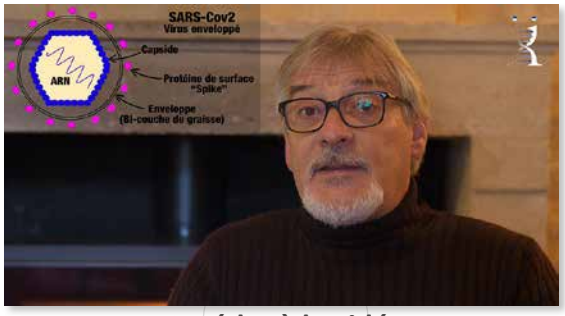
CRIIGEN
Comité de Recherche
et d'Information Indépendantes
sur le génie GÉNétique
www.criigen.org • contact@criigen.org

Réponses du Dr VÉLOT aux questions les plus courantes relatives à la note d'expertise et la vidéo sur les vaccins anti-Covid

Accéder à l'expertise écrite
(Français/Anglais/Espagnol)



Accéder à la vidéo
(sous-titrée Français/Anglais/Espagnol/Italien/Portugais/Allemand)

Télécharger la bibliographie scientifique

1 *« Dans un article de l'Express intitulé « Vaccins modifiant notre génome : itinéraire d'une fake news », les deux auteurs laissent sous-entendre que selon vous, l'ARN des vaccins de Pfizer BioNtech ou Moderna pourrait s'insérer dans notre génome et nous transformer en OGM. Confirmez-vous cela ? »*

Je n'ai jamais dit que l'ARN pouvait s'intégrer dans l'ADN et donc dans nos chromosomes : je dis même clairement que ce n'est pas possible, tant dans ma note d'expertise que dans la vidéo.

Quant au lien avec les OGM, c'est également une totale déformation de mes propos. Ma note d'expertise s'intitule « Note d'expertise grand public sur les vaccins ayant recours aux technologies OGM », ce qui n'a évidemment rien à voir avec le fait de nous transformer en OGM.

Les vaccins génétiques à ARN (Pfizer-BioNtech et Moderna) ou à ADN (AstraZeneca, Sputnik V, ou Johnson & Johnson) sont effectivement des vaccins s'appuyant sur les biotechnologies (ou technologies OGM). Dans le premier cas, l'ARN vaccinal correspondant à la partie du matériel génétique de Sars-Cov2 codant la protéine de surface Spike, est un ARN de synthèse modifié pour augmenter sa stabilité, optimiser sa traduction en protéine Spike dans les cellules humaines, et optimiser l'immunogénicité de cette protéine. Dans le second cas (ADN), le vecteur utilisé pour délivrer le matériel génétique vaccinal dans les cellules de la personne à vacciner est un virus (adénovirus) génétiquement modifié dans lequel on a éliminé une partie de son propre matériel génétique responsable de sa virulence, laquelle a été remplacée par une copie ADN de l'ARN de Sars-Cov2 codant la protéine Spike.

Et c'est bien pour cela que la directive européenne 2001/18 qui légifère les OGM a été modifiée en août dernier par le règlement européen 2020/1043 dont les articles 2 et 3 permettent à tout essai clinique de médicaments contenant des OGM ou consistant en de tels organismes et destinés à traiter ou à prévenir la Covid-19 d'échapper aux évaluations préalables sur la santé et l'environnement prévues pour les OGM.

Les deux "journalistes" en question, qui n'ont même pas pris la peine de me contacter, sont au journalisme ce que Gérard Depardieu est à la diététique. En revanche, ce sont de toute évidence des experts en « fake-news ».

2 *« Est-il possible que l'ARN vaccinal soit transformé en ADN et que ce dernier puisse alors s'insérer dans notre génome ? ».*

Un tel évènement ne peut se produire qu'en présence de deux enzymes d'origine virale : la transcriptase inverse capable de convertir l'ARN en ADN, et l'intégrase permettant l'intégration (avec une forte efficacité) de cet ADN dans les chromosomes. Les virus dotés de ces enzymes sont les rétrovirus tels que le VIH (virus du sida). Il faudrait donc, pour que cela puisse se produire que les cellules qui reçoivent l'ARN vaccinal soient co-infectées par un rétrovirus. Pour le VIH, ce ne sont a priori pas les mêmes cellules qui sont infectées (cellules immunitaires : lymphocytes T4) que celles qui vont recevoir le matériel génétique vaccinant (plutôt cellules musculaires).

