

Variants : investigation de nouvelles épidémies

26 janvier 2021

IHU Méditerranée-Infection

Bulletin d'informations scientifiques. Nous avons le droit d'être intelligents !

https://www.youtube.com/watch?v=fW_yIhxVU_0

Entretien avec le professeur Didier RAOULT.

J'ai mis le CV d'Etienne DECROLY pour montrer qu'un charlatan comme RAOULT travaille avec de nombreux autres "**charlatans**" (Dan).

Etienne DECROLY.

<https://www.futura-sciences.com/sante/actualites/coronavirus-coronavirus-il-origine-naturelle-issu-laboratoire-decryptage-virologue-etienne-decroy-84059/>

Question :

Professeur Didier RAOULT, pouvez-vous nous dire le processus qui a mené à l'émergence de mutants (1) du Covid-19 ?

Professeur Didier RAOULT :

D'abord une chose, vous voyez c'est très intéressant parce qu'il y a un débat comme les gens ne savent pas de quoi ils parlent, ils s'excitent beaucoup en particulier sur le rebond, pas le rebond, je me suis trompé, il n'y avait pas de rebond.

En réalité il n'y a jamais eu de rebond !

Il y a eu... on voit très bien sur nos données ici une première épidémie qui s'est terminée vraiment. C'est terminé. Et puis, il se passe là, maintenant une deuxième épidémie avec des hauts et des bas qui correspondent à des mutants différents.

Vous voyez, ici c'est les mutants de la première épidémie et ça, c'est les autres mutants.

Ce n'est pas la même maladie. Alors, je sais que des gens qui sont ignorants ou des gens qui sont... qui ont une vision des virus qui est fausse ne se rendent pas bien compte que les virus sont des êtres vivants ; qui sont vivants et qui mutent et malheureusement dans les équipes des gens qui donnent leur opinion, la plupart du temps, les gens ne savent pas du tout, non seulement ils ne savent pas du tout, mais pendant à peu près vingt-cinq ans de ma vie, je me suis disputé avec les gens qui ne savaient pas ce qu'étaient les réponses des virus, en particulier tous les gens, les ex de l'ANRS (2) qui à chaque étape mettaient des obstacles à ce que l'on fasse nous-mêmes les séquences parce que c'est quand vous faites vous-mêmes les séquences que vous voyez que... il n'y a pas une séquence de virus.

¹ Un mutant est un organisme ou une cellule présentant un caractère nouveau dû à une mutation génétique.

² L'Agence Nationale de Recherches sur le Sida et les hépatites virales. Maladies infectieuses émergentes est un organisme public créé en 1988 avec pour mission de fédérer, coordonner, animer et financer la recherche publique sur le VIH et les hépatites virales.

Quand on vous donne une séquence de virus, en réalité ce que l'on vous donne, c'est une séquence que nous on appelle "**démocratique**" c'est-à-dire on vous dit que la séquence que l'on vous donne est celle pour laquelle il y a la majorité des bases qui sont comme cela.

Mais en réalité, si vous faites des séquençages (3) un peu profonds, c'est-à-dire que vous séquencez l'équivalent de 300, 400, 500 virus, vous commencez à voir ce qui a été appelé pour les pros du sida : des quasi-espèces très fréquemment dans les virus à ARN (4) ; c'est-à-dire que l'on voit plusieurs virus à la fois et qu'il y en a un qui risque d'être sélectionné.

Par exemple nous, récemment ont a fait un séquençage profond pour quelqu'un qui était détecté comme ayant le variant dit "**anglais**" dont je vous parlais et c'est quand on faisait une séquence profonde qu'on voyait qu'il avait 30% de variant "**anglais**" (qui avait cette mutation), et qui avait 70% du plus habituel que l'on appelle le "**Marseille 4**", celui qui sévit en ce moment.

Donc bien sûr les virus changent et en fonction de leur changement et bien, ils sont susceptibles quand ils ont changé et qu'ils sont suffisamment différents de ceux de la première épidémie de causer de nouvelles épidémies.

Ce qui veut dire que l'on pensait que ce virus avait des mécanismes de réparation tels qu'il n'y aurait pas de variants parents très rapidement. Ce n'est pas vrai !

Ces mécanismes sont dépassés pour de multiples raisons.

Parmi les raisons dont je vais parler, il y a celle d'un réservoir animal domestique et je vous rappelle que je parlais le 5 mai 2020 de réservoirs animaux, en particulier domestiques avec le risque des animaux domestiques.

Je ne savais pas qu'il y avait des élevages de visons aussi répandus, ni même qu'il y en avait en France et dès août, j'ai expliqué que ce que nous voyons en France, c'était des mutants.

Alors les gens qui ne font pas des séquençages ne savent pas ce que c'est qu'un mutant.

