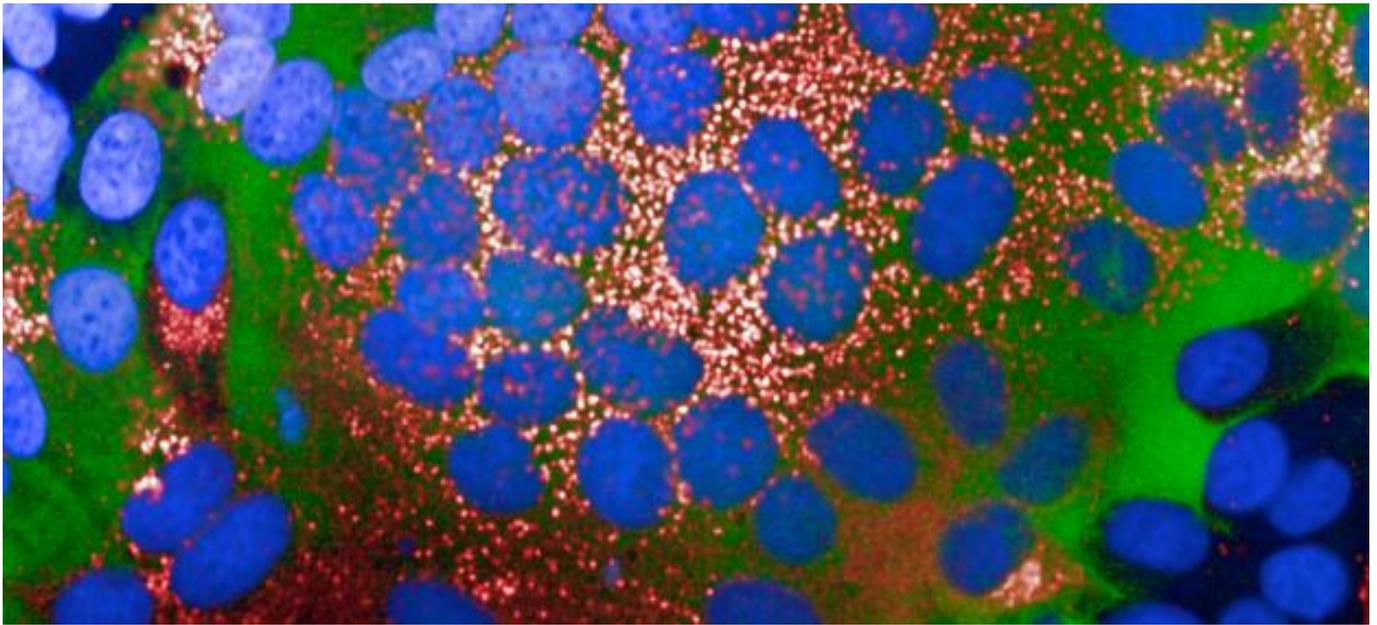


11 OCTOBRE 2021

Communiqué de presse



Les variants Alpha, Bêta et Delta de SARS-CoV-2 possèdent des propriétés de fusion virale augmentée par rapport aux souches plus anciennes

Exemple de syncytia (cellules humaines infectées par SARS-CoV-2). En vert les cellules ayant fusionné et formé des syncytia, en rouge, production de la Spike, en bleu les noyaux cellulaires. © Institut Pasteur

Dans une nouvelle étude publiée dans [EMBO Journal](#) le 2 octobre 2021, des chercheurs et des chercheuses de l'Institut Pasteur, du CNRS, d'Université de Paris, du *Vaccine Research Institute* et de Sorbonne Université ont étudié les mécanismes de fusion de différents variants de SARS-CoV-2 : Alpha (initialement identifié en Grande-Bretagne), Bêta (initialement identifié en Afrique du Sud) et Delta (initialement identifié en Inde). Le variant Delta est désormais le variant prédominant au niveau mondial, et représente 99 % des séquences virales dans de nombreux pays.

La fusion virale est un mécanisme ayant lieu à deux moments du cycle de multiplication du virus. La première étape commence lors de l'entrée des particules virales dans de nouvelles cellules hôtes. La deuxième étape se produit lorsque la cellule infectée va produire la protéine

Spike à sa surface, et fusionner avec les cellules avoisinantes, formant ainsi des cellules géantes appelées syncytia.

Ces syncytia sont localisés dans les poumons des personnes présentant des formes critiques de Covid-19, mais leur rôle reste aujourd'hui encore peu compris. L'une des hypothèses est que ces syncytia pourraient faciliter la propagation virale ou permettre au virus d'échapper aux anticorps.

Les principaux résultats de l'étude montrent que les variants Alpha, Bêta et Delta forment plus de syncytia en culture cellulaire que les souches plus anciennes du virus SARS-CoV-2. Le variant Delta est celui qui possède le caractère le plus « fusogène », ce qui pourrait expliquer pourquoi ce variant est plus transmissible que les autres.

Les variants possèdent en effet différentes mutations sur la protéine de Spike. Les scientifiques ont donc étudié le rôle de chacune des mutations et montrent que ces mutations peuvent être de trois catégories :

1. Les mutations facilitant la liaison de la Spike au récepteur (attachement du virus à la cellule) ;
2. Les mutations augmentant la fusion (entrée du virus dans la cellule) ;
3. Les mutations permettant un échappement aux anticorps neutralisants.

Chaque variant possède donc une combinaison particulière de ces mutations améliorant la propagation virale.

Cette étude permet de mieux comprendre pourquoi certains variants, en particulier le variant Delta, sont plus transmissibles que la souche originale du SARS-CoV-2 ayant provoqué la pandémie.

source

SARS-CoV-2 Alpha, Beta and Delta variants display enhanced Spike-mediated Syncytia Formation, [EMBO Journal](#), 2 octobre 2021

Maaran Michael Rajah^{1,2}, Mathieu Hubert^{1,3,#}, Elodie Bishop^{1,4,#}, Nell Saunders^{1,#}, Remy Robinot¹, Ludivine Grzelak^{1,2}, Delphine Planas^{1,3}, Jérémy Dufloo^{1,2}, Stacy Gellenoncourt^{1,2}, Alice Bongers^{1,2}, Marija Zivaljic^{5,6}, Cyril Planchais⁷, Florence Guivel-Benhassine¹, Françoise Porrot¹, Hugo Mouquet⁷, Lisa A Chakrabarti¹, Julian Buchrieser^{1*} Olivier Schwartz^{1,2*}.

¹ Virus & Immunity Unit, Department of Virology, Institut Pasteur; CNRS UMR 3569, Paris, France

² Université de Paris, Sorbonne Paris Cité, Paris, France

³ Vaccine Research Institute, Creteil, France

⁴ Sorbonne Université, Paris F-75005, France

⁵ Integrative Neurobiology of Cholinergic Systems, Department of Neuroscience, Institut Pasteur; CNRS UMR 3571, Paris, France

⁶ Sorbonne Université, ED3C "Brain, cognition, behavior", Paris, France

⁷ Laboratory of Humoral Immunology, Department of Immunology, Institut Pasteur, INSERM U1222, Paris, France

Second co-authors

*Last co-authors

contact ---

Service de presse de l'Institut Pasteur

HELOISE RAKOVSKY

AURELIE PERTHUISON

presse@pasteur.fr