Toutefois, il existe dans notre génome des reliquats de matériels génétiques rétroviraux (rétrovirus endogènes appelés HERVs). Mais il s'avère que chez l'homme, ils sont défectueux en raison de nombreuses délétions et mutations, et ne peuvent donc redonner un virus actif. Il est donc fort probable qu'ils ne soient pas non plus capables de générer une transcriptase inverse fonctionnelle

En revanche, nous disposons également dans notre génome d'éléments appelés rétrotransposons (tels que ceux de type LINE-1 notamment). Ils sont très nombreux dans notre génome. Si, là encore, ils sont en majorité inactifs, un certain nombre sont encore opérationnels et capables de donner naissance à une transcriptase inverse. Un article scientifique (Zhang et al, 2020) montre a priori que l'ARN Sars-Cov2 peut être rétro-transcrit (puis intégré au génome) à l'aide d'une transcriptase inverse issue d'un élément LINE-1, mais cet article n'a pas encore été (à ce jour) revu par les pairs.

Quoi qu'il en soit, ça reste, je pense, un risque très faible, et dont les conséquences ne seraient que pour la personne vaccinée en question. Contrairement à la recombinaison où les conséquences ne seraient pas que pour la personne chez laquelle le virus recombinant émerge mais concerneraient l'ensemble de la population.

3 *« Est-il nécessaire que l'ARN soit d'abord rétrotranscrit en ADN pour qu'il y ait recombinaison ? »*

Non. C'est ce que laisse sous-entendre le Pr. Fischer dans ses réponses à ma note d'expertise, et c'est absolument faux. La recombinaison virale existe aussi bien entre ADN viraux d'une part qu'entre ARN viraux d'autre part. Et dans ce dernier cas, cela ne nécessite nullement une rétrotranscription — c'est à dire une conversion de l'ARN viral en ADN. Les ARN viraux recombinent directement. Cela a été montré depuis fort longtemps déjà (à partir des années 60) avec le virus de la polio (Ledinko, 1963 ; Cooper, 1968 ; Cooper et al, 1974), les aphtovirus (McCahon et al, 1977 ; McCahon, 1981 ; King et al, 1982), les virus de la maladie de Newcastle et de la grippe (Hirst, 1962), ainsi que les coronavirus (Makino et a, 1986; Baric et al, 1990).

4 *« D'où viennent les fréquences 10^{-7} et 10^{-8} que vous citez ? »*

La fréquence de recombinaison pour des virus à ARN varie le plus souvent de 0,1% à 2% (Lai et al, 1992). Les coronavirus sont ceux qui recombinent le plus, ce taux de recombinaison peut aller au-delà de 10% (Makino et al, 1986 ; Baric et al, 1990).

Par conséquent, quand je prends une fréquence de 10^{-7} (1 cas sur 10 millions) ou 10^{-8} (1 cas sur 100 millions), il s'agit de valeurs choisies arbitrairement à titre d'exemple et volontairement très inférieures pour tenir compte du fait qu'un tel événement ne pourra se produire que s'il y a chez la personne vaccinée une co-infection avec un virus de même nature (soit à ADN, soit à ARN), voire de la même famille, et dans la période de présence de l'ARN vaccinal dans ses cellules. Le but est de montrer que même avec des fréquences aussi faibles (et donc très en deçà des fréquences de recombinaison observées dès lors que les deux matériels génétiques viraux sont déjà en présence) le risque que de tels évènements se produisent n'est pas nul étant donné le nombre de personnes qui seront vaccinées.

Si ce risque ne devait concerner que la personne chez laquelle un tel recombinant est susceptible d'émerger, la question pour moi ne se poserait même pas (étant donné, de toute évidence, les très faibles fréquences). Mais c'est parce que les conséquences seraient à l'échelle de la collectivité que ce risque m'importe et que je pense qu'on ne doit pas en faire l'économie.