Mais ils ont leur opinion quand même parce que c'est l'habitude que l'on a en particulier ce qui est révélé par ce Covid (SARS-Cov2 (5)), les gens qui ne savent pas de quoi il s'agit parlent, mais ce qu'ils disent quand même à la télévision ou parce qu'ils pensent que l'autorité du fait qu'ils ont été nommés à un poste ou à un autre, donne l'autorité scientifique !

Ce qui est fantastique !

Voyez, c'est comme si... je ne sais pas... le ministre de la culture d'un coup se disait ou commençait à dire que finalement Léonard de Vinci c'est... ça ne valait rien !

En quoi il est qualifié parce qu'il a été nommé ministre de la culture pendant deux ans ?

3 Le séquençage de l'ADN consiste à déterminer l'ordre d'enchaînement des **nucléotides** pour un fragment d'**ADN** donné.

La **séquence d'ADN** contient l'information nécessaire aux êtres vivants pour survivre et se reproduire. Déterminer cette séquence est donc utile aussi bien pour les recherches visant à savoir comment vivent les organismes que pour des sujets appliqués. En **médecine**, elle peut être utilisée pour identifier, diagnostiquer et potentiellement trouver des traitements à des **maladies génétiques** et à la **virologie**. En **biologie**, l'étude des séquences d'ADN est devenue un outil important pour la **classification des espèces**.

4 L'**acide ribonucléique** (ARN) est un **acide nucléique** présent chez pratiquement tous les **êtres vivants**, et aussi chez **certains virus**. L'ARN est très proche chimiquement de l'**ADN** et il est d'ailleurs en général synthétisé dans les **cellules** à partir d'une matrice d'ADN dont il est une copie.

Les cellules utilisent en particulier l'ARN comme un support intermédiaire des **gènes** pour **synthétiser** les **protéines** dont elles ont besoin. L'ARN peut remplir de nombreuses autres fonctions et en particulier intervenir dans des **réactions chimiques** du **métabolisme cellulaire**.

5 SARS-Cov2, Acronyme anglais pour : **Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2**.

Ce coronavirus hautement pathogène découvert en décembre 2019 dans la ville de Wuhan (province de Hubei, en Chine) est une nouvelle souche de l'espèce coronavirus SARS-Cov2.

La maladie à coronavirus 2019, d'où Covid-19.

Pour avoir une opinion sur la peinture ou sur la musique... qu'il donne son opinion comme un individu mais il n'a pas d'autorité pour juger ça et déterminer la beauté de la peinture ni la qualité de la musique.

Et ce qui se passe en science, c'est la même chose. Finalement c'est très effarant !

Enfin, revenons un peu à la science justement en essayant de simplifier beaucoup ce que nous avons et puis ce travail, cette présentation mais qui est très scientifique qu'a fait **Etienne DECROLY (6)** sur notre site.

Qu'est-ce qui se passe dans ce virus ? Parmi les choses qui se passent eh bien on a repéré qu'il y a une **protéine (7)** qui s'appelle "**Spike**" **(8)** qui est la protéine qui interfère avec nos cellules ; une des protéines qui interfère avec nos cellules.

Cette protéine Spike, c'est cette protéine qui a beaucoup varié et qui donne ce que l'on voit sur cette image des coronavirus qui sont plus ou moins associés avec tel ou tel animal.

Et vous voyez que les coronavirus sont extrêmement fréquents et donc, il y en a qui sont spécialisés dans l'humain, dans le chien, dans le chat, dans le lion, et d'autres que l'on voit chez les furets et chez les visons, et d'autres chez la souris, d'autres chez les hamsters...

Voilà !

Et celui que nous on voit actuellement se diffuser d'une manière très, très importante, qui cause presque tous les cas français, c'est l'un dont personne ne parle parce qu'il faut

6 Directeur de recherche.

AFMB Polytech Case 925. Campus de Luminy. 163 Avenue de Luminy 13288 Marseille CEDEX 09.
Fax : 04 91 82 86 38, Tel: 04 91 82 86 47, etienne.decroly@afmb.univ-mrs.fr.

Curriculum vitae

1994 : Thèse de doctorat Université Libre de Bruxelles (ULB) :

"Contribution à l'étude de la glycoprotéine d'enveloppe (gp160) du virus VIH-1"

Laboratoire de Chimie Physique des Macromolécules aux Interfaces, Professeur J.-M. Ruyschaert (Bruxelles, Belgique).

1995 à 1997 : Stage postdoctoral à l'institut de recherches cliniques de Montréal (IRCM) :

"Etude de l'implication des protéines convertases dans le processus de maturation de la glycoprotéine d'enveloppe (gp160) du virus VIH".

Laboratoire de Biochimie Neuro endocrinienne, Dr. N.G. Seidah (Montréal, Canada).

1998 à 2001 : 2eme stage post doctoral, Co-responsable de l'équipe VIF à l'INSERM-U372.

"Etude de l'implication de la protéine Vif du VIH dans le contrôle des défenses antivirales cellulaires".

Laboratoire : Pathogénie des Infections à Lentivirus, Dr. R. Vigne (Marseille, France).

