

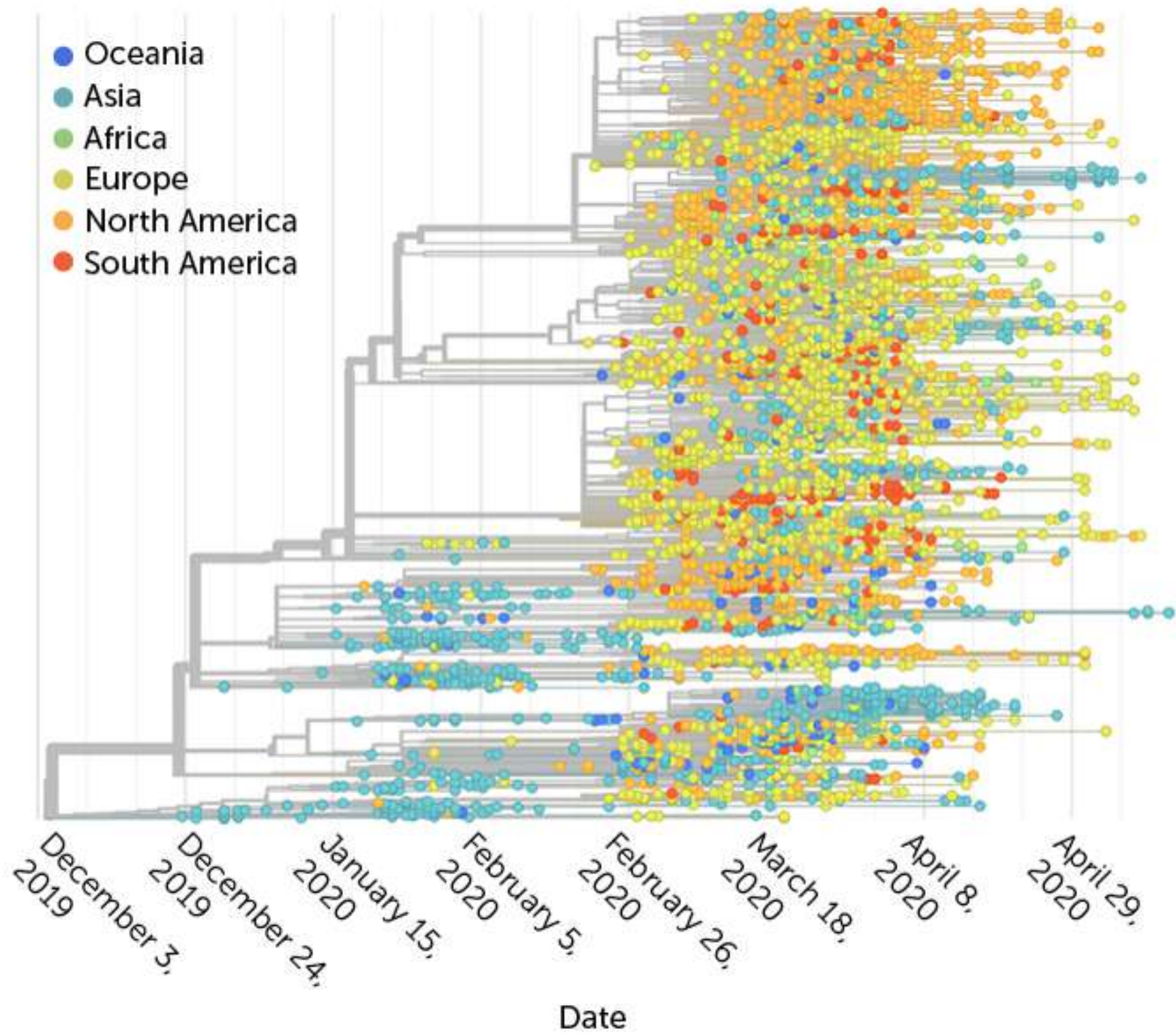
SARS-CoV-2, bientôt 5000 mutations, danger ?

par **Bernard Dugué**
vendredi 10 avril 2020

Bernard Dugué réside à Bordeaux, il est écrivain-chercheur, diplômé de l'ENS des Mines de Saint-Etienne, docteur en pharmacologie et docteur en philosophie. Après avoir enseigné la biologie et la physiologie à l'université, il s'est consacré à des recherches transversales couvrant la physique, les sciences de la vie, l'évolution, la systémique et la philosophie. (...)



Un virus ça mute un peu tout le temps. C'est même grâce à ça que la phylodynamie retrouve sa trace. Chaque fois qu'une particule virale (virion) se réplique dans une cellule, elle doit recopier son code génétique, une succession de 30.000 bases nucléiques de l'ARN, représentées par les lettres A, G, U, C. Mais ce système commet souvent des erreurs, remplaçant une lettre par une autre : ce sont les mutations. *"Ce sont autant de traces qui s'accumulent dans les génomes du virus qui permettent de reconstituer la structure de l'épidémie, sa chronologie et sa diffusion spatiale"*, explique Samuel Alizon, directeur de recherche CNRS/IRD, spécialiste de l'écologie et de l'évolution des agents pathogènes.