5 *« Ce risque de recombinaison consécutif à une co-infection n'existe-t-il pas déjà pour les personnes porteuses du virus ? »*

Certes, le risque de recombinaison existe déjà avec les personnes infectées par un virus (et qui ne sont effectivement pas à l'abri d'une co-infection par un autre virus). Mais la co-infection des mêmes cellules est fort heureusement extrêmement rare !

Dès lors qu'on introduit volontairement du matériel génétique viral dans des cellules, il suffit en revanche d'une infection par un seul virus de la même nature, voire de la même famille.

De plus, il ne faut pas perdre de vue les faits suivants :

- Premièrement, le nombre de personnes contaminées par le virus est — fort heureusement, et même si on ne peut que déplorer qu'il soit déjà trop grand — bien inférieur à ce que sera le nombre de vaccinés.
- Deuxièmement, il faut en général des injections répétées (au moins deux à trois semaines d'intervalle pour le vaccin à ARN de Pfizer-BioNTech), augmentant ainsi les opportunités et les fenêtres de recombinaisons.
- Troisièmement, on ne sait toujours pas si les vaccins proposés protègent de la contagiosité (il est demandé aux personnes vaccinées de continuer à porter le masque et d'appliquer les gestes barrière), ce qui laisse supposer que le groupe des vaccinés et le groupe des infectés se chevauchent partiellement. Ce qui amplifie encore les risque de recombinaison dès lors qu'il existe déjà, parmi les contaminés, des virus variants (et qu'il va certainement y en avoir beaucoup d'autres) dont la séquence codant la protéine spike est différente (mais évidemment très ressemblante) de celle de la souche de départ (et donc de celle du matériel génétique vaccinant). Des évènements de recombinaison entre la séquence codant la protéine Spike d'un variant et celle du matériel vaccinant conduirait inévitablement à la genèse d'encore d'autres variants (qui ne seraient alors pas de simples mutants mais des recombinants).

6 *« Les cellules infectées d'une personne atteinte par le virus contiennent le matériel génétique viral entier alors que l'ARN vaccinal n'est qu'une portion de ce matériel génétique : le risque de recombinaison n'est-il pas alors plus grand pour une personne porteuse du virus que pour une personne vaccinée (et non porteuse) ? »*

Certes, la probabilité de recombinaison augmente avec la taille des séquences susceptibles de recombiner (bien que ce n'est pas forcément de façon proportionnelle car toutes les séquences n'ont apparemment pas toutes les mêmes capacités à recombiner). Mais dès lors que la seule séquence avec laquelle peut éventuellement recombiner un virus infectant est celle de la protéine de surface, on va concentrer les évènements de recombinaison sur cette séquence, et ça va donner des nouveaux virus ne différant du premier que par leur protéine de surface, laquelle permet l'ancrage et l'entrée du virus dans les cellules cibles. Non seulement ça peut conduire à des virus plus virulents et plus contagieux, mais cela permettra éventuellement à ces nouveaux virus d'échapper à l'immunité déjà acquise contre le virus parental puisque les vaccins sont basés sur cette protéine de surface.

De plus, dans le cas des coronavirus au moins, il s'avère que le mécanisme de recombinaison passe par des portions d'ARN correspondant à une réplication partielle d'un virus parental (Makino et al, 1986). Avec l'ARN vaccinal, on fournit directement une portion d'ARN, ce qui représente donc un facteur de facilitation. Par ailleurs, la recombinaison entre un virus infectant et un fragment seulement du matériel génétique d'un virus apparenté a largement été observée chez les plantes transgéniques dans lesquelles a été volontairement introduit un gène viral, et infectées par un virus apparenté (références 8 à 16 dans ma note d'expertise écrite : https://criigen.org/rapport-dexpertise-sur-les-vaccins-genetiquement-modifie/).

7 *« L'ARN vaccinal n'a-t-il pas une durée de vie trop courte pour pouvoir recombiner ? »*

Si la durée de vie de l'ARN vaccinal était à ce point courte que cet ARN ne puisse recombiner avec un éventuel autre ARN viral infectant, cela signifierait qu'il n'aurait même pas le temps d'être traduit en protéine Spike.