Depuis 2005 Chargé de recherche CNRS (CR1) à l'AFMB-UMR6098.

"Identification et caractérisation d'enzymes virales impliquées dans la formation de la coiffe de virus à ARN".

Laboratoire AFMB, Réplication virale, structure, mécanismes & Drug-design, Dr. B. Canard (Marseille, France).

2011 HDR Aix Marseille Université.

2012 DR2 CNRS.

Activité d'enseignement à Aix Marseille Université. Institut Pasteur/Université Paris 6. Université du Sud/Toulon Var.

7 Les protéines ont été définies comme étant des macros molécules biologiques présente dans toutes les cellules vivantes, mais des travaux récents montrent qu'il existe aussi des centaines voire des milliers de micro ou nano protéines.

Elles sont formées de plusieurs chaînes polypeptidiques.

8 Spike (en anglais), spicule.

Le nom commun **Spike** est un mot **anglais** qui désigne un objet allongé et piquant, notamment un outil destiné à piquer (comme en français "**pique**", "**aiguille**" ou "**baïonnette**").

Par extension, il désigne une marque, un marquage ou un marqueur.

Un péplomère, appelé aussi spicule, protéine S ou, par anglicisme, protéine Spike, est une glycoprotéine prenant la forme d'une pique sur une capsid virale ou enveloppe virale retrouvée chez les virus.

<https://www.revmed.ch/RMS/2020/RMS-N-701/Mutation-dans-la-proteine-Spike-de-SARS-CoV-2>
<https://www.lemonde.fr/blog/realitesbiomedicales/tag/proteine-spike/>

reconnaitre que les gens ici n'ayant pas la culture du tout de la variation des virus, ont attendu que les anglais disent qu'ils avaient un variant pour découvrir qu'il y avait des variants !

D'où les variants qu'il y a ici. Tout le monde s'en fout parce que personne n'est capable de se rendre compte qu'il y a un variant ici alors qu'il représente entre 70 et 90% des infections depuis septembre 2020.

Vous voyez, c'est très intéressant !

Je sais que personne n'est prophète dans son pays...

On a probablement été les premiers au monde à repérer qu'il existait de nouveaux variants dans cet épisode européen ; que c'étaient des variants qui n'avaient rien à voir avec ce qui se passait avant. Donc vous voyez, il se trouve juste entre un mutant... donc c'est le petit 477 entre le 468 et le 484, l'un qui est connu chez le vison et l'autre qui est connu chez l'homme.

Ce n'est pas étonnant qu'il apparaisse là et qu'il ait cette possibilité d'affecter le vison et l'homme et c'est la raison pour laquelle on spéculer sur les liens du vison.

Malheureusement la seule séquence du vison qui a été faite dans ce pays, on n'a pas le droit d'avoir accès à ça pour vérifier parce qu'il y a quand même une obscurité dans les données qui sont recueillies au niveau de ce pays par les autorités qui est invraisemblable !

On n'a pas droit d'avoir accès à ces données !

Moi, elles sont toutes publiques mes données. Tous nos génomes complets sont sur GISAID (9), tout le monde peut les regarder mais moi je ne peux pas voir le génome du vison bien que j'ai demandé à toutes les autorités... enfin, peu importe, on finira bien par l'avoir quand même !

Donc, le mutant anglais, il est ici, là, sur celui qui est appelé "**anglais**", il est ici sur le 500, sur la mutation 501 qui est une mutation donc qui n'est pas particulièrement elle, liée au vison.

Je continue à avoir l'hypothèse que ces mutants ont été générés par le **remdesivir** (10) et les anticorps humains qui ont été injectés parce que les anticorps... maintenant on le sait, il y a un papier qui a été fait par une star de la microbiologie : **Clara Vitielli** (11) qui a montré

9 Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data (GISAID) est un projet qui a vu le jour le 24 août 2006, lorsqu'un groupe de chercheurs de renommée mondiale annonça la création d'une coalition internationale qui favoriserait le partage des données sur la **grippe** aviaire. Cette initiative fut annoncée dans une **lettre publiée par la revue Nature** [archive] signée par plus de 70 scientifiques dont sept **prix Nobel**.

GISAID fournit une plateforme donnant accès à une base de données publique et gratuite.

Les utilisateurs devront s'enregistrer et accepter de partager leurs propres données, de citer l'utilisation de données de contributeurs tiers, de les analyser, de les publier conjointement, et de ne pas s'opposer de droits de propriété intellectuelle concernant les technologies éventuellement dérivées de ces données (marqueurs diagnostiques et vaccins).

GISAID est par nature multinationale et pluridisciplinaire, rassemblant des experts dans les domaines de la **médecine**, de la médecine vétérinaire, de la **bio-informatique**, de l'**épidémiologie** et de la **propriété intellectuelle**. De ce travail interdisciplinaire doit émerger une nouvelle façon de communiquer et de partager l'information, chaque discipline ayant des intérêts bien distincts mais également des buts similaires.