Genomic epidemiology of novel coronavirus

Maintained by the Nextstrain team. Enabled by data from **GISAI**

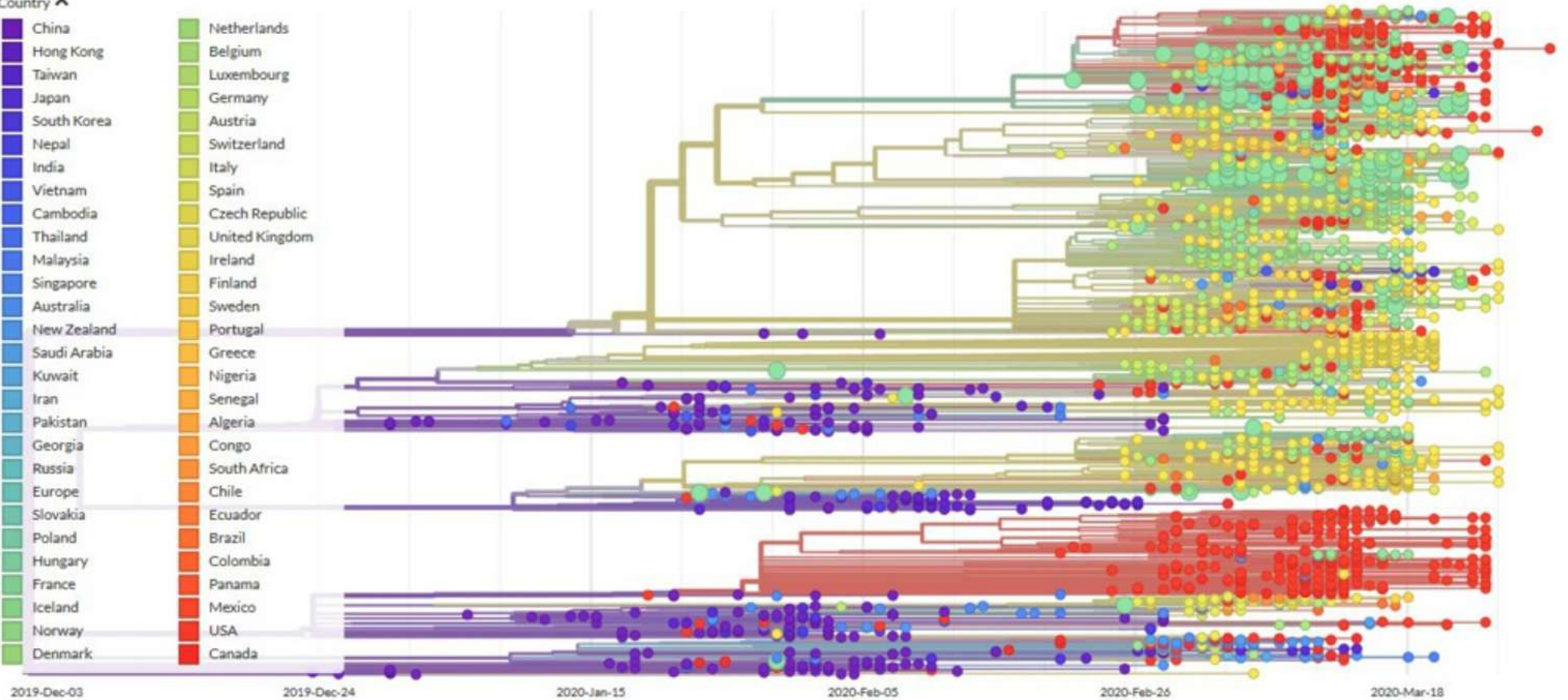
Image Credit: Nextstrain

Showing 2894 of 2894 genomes sampled between Dec 2019 and Mar 2020.