La demi-vie d'un ARN messager humain (temps nécessaire pour que 50% de cet ARN disparaisse) varie entre 30 min et 24H. Pour un ARN de virus humain, on se situe plutôt vers le haut de la fourchette. En effet, la stabilité d'un ARN messager va dépendre de son taux de traduction car les machineries de traduction (les ribosomes), en lisant l'ARN (pour le traduire), le protègent. Or un ARN viral a vocation à être beaucoup traduit.

De plus l'ARN vaccinal a été modifié pour optimiser sa traduction et augmenter sa stabilité. La recombinaison se produit pendant la réplication du génome viral, c'est-à-dire pendant la duplication de son matériel génétique. La durée de vie de l'ARN vaccinal laisse grandement le temps à un virus infectant de répliquer son génome viral, et donc éventuellement de recombiner.

8 *« L'ARN vaccinal, c'est-à-dire la portion de l'ARN de Sars-Cov2 codant la protéine Spike, est modifié par rapport à sa version naturelle : quelles sont ces modifications ? »*

Une molécule d'ARN est constituée par l'enchainement de 4 molécules plus petites qu'on appelle des nucléotides et que l'on désigne par 4 lettres correspondant à leurs initiales respectives : A (adénosine), G (guanosine), C (cytidine), U (uridine). C'est le langage génétique. Parfois le U est remplacé par un Ψ (pseudouridine). En fait, c'est un U qui est mis en place lors de la fabrication de l'ARN (transcription). Et ce n'est qu'ensuite (après la transcription) que certains U sont modifiés en Ψ.

Une protéine, quant à elle, est constituée par l'enchainement de petites molécules, les acides aminés, au nombre de 20. Le passage de l'ARN à la protéine correspond donc au passage du langage génétique (4 lettres) au langage protéique (20 lettres) : c'est la traduction. Les mots génétiques sont constitués de 3 lettres et sont appelés codons. Chaque codon code un acide aminé. Il y a 64 codons possibles (dans un langage de 4 lettres, il y a 64 mots possibles de 3 lettres : 4^3). Il y a plus de mots génétiques (codons) que d'acides aminés car un même acide aminé peut-être codé par plusieurs codons. Mais chez un organisme donné, parmi les différents codons codant un même acide aminé, certains codons sont préférés (pour une traduction optimale).

Un ARN codant une protéine comprend trois parties : la partie codante (codant la protéine) proprement dite (correspondant donc à la succession des codons), encadrée par deux parties non codantes, en amont et en aval (aux extrémités).

L'ARN vaccinal codant la protéine Spike est un ARN de synthèse dont les parties non codantes amont et aval ont été modifiées pour augmenter sa stabilité, et dont la partie codante présente plusieurs modifications par rapport à sa version originale :

- tous les U ont été remplacés par des Ψ dans le but de minimiser la réaction du système immunitaire contre l'ARN lui-même (le but étant que le système immunitaire soit stimulé contre la protéine codée par cet ARN et non contre l'ARN lui-même) ; il a en effet été découvert que le fait de remplacer les U par des Ψ permettait à l'ARN vaccinal d'échapper au système immunitaire ou en tout cas à une réaction intempestive contre lui ;
- pour une traduction optimale dans les cellules humaines concernées par la vaccination, certains codons ont été remplacés par d'autres codons (mais codant les mêmes acides aminés, donc sans conséquence pour la protéine Spike : on parle pour l'ARN de "mutations silencieuses") ;
- deux mutations (non silencieuses cette fois) ont été introduites dans le but d'optimiser le caractère antigénique de la protéine Spike : ces mutations provoquent une légère modification du repliement de la protéine permettant à celle-ci de mieux exposer sa région antigénique, c'est-à-dire sa partie contre laquelle seront dirigés les anticorps.

9 *« Les modifications introduites dans l'ARN vaccinal ne sont-elles pas de nature à diminuer les risques de recombinaison avec un virus infectant ? »*

Le plus souvent, la recombinaison entre ARN viraux est une recombinaison entre séquences qui se ressemblent : on parle de recombinaison homologue.