Ce projet peut aider à surmonter les difficultés rencontrées jusqu'à maintenant quant au partage de l'information concernant la **grippe aviaire**, dans l'espoir qu'un partage accru des données permettra de mieux comprendre comment ces virus se propagent, évoluent, et deviennent potentiellement pandémiques.

Son champ d'action s'étend au **SARS-CoV-2** en 2020, lors de la **pandémie de Covid-19**.

10 Le remdesivir est un dérivé mono-phosphate d'un analogue de nucléosides de l'adénine créé par le laboratoire Gilead Sciences pour traiter la maladie à virus Ebola et les infections à virus Marburg.

<https://www.topsante.com/medecine/maladies-infectieuses/zoonoses/remdesivir-coronavirus-636651>

11 Clara Vitielli. Stage étudiant

Laboratoire Phytocontrol

2019 - 2019 moins d'un an

Région de Nîmes, France

que si on cultivait ce virus avec des anticorps rajouté et en ayant sélectionné des virus qui étaient résistants aux anticorps que l'on avait mis, ça marche très bien et pour le remdesivir c'est pareil, on a cela en laboratoire et **Bernard LA SCOLA (12)** est en train de montrer que c'est extrêmement facile d'avoir des résistances au remdesivir et donc il avait été démontré que le remdesivir a été mutagène sur les coronavirus avant l'apparition de celui-là et sur **Ebola (13)**.

Donc on savait que c'était des agents mutagènes et donc il y a une publication que je rappelle qui est "*The New England Journal of Medecine*" où on montre bien que cela soit du même genre bien que ce soit le même New England Journal of Medecine qui a passé son temps à faire de la publicité pour le remdesivir.

On montre que chez un patient qui a eu quatre fois des traitements par le remdesivir parce qu'il était porteur chronique ; il n'a jamais été guéri, ça ne marche pas, et que deuxièmement on était arrivé à voir des séquences et des variants considérables sous l'influence du remdesivir qui ne marche pas et qui a donné probablement avec l'aide des anticorps qui ont été donné, à sélectionner des mutants dont le devenir est imprévisible : le mutant, vous ne pouvez pas savoir à l'avance s'il va être dangereux ou pas dangereux ; contagieux ou pas contagieux ; mais en tout cas, c'est une source importante et donc j'ai résumé ça sur ce deuxième tableau qui est peut-être plus simple.

Voyez le 477 qui est celui qui circule actuellement, se trouve dans un site dans lequel les mutations sont associées à des pathogènes humains et à des pathogènes de vison ce qui me laisse penser que cela vient du vison.

Donc voilà les données que nous avons sur les variants.

Alors, quelle est la conséquence de ces variants ?

Est-ce que c'est vraiment plus épidémique ?

Est-ce que c'est plus dangereux ?

Je ne sais pas, il faudra voir les données. Encore une fois, si on revient sur les données qui ont été très négligées parce que personne ne voulait accepter l'idée que c'était une nouvelle épidémie avant qu'il y ait les observations anglaises : ce que l'on faisait nous, cela ne comptait pas !

Ce que l'on voit là quand même, c'est que cette épidémie-là, avec ce variant 4 qui a commencé en septembre est quand même beaucoup plus long, beaucoup plus épidémique et par la force des choses a tué plus de gens parce que la proportion des gens morts et leur âge et leur condition est la même, la moyenne d'âge des gens qui sont morts c'est 80 ans. Mais comme ici cela a duré un mois et demi et que là cela dure depuis septembre jusqu'à janvier, il y a beaucoup de morts.

Donc cette épidémie-là est aussi beaucoup plus contagieuse par définition, dure beaucoup plus longtemps que la première épidémie qui nous avons et donc je pense que ce qui se passe avec le mutant anglais... je ne suis pas très inquiet par l'existence de ce mutant anglais.

Mais ce mutant anglais on en a ici bien sûr, des gens qui sont revenus d'Angleterre, ça passe les frontières.

Compétences : Ensemencement, cultures bactériennes, dénombrement bactérien, études de Normes, méthode horizontale de recherche bactérienne, filtration sur membrane, PCR, mise en place d'une souchothèque.

12 Professeur des universités, **Bernard La Scola** est Responsable du parcours Maladies infectieuses et microbiote. Courriel : bernard.la-scola@univ-amu.fr Adresse Postale : URMITE UMR 7278 IHU.

13 Le virus **Ebola** est l'agent infectieux qui provoque, chez l'humain et les autres primates, des fièvres souvent hémorragiques (la maladie à virus **Ebola**) à l'origine d'épidémies historiques notables par leur ampleur et leur sévérité.

On en a eu qui sont venus du Liban ; ça flambe au Liban, on travaille avec les libanais à peu près la moitié des cas que nous avons eu de séquences du Liban étaient des mutants anglais.

On en a eu qui sont venus de Dubaï.

