

Covid-19 : cinq questions sur le variant breton

DÉCRYPTAGE - Pourquoi n'est-il pas détectable par test PCR ? Peut-il se répandre ? Est-il moins dangereux que les autres variants ? *Le Figaro* fait le point.

Par Jeanne Sénéchal

Publié il y a 3 heures,

Mis à jour il y a 3 heures



Cellule infectée par le SARS-COV-2. NIAID / REUTERS

Lundi 15 mars, la direction générale de la santé a annoncé dans un communiqué de presse l'apparition d'un «*variant breton*» qui serait indétectable dans les tests PCR. Information qui peut sembler inquiétante de prime abord, toutefois, la Direction générale de la santé (DGS) se veut rassurante : «*Les premières analyses de ce nouveau variant ne permettent pas de conclure, ni d'une gravité, ni d'une transmissibilité accrue par rapport au virus historique*». Pourquoi n'est-il pas détectable par test PCR ? Peut-il se répandre ? Est-il moins dangereux que les autres mutations du virus ? *Le Figaro* fait le point.

[À découvrir](#)

→ **Test, isolement : la marche à suivre en cas de suspicion de Covid-19**

Où et quand est-il apparu ?

Le «*variant breton*» a été découvert pour la première fois dans le centre hospitalier de Lannion, suite à la révélation d'un cluster au sein de l'établissement le 22 février dernier. Trois semaines plus tard, selon la DGS, «*79 cas ont été identifiés, dont 8 cas porteurs du variant, confirmés par séquençage*».

L'hôpital de Lannion sur Google Maps *Google Maps*

Pourquoi n'est-il pas détectable par TR-PCR ?

Alors que des personnes présentaient des symptômes typiques suggérant une infection par le SARS-CoV-2, les tests sur des échantillons nasopharyngés revenaient négatifs. Interrogé par *Le Figaro*, l'épidémiologiste Pascal Crépey, enseignant-chercheur en épidémiologie et biostatistiques à l'École des hautes études en santé publique, explique que «*cela peut venir de deux scénarios : un rassurant, un plus inquiétant*».

Le scénario dit « rassurant ». Si le virus n'a pas été détecté par les voies supérieures aériennes, cela signifie qu'il ne s'y trouve pas, et donc qu'il a migré rapidement dans les poumons. Or, si c'est le cas, cela signifie également qu'il sera moins contagieux, car la principale voie de contamination, par aérosols, sera réduite.

À VOIR AUSSI - Variant breton: il n'est «ni plus grave ni plus transmissible» que le virus historique, selon le directeur général de l'ARS Bretagne

Le scénario inquiétant. Les résultats négatifs des tests PCR peuvent aussi signifier que le virus a suffisamment muté pour ne plus être détectable. Cela poserait un vrai problème de détection parce que ça mettrait à mal toute la stratégie de contact tracing.

Même si le premier scénario est plus probable pour Pascal Crépey, car le virus *«semble avoir été détecté dans les poumons une fois les examens profonds effectués»*. Pourtant, une question se pose : *«Comment a-t-il pu être à l'origine d'un cluster s'il est moins contagieux ?»*, soulève l'épidémiologiste. *«L'investigation nous le dira.»*

Peut-il se répandre ailleurs ?

«Si un variant échappe à la détection, cela signifie qu'il est peut-être déjà sorti de la zone sans qu'on s'en rende compte», commence Pascal Crépey. Toutefois, le cluster est investigué depuis quelques semaines déjà, constate-t-il. Des mesures ont été prises par les autorités locales, les préfetures et l'agence régionale de santé pour freiner la propagation du virus, notamment *«en accélérant la vaccination, en rappelant l'importance des gestes barrières ou en limitant les rassemblements»*, écrit la DGS dans son communiqué. *«Une surveillance épidémiologique de la population a également été faite»*, ajoute Pascal Crépey : *«Les autorités ont observé d'éventuelles apparitions de symptômes dans les populations aux alentours et n'ont pas détecté de cas suspect.»* La situation semble sous contrôle selon lui.

Qu'est-ce que la catégorie «Clade 20C» de ce variant ?

Dans son communiqué de presse, la DGS évoque le variant dérivé de «Clade 20C». Au *Figaro*, Pascal Crépey explique que ce terme est utilisé pour décrire une famille de variant, le 20 représentant l'année d'apparition: *«On regroupe par 'Clade' les virus qui sont relativement proches génétiquement, et tous ces virus sont issus des familles 19-A et 19-B, les familles initiales chinoises»*.

Pour aller plus loin, Mircea Sofonea, maître de conférences en épidémiologie et évolution des maladies infectieuses à l'université de Montpellier, prend l'exemple d'un arbre : *«en séquençant, on peut établir un 'arbre de parenté', dit 'phylogénétiques'. Selon certains paramètres fixés, vous allez rapprocher des feuilles —les virus chez les patients séquencés—, puis vous allez remarquer que certaines branches se rejoignent à un moment. Quand vous vous concentrez sur ces regroupements, vous allez voir apparaître des petits bosquets : ce sont les 'Clades'.»*

«Variant d'intérêt» ou «variant à suivre» ?

La mutation d'un virus est un processus naturel puisque celui-ci connaît des mutations au fil du temps, pour assurer sa survie. À ce stade, trois variants dans le monde sont considérés comme particulièrement préoccupants: ceux qui ont été détectés en Angleterre, en Afrique du Sud et au Japon — appelé variant brésilien, car repéré sur des voyageurs venant du Brésil —.

Il existe une deuxième catégorie de variants, surveillés par la communauté scientifique internationale à cause de leurs caractéristiques génétiques potentiellement problématiques. Dans cette catégorie, *«on va étudier le mutant est plus sévère, s'il se transmet plus facilement ou s'il échappe à l'immunité, »* explique Pascal Crépey. *« Avant de pouvoir savoir si un variant est plus sévère ou transmissible, il faut investiguer les cas et pratiquer une surveillance. C'est ce qui se passe pour le variant breton. »*