Phylogeny

Country ^

- | | |
|--------------|----------------|
| China | Netherlands |
| Hong Kong | Belgium |
| Taiwan | Luxembourg |
| Japan | Germany |
| South Korea | Austria |
| Nepal | Switzerland |
| India | Italy |
| Vietnam | Spain |
| Cambodia | Czech Republic |
| Thailand | United Kingdom |
| Malaysia | Ireland |
| Singapore | Finland |
| Australia | Sweden |
| New Zealand | Portugal |
| Saudi Arabia | Greece |
| Kuwait | Nigeria |
| Iran | Senegal |
| Pakistan | Algeria |
| Georgia | Congo |
| Russia | South Africa |
| Europe | Chile |
| Slovakia | Ecuador |
| Poland | Brazil |
| Hungary | Colombia |
| France | Panama |
| Iceland | Mexico |
| Norway | USA |
| Denmark | Canada |

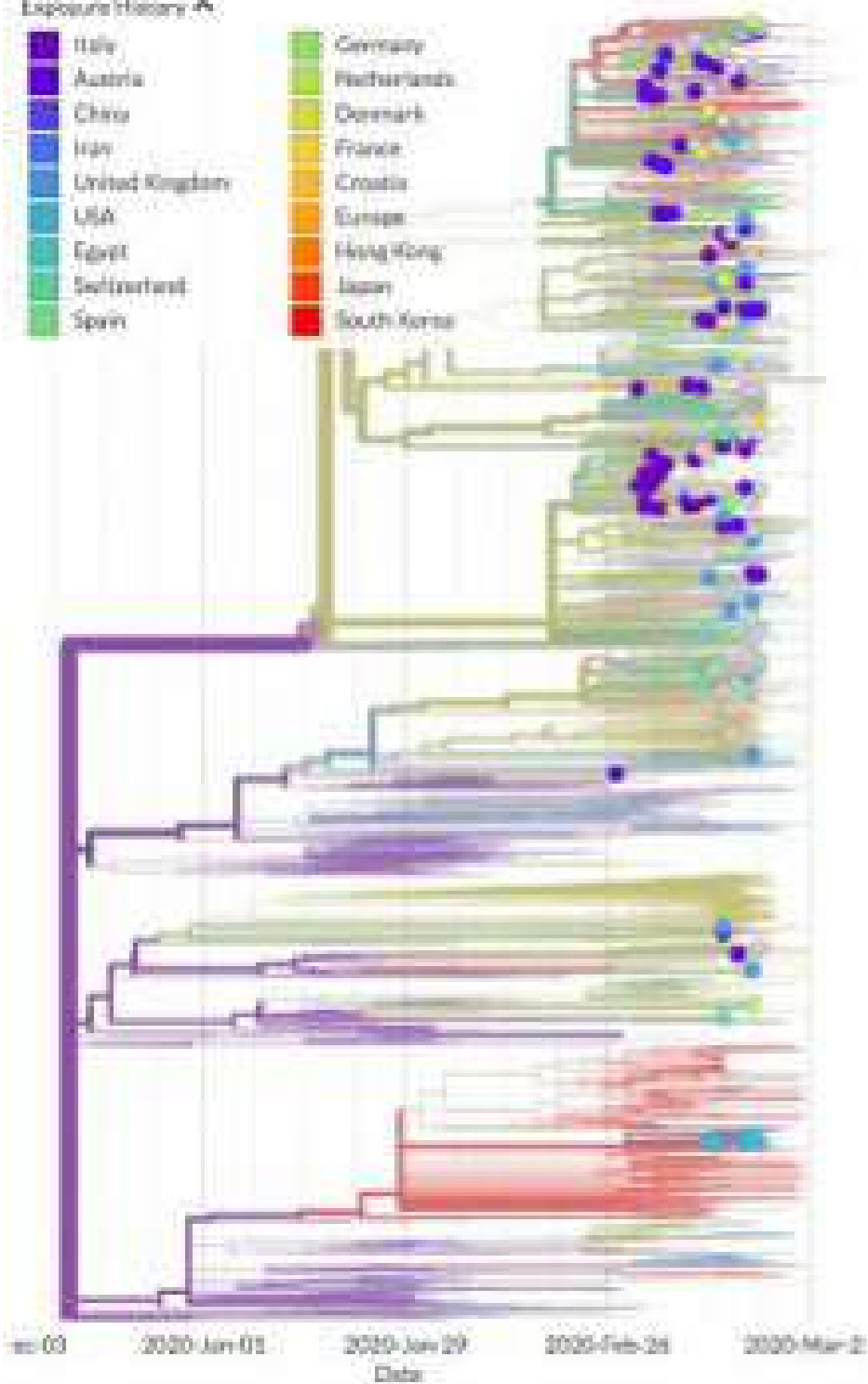


Phylogeny

Exposure History

- Italy
- Austria
- China
- Iran
- United Kingdom
- USA
- Egypt
- Southwest
- Spain

- Germany
- Netherlands
- Denmark
- France
- Croatia
- Europe
- Hong Kong
- Japan
- South Korea



TRANSMISSIONS

EXPLORE THE DATA YOURS



A partir des données génomiques recueillies sur des milliers d'échantillons du virus SARS-CoV-2, la plateforme Nextstrain permet de reconstruire et de visualiser la chronologie et la diffusion spatiale de l'épidémie de Covid-19. Décryptage avec Samuel Alizon, directeur de recherche CNRS, spécialiste de la biologie évolutive des agents pathogènes.