On en a eu une qui a attrapé cela à l'aéroport, sans avoir voyagé : ça arrive dans les aéroports, les choses circulent.

Voilà, on a eu aussi, il y a un dérivé d'autres mutants qui ont cette mutation mais qui n'ont pas les autres modifications dans le génome identique à celles du mutant anglais et qui sont le mutant sud-africain et brésilien. Donc ça, on en a. On a eu des gens qui viennent des Comores parce que le mutant sud-africain est passé assez facilement aux Comores, si vous connaissez un peu la géographie, vous pouvez comprendre que ce n'est pas très loin.

Et puis nous avons encore d'autres mutants nouveaux qui ont cette mutation et qui n'ont ni le génome des brésiliens et des sud-africains, ni celui des anglais qui sont encore d'autres nouveaux mutants ; ceux-là, on ne sait pas ce qu'ils deviendront ?

Ce que l'on voit c'est un virus qui mute et que donc on verra plusieurs mutations... la vie avec ce virus, on ne sait pas combien de temps cela va durer ? Il va falloir peut-être à cette occasion reprendre des leçons de base pour comprendre comment les choses se passent et les gérer en prenant en compte la leçon de l'année dernière.

Question :

Est-ce que ces mutations peuvent avoir des conséquences quant à l'efficacité du vaccin ?

Professeur Didier RAOULT :

C'est une très bonne question et cela va dépendre de quel vaccin nous parlons.

Il y a dans la science occidentale une dérive réductionniste qui est dangereuse. C'est-à-dire, de dire : "Ecoutez voilà puisque l'on sait (que l'on croit savoir) que c'est la protéine spike qui est essentielle, qu'il n'y a qu'elle, on fait des vaccins avec la protéine spike et donc, c'est comme si vous jouiez à la roulette, et que vous mettiez le paquet sur un numéro. La chance que cela marche (alors, si ça marche, tant mieux, vous gagnez... tout ce qui se passe, vous gagnez beaucoup !) mais la chance que ça ne marche pas est plus grande que si vous jouez rouge ou noir, vous voyez, ou si vous jouez petit/grand ou pair/impair ; je ne sais pas ?

Je ne sais pas très bien, je ne suis pas spécialiste de la roulette !

Et donc, c'est plus dangereux de tout baser sur spike que... et d'ailleurs, je m'excuse, les chinois qui sont plus malins que nous n'ont pas du tout fait cela ! Comme vaccin, ils ont fait un vaccin qui est un vaccin qui sont des virus inactivés dans lequel il y a plusieurs virus entiers donc si le spike ne marche pas, on peut espérer que la protection qui serait donnée par les autres protéines qui répondent comme cela, on appelle ça les épitopes (14) ; permettraient d'avoir une protection relative parce que si vous misez tout sur le spike et si le spike change alors vous avez tout perdu !

Parce que si vous avez toutes les protéines, peut-être que vous êtes moins spécifique mais vous ne perdez pas tout s'il y a une protéine qui change.

Alors, est-ce que cela va changer quelque chose ?

C'est compliqué ! Alors, vous voyez sur cette image, on voit les protéines des épitopes dont on sait qu'ils sont des cibles des anticorps ; donc si on met des anticorps pour neutraliser et bien voilà ce que sont les cibles et vous voyez que ce n'est pas par hasard qu'on retrouve le 477 qui est celle que nous avons appelé Marseille 4, qu'on a découvert en premier.

Vous avez la 501 d'accord, qui est avec le 477 deux cibles de la réponse aux anticorps. Cela veut dire que si vous changez cette cible-là, vous risquez d'avoir des anticorps qui marchaient et qui ne vont plus marcher ! Et peut-être pour celle-là aussi ?

14 Un épitope, aussi appelé déterminant antigénique, est une molécule qui peut être reconnue par le paratope (partie variable d'un anticorps ou d'un récepteur membranaire des lymphocytes B : CCR), pour déterminer si elle appartient au domaine du soi ou au domaine du non-soi.

Alors, cela a été vérifié sur ce travail ; c'est toujours des travaux qui ont été présentés par Etienne DECROLY...et bien que se passe-t-il si vous mettez effectivement la 501, ce qui se passe si vous changez la 501 ; ce qui se passe, c'est que les anticorps qui ont été générés par les patients vaccinés ne marchent plus !

Cela veut dire que la possibilité si l'immunité donnée par la vaccination est seulement limité et donnée par les anticorps ; cela ne marche pas !

Et donc, si vous faites des transfusions de plasma avec la première épidémie et que vous avez un mutant anglais : ça ne marche pas !

Si on peut extrapoler à partir des données scientifique, à ce que nous voyons... c'est plausible en tout vas.

Voilà, cela pose une question et ça permet de revenir à faire comprendre... ça explique que l'espèce d'affolement récurrent qu'on voit chez les gens qui se trouvent à prendre des décisions actuellement, qui devraient être plus calmes, c'est qu'il n'y avait pas de baguette magique avec le remdesivir qui a probablement aggravé le problème épidémique ; en tout cas c'est mon interprétation.

