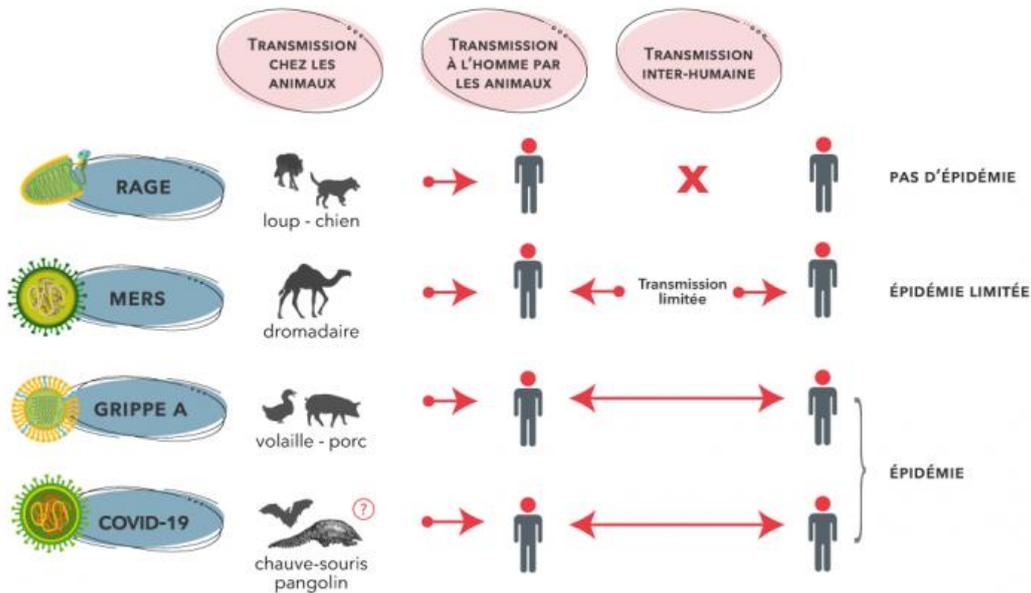
[\(https://www.who.int/\)](https://www.who.int/)

Une zoonose est une maladie infectieuse qui est passée de l'animal à l'homme. Les agents pathogènes zoonotiques peuvent être des bactéries des virus ou des parasites. Ils peuvent se propager à l'homme par contact direct ou par les aliments, l'eau ou l'environnement. Ils représentent un problème majeur de santé publique dans le monde entier en raison de notre relation étroite avec les animaux dans différents contextes (agriculture, animaux domestiques et environnement naturel).



DOC2 - Mécanismes de déclenchement d'épidémies d'origines zoonotiques

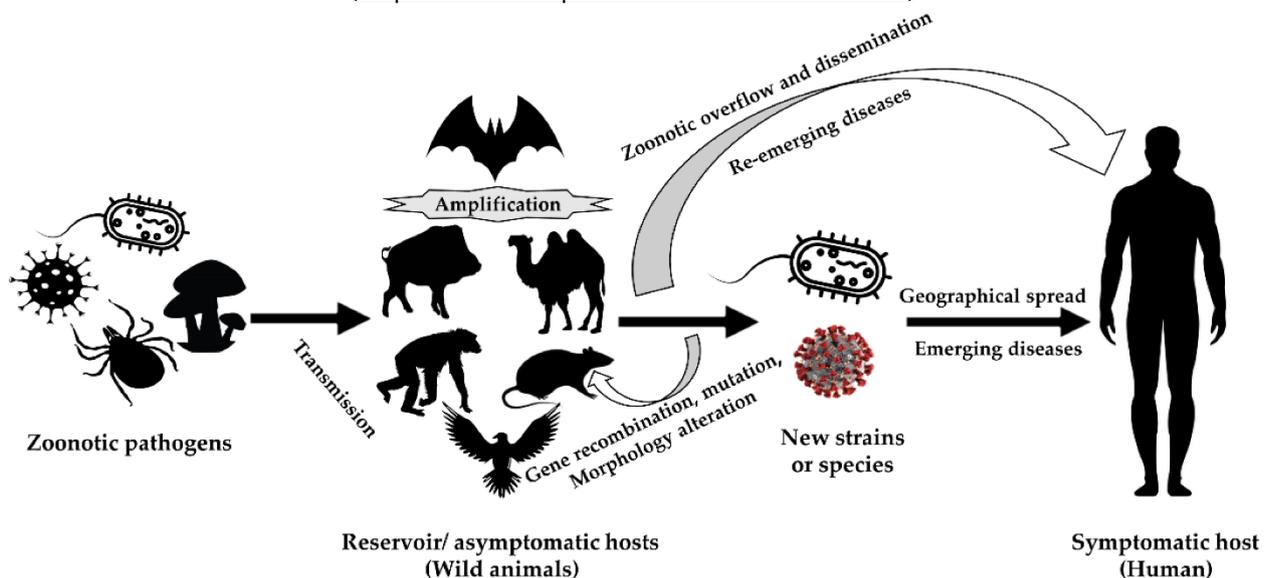
<https://www.inrae.fr/covid-19/mieux-comprendre-epidemie>



© INRAE, Charlotte Mermier - Infographie Véronique Gavalda

DOC3 - Evolution des pathogènes des réservoirs animaux à l'être humain

<https://www.mdpi.com/2076-2607/8/9/1405>



DOC4 – Déforestation et émergence du virus Nipah, un exemple type

(source : <https://www.inrae.fr/alimentation-sante-globale/one-health-seule-sante>)

La modification des milieux naturels par les activités humaines peut provoquer des zoonoses en créant des déplacements de la faune sauvage. Le virus Nipah en est une illustration bien connue : au tout début des années 2000, l'importante déforestation en Indonésie pour la production d'huile de palme a poussé des chauves-souris à quitter leur habitat naturel pour se réfugier près des populations humaines sur le sous-continent indien. Elles y ont trouvé de la nourriture, notamment des mangues, qu'elles ont contaminées par leur urine. En mangeant ces fruits ou en travaillant dans de grands élevages de porcs qui se nourrissaient de ces fruits, des hommes et des femmes ont été infectés par le virus Nipah, avec un taux de létalité atteignant 70 %. Depuis, un pays comme le Bangladesh connaît presque chaque année une nouvelle flambée épidémique due à ce virus.



DOC5 – Le Concept One Health (source : <https://www.inrae.fr/>)

One Health, « une seule santé ». Ce concept, initié au début des années 2000, fait suite à la recrudescence et à l'émergence de maladies infectieuses, en de la mondialisation des échanges. Il repose sur un principe simple, selon lequel la protection de la santé de l'Homme passe par celle de l'animal et de leurs interactions avec l'environnement. La santé animale, végétale, la santé de l'environnement et celle des humains sont donc intimement liés. C'est le cas par exemple lorsque l'on soigne des animaux d'élevage avec des antibiotiques. Cela entraîne des résistances transmissibles aux bactéries présentes dans notre microbiote, celui des animaux ou dans l'environnement. Les autres exemples de dégradations de l'environnement qui impacte la santé humaine sont nombreux.