J'espère que l'on ne va plus en prescrire ! Il faut arrêter, cela ne marche pas, la preuve que cela ne marche pas et cela favorise les mutations : il faut arrêter !

La deuxième chose effectivement, il faut arrêter d'avoir des foyers de multiplication d'animaux domestiques, en particulier les visons : il faut arrêter !

Et il faut surveiller de près les porcs pour qu'on ne se retrouve pas avec une émergence chez les porcs.

Et puis maintenant, il faut revenir à la médecine c'est-à-dire qu'il faut détecter les patients, il faut... alors on a de nouveaux éléments pour éventuellement les surveiller... alors ce n'est pas autorisé comme matériel médical, vous voyez : c'est des montres chinoises.

Allez là, je l'ai payée 35 euros et cette montre chinoise vous donne :

- Le pouls,
- La température,
- La saturation en oxygène,
- La fréquence respiratoire.

Elle vous fait un électrocardiogramme qu'elle peut envoyer sur votre téléphone portable que vous pouvez envoyer aux médecins, ils vous interprètent l'électrocardiogramme en vous disant : c'est l'espace QT (15) qui est devenu à la mode avec l'hydroxy chloroquine où les anomalies cardiaques qu'elle va détecter ou si vous le signalez à votre médecin. Et donc si vous êtes positif et que l'on vous prend en charge et que vous avez ça (la montre), vous pouvez être surveillé à la maison et appeler votre médecin parce que vos constantes peuvent être surveillées en permanence.

Ça c'est moderne.

Donc on va s'en sortir avec la technologie, c'est la technologie, et puis il faut arrêter... ce gouvernement doit arrêter de faire la guerre aux traitements qui ne sont pas le remdesivir !

On doit laisser la possibilité d'utiliser et de tester... (Moi, j'ai même des projets de recherche qui sont rejetés dans ce pays), pour pouvoir évaluer des médicaments qui ne coutent rien.

Il faut s'arrêter, il faut laisser... il faut tourner une page.

15 L'intervalle QT désigne le laps de temps qui sépare les ondes Q et T sur le tracé d'un électrocardiogramme. Temps qui sépare le début de la dépolarisation du myocarde ventriculaire (début du complexe QRS) de la fin de la repolarisation (fin de l'onde T).

L'intervalle QT traduit donc la durée de la systole électrique du ventricule et reflète à la fois la qualité de la conduction intraventriculaire et celle de la repolarisation ventriculaire.

C'est un marqueur électrocardiographique fondamental en électrophysiologie en raison d'un lien possible entre la durée et l'hétérogénéité du QT avec la survenue d'arythmies ventriculaires potentiellement fatales.

Le Conseil de l'Ordre doit nous protéger plutôt que nous attaquer... moi je suis harcelé par le Conseil de l'Ordre parce que je soigne les malades et parce que l'on a soigné 14 000 malades ici !

Ça suffit ! Le Conseil de l'Ordre ne devrait pas être quelque chose qui est juste aux ordres incompréhensibles de gens qui ne savent pas de quoi ils parlent !

Ce n'est pas le Conseil de l'Ordre qui doit dire la science !

Il est sorti un arrêté en décembre... maintenant cela va être le Conseil de l'Ordre qui va dire ce qui est scientifiquement établi !

Mais vous rigolez ! Ce Conseil de l'Ordre... prenez tous les gens qui sont là, vous les comparez avec ce qu'ils ont fait dans la thérapeutique des maladies infectieuses !

C'est eux qui vont me dire ce que je dois faire ?

Et j'espère bien que les confrères comprendront : c'est nous qui avons mis ces gens en place en les élisant. On va avoir des élections, fait faire attention, il ne faut pas remettre les mêmes !

L'analyse qui a été faite par la Cour des comptes du Conseil de l'Ordre est une analyse qui est terrifiante !

Le gouvernement aurait dû prendre des mesures radicales pour remettre ça dans l'ordre (c'est le cas de le dire, Dan) et ensuite, la fonction du Conseil de l'Ordre c'est de régler les différents déontologiques entre les confrères et entre les patients et les médecins ; ça n'est pas de faire régner un ordre ponctuel fait par un ministre de passage... parce que les ministres à la santé ça dure deux ans et demi, ça n'a pas une connaissance intrinsèque de la vie de la science ; il faut être modeste ! D'accord !

Et donc, j'espère bien que ça s'arrêtera et que l'on pourra revenir à un monde normal dans lequel face à une maladie on va voir son médecin. Les médecins doivent recevoir les malades en prenant les précautions pour ne pas être malades et le gouvernement doit leur fournir les masques nécessaires pour pouvoir le faire.

Deuxièmement ils doivent prendre en charge les gens, les examiner s'ils ont des facteurs de risque et les prendre en charge et donc il faut revenir à la médecine qui semble avoir été oubliée dans l'affolement et quant au risque et à la mortalité... écoutez, on verra, je vous en reparlerai, mais globalement les gens qui meurent ont en moyenne 80 ans ce qui ne devait pas changer d'une manière radicale l'espérance de vie qui est déjà de 80 ans !

Ces gens qui ont 80 ans meurent bien sûr ; si on peut prolonger la vie... et c'est ce que l'on fait avec des moyens techniques, ainsi "l'optiflow" (16) qui nous permet d'oxygéner les gens sans les envoyer en réanimation.

Tout ça, il faut nous servir de la technologie actuelle et de tous les moyens qui sont à notre disposition pour soigner les gens et cette espèce de censure sur les médicaments anciens, associée à une incapacité à utiliser les moyens technologiques nouveaux sont inquiétants !

16 Optiflow ou haut débit nasal.

Le Haut Débit Nasal a été utilisé par les cliniciens comme assistance respiratoire pour les patients COVID-19 pendant l'épidémie en Chine.

Le Haut Débit Nasal est reconnu par l'Organisation Mondiale de la santé (OMS) pour le traitement des patients atteints de COVID-19.

L'OMS dit que le Haut Débit Nasal doit être utilisé avec des précautions contre la transmission par voie aéroportée.

Notes :

1) Un mutant est un organisme ou une cellule présentant un caractère nouveau dû à une mutation génétique.

2) L'Agence Nationale de Recherches sur le Sida et les hépatites virales. Maladies infectieuses émergentes est un organisme public créé en 1988 avec pour mission de fédérer, coordonner, animer et financer la recherche publique sur le VIH et les hépatites virales.

3) Le séquençage de l'ADN consiste à déterminer l'ordre d'enchaînement des **nucléotides** pour un fragment d'**ADN** donné.

La **séquence d'ADN** contient l'information nécessaire aux êtres vivants pour survivre et se reproduire. Déterminer cette séquence est donc utile aussi bien pour les recherches visant à savoir comment vivent les organismes que pour des sujets appliqués. En **médecine**, elle peut être utilisée pour identifier, diagnostiquer et potentiellement trouver des traitements à des **maladies génétiques** et à la **virologie**. En **biologie**, l'étude des séquences d'ADN est devenue un outil important pour la **classification des espèces**.

4) L'**acide ribonucléique (ARN)** est un **acide nucléique** présent chez pratiquement tous les **êtres vivants**, et aussi chez **certains virus**. L'ARN est très proche chimiquement de l'**ADN** et il est d'ailleurs en général synthétisé dans les **cellules** à partir d'une matrice d'ADN dont il est une copie.

Les cellules utilisent en particulier l'ARN comme un support intermédiaire des **gènes** pour **synthétiser** les **protéines** dont elles ont besoin. L'ARN peut remplir de nombreuses autres fonctions et en particulier intervenir dans des **réactions chimiques** du **métabolisme cellulaire**.

5) SARS-Cov2, Acronyme anglais pour : **Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2**.

Ce coronavirus hautement pathogène découvert en décembre 2019 dans la ville de Wuhan (province de Hubei, en Chine) est une nouvelle souche de l'espèce coronavirus SARS-Cov2.

La maladie à coronavirus 2019, d'où Covid-19.

6) Directeur de recherche.

AFMB Polytech Case 925. Campus de Luminy. 163 Avenue de Luminy 13288 Marseille CEDEX 09.

Fax : 04 91 82 86 38, Tel: 04 91 82 86 47, etienne.decroly@afmb.univ-mrs.fr.

Curriculum vitae

1994 : Thèse de doctorat Université Libre de Bruxelles (ULB) :

"Contribution à l'étude de la glycoprotéine d'enveloppe (gp160) du virus VIH-1"

Laboratoire de Chimie Physique des Macromolécules aux Interfaces, Professeur J.-M. Ruyschaert (Bruxelles, Belgique).

1995 à 1997 : Stage postdoctoral à l'institut de recherches cliniques de Montréal (IRCM) :

"Etude de l'implication des protéines convertases dans le processus de maturation de la glycoprotéine d'enveloppe (gp160) du virus VIH".

Laboratoire de Biochimie Neuro endocrinienne, Dr. N.G. Seidah (Montréal, Canada).

1998 à 2001 : 2eme stage post doctoral, Co-responsable de l'équipe VIF à l'INSERM-U372.

"Etude de l'implication de la protéine Vif du VIH dans le contrôle des défenses antivirales cellulaires".

Laboratoire : Pathogénie des Infections à Lentivirus, Dr. R. Vigne (Marseille, France).

Depuis 2005 Chargé de recherche CNRS (CR1) à l'AFMB-UMR6098.

"Identification et caractérisation d'enzymes virales impliquées dans la formation de la coiffe de virus à ARN".

Laboratoire AFMB, Réplication virale, structure, mécanismes & Drug-design, Dr. B. Canard (Marseille, France).

2011 HDR Aix Marseille Université.

2012 DR2 CNRS.

Activité d'enseignement à Aix Marseille Université. Institut Pasteur/Université Paris 6. Université du Sud/Toulon Var.

7) Les protéines ont été définies comme étant des macros molécules biologiques présente dans toutes les cellules vivantes, mais des travaux récents montrent qu'il existe aussi des centaines voire des milliers de micro ou nano protéines.

Elles sont formées de plusieurs chaînes polypeptidiques.

8) Spike (en anglais), spicule.

Le nom commun **Spike** est un mot **anglais** qui désigne un objet allongé et piquant, notamment un outil destiné à piquer (comme en français "**pique**", "**aiguille**" ou "**baïonnette**").

Par extension, il désigne une marque, un marquage ou un marqueur.

Un péplomère, appelé aussi spicule, protéine S ou, par anglicisme, protéine Spike, est une glycoprotéine prenant la forme d'une pique sur une capsid virale ou enveloppe virale retrouvée chez les virus.

<https://www.revmed.ch/RMS/2020/RMS-N-701/Mutation-dans-la-proteine-Spike-de-SARS-CoV-2>

<https://www.lemonde.fr/blog/realitesbiomedicales/tag/proteine-spike/>

9) Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data (GISAID) est un projet qui a vu le jour le 24 août 2006, lorsqu'un groupe de chercheurs de renommée mondiale annonça la création d'une coalition internationale qui favoriserait le partage des données sur la **grippe** aviaire. Cette initiative fut annoncée dans une **lettre publiée par la revue Nature** [**archive**] signée par plus de 70 scientifiques dont sept **prix Nobel**.

GISAID fournit une plateforme donnant accès à une base de données publique et gratuite.

Les utilisateurs devront s'enregistrer et accepter de partager leurs propres données, de citer l'utilisation de données de contributeurs tiers, de les analyser, de les publier conjointement, et de ne pas s'opposer de droits de propriété intellectuelle concernant les technologies éventuellement dérivées de ces données (marqueurs diagnostiques et vaccins).

GISAID est par nature multinationale et pluridisciplinaire, rassemblant des experts dans les domaines de la **médecine**, de la médecine vétérinaire, de la **bio-informatique**, de l'**épidémiologie** et de la **propriété intellectuelle**. De ce travail interdisciplinaire doit émerger une nouvelle façon de communiquer et de partager l'information, chaque discipline ayant des intérêts bien distincts mais également des buts similaires.

Ce projet peut aider à surmonter les difficultés rencontrées jusqu'à maintenant quant au partage de l'information concernant la **grippe aviaire**, dans l'espoir qu'un partage accru des données permettra de mieux comprendre comment ces virus se propagent, évoluent, et deviennent potentiellement pandémiques.

Son champ d'action s'étend au **SARS-CoV-2** en 2020, lors de la **pandémie de Covid-19**.

10) Le remdesivir est un dérivé mono-phosphate d'un analogue de nucléosides de l'adénine créé par le laboratoire Gilead Sciences pour traiter la maladie à virus Ebola et les infections à virus Marburg.

<https://www.topsante.com/medecine/maladies-infectieuses/zoonoses/remdesivir-coronavirus-636651>

11) Clara Vitielli. Stage étudiant
Laboratoire Phytocontrol

2019 – 2019 moins d'un an. Région de Nîmes, France.

Compétences : Ensemencement, cultures bactériennes, dénombrement bactérien, études de Normes, méthode horizontale de recherche bactérienne, filtration sur membrane, PCR, mise en place d'une souchothèque.

12) Professeur des universités, **Bernard La Scola** est Responsable du parcours Maladies infectieuses et microbiote. Courriel : *bernard.la-scola@univ-amu.fr* Adresse Postale : URMITE UMR 7278 IHU.

13) Le virus **Ebola** est l'agent infectieux qui provoque, chez l'humain et les autres primates, des fièvres souvent hémorragiques (la maladie à virus **Ebola**) à l'origine d'épidémies historiques notables par leur ampleur et leur sévérité.

14) Un épitope, aussi appelé déterminant antigénique, est une molécule qui peut être reconnue par le paratope (partie variable d'un anticorps ou d'un récepteur membranaire des lymphocytes B : CCR), pour déterminer si elle appartient au domaine du soi ou au domaine du non-soi.

15) L'intervalle QT désigne le laps de temps qui sépare les ondes Q et T sur le tracé d'un électrocardiogramme. Temps qui sépare le début de la dépolarisation du myocarde ventriculaire (début du complexe QRS) de la fin de la repolarisation (fin de l'onde T).

L'intervalle QT traduit donc la durée de la systole électrique du ventricule et reflète à la fois la qualité de la conduction intraventriculaire et celle de la repolarisation ventriculaire.

C'est un marqueur électrocardiographique fondamental en électrophysiologie en raison d'un lien possible entre la durée et l'hétérogénéité du QT avec la survenue d'arythmies ventriculaires potentiellement fatales.