Malgré les modifications décrites en réponse à la question 8, l'ARN vaccinal, dans sa partie codante, a encore 72% d'identité avec celle de l'ARN naturel. Et a priori, les Ψ n'empêchent pas la recombinaison. Bien sûr des Ψ se retrouveront alors dans la séquence du virus recombinant (dans la partie de la séquence du virus recombinant provenant de l'ARN vaccinal). Ils n'empêcheront pas la réplication de cet ARN viral mais risqueront en revanche de provoquer des erreurs (des mutations) car l'enzyme virale (ARN polymérase) qui fera cette réplication n'interprètera pas toujours les Ψ comme des U, comme cela a déjà été observé avec une autre ARN polymérase virale (Potapov et al, 2018). On dit que ces Ψ «diminuent la fidélité de l'ARN polymérase». Les mutations qui en découleront viendront donc augmenter encore le risque de générer de nouveaux variants, même si certaines de ces mutations donneront bien sûr lieu à des virus inopérants (inactifs).

10 *« Pensez-vous qu'une recombinaison soit possible avec un autre Coronavirus et à fortiori un autre type de virus ? »*

Oui, cela a déjà été démontré notamment entre des coronavirus et un virus de la grippe (Luytjes et al, 1988) : voir ci-dessous.

Pour évaluer la probabilité qu'un évènement de recombinaison (homologue) se produise entre deux séquences d'ARN viraux, on a tendance à ne prendre en compte que la ressemblance de ces séquences (le pourcentage d'identité). Mais il y a d'autres éléments qui interviennent dans ces phénomènes de recombinaison : il s'agit de formes particulières que peut adopter l'ARN et qu'on appelle des structures en « épingle à cheveu ». Deux portions de séquences d'un même ARN peuvent s'associer pour former localement une double hélice (comme la double hélice d'ADN). Cette double hélice est la tige de l'épingle à cheveu, et la portion de l'ARN située entre les deux séquences appariées constitue la boucle de l'épingle à cheveu. De telles structures en épingle à cheveu jouent un rôle essentiel dans les phénomènes de recombinaison entre ARN viraux (Banner et al, 1990 ; Carpenter et al, 1995 ; Suzuki et al, 2003 ; Draghici et al, 2010). En particulier, il a été montré chez les coronavirus murins (de chauves-souris), que les évènements de recombinaison se produisent à proximité et à l'intérieur d'une région hyper-variable (c'est-à-dire avec peu de ressemblance de séquence), impliquant une structure en épingle à cheveux dans cette région (Banner et al, 1990).

Et on a tendance à oublier la possibilité d'une recombinaison non homologue. Si ce type de recombinaison est certes beaucoup plus répandu chez les virus à ADN, il existe également chez les virus à ARN. Là encore, le mécanisme impliquerait des structures en épingle à cheveu. Cette recombinaison se fait entre séquences d'ARN ayant très peu ou aucune ressemblance et rend donc possible la recombinaison entre virus d'une même famille ayant des séquences très éloignées (comme Sars-Cov2 et les deux coronavirus responsables des épidémies humaines précédentes : Sars-Cov et Mers-Cov, présentant respectivement seulement 79% et 50% d'identité avec Sars-Cov2) (Sallard et al, 2020), mais aussi avec un autre type de virus. Un exemple nous est donné chez des coronavirus bovins, murins et un coronavirus humain qui possèdent un gène (codant une protéine appelée hémaglutinine estérase) qui provient d'un évènement de recombinaison avec un virus de la grippe (Luytjes et al, 1988).

11 *« Si le vaccin bloque la multiplication virale, il empêchera l'apparition de nouveaux variants par mutation. Par conséquent, le risque de recombinaison dont vous parlez ne doit-il pas être mis en balance avec le risque de mutations qui apparaissent lors de la réplication du virus chez des personnes non vaccinées ? »*

Les coronavirus recombinent avec une très forte efficacité (taux de recombinaison supérieur à 10% dès lors que deux génomes de coronavirus sont présents dans la même cellule) (Makino et al, 1986). La recombinaison est l'un de leurs principaux modes d'évolution. En comparaison avec d'autres virus à ARN, qui évoluent plutôt par mutation, les coronavirus font peu de mutations, car lors de la réplication de leur matériel génétique, ils disposent d'un système de contrôle qui vérifie que la copie de l'ARN ne comporte pas d'erreurs. Du coup, peu de mutants du SARS-CoV-2 sont connus à ce jour, et encore il s'agit de mutations mineures. Pour évoluer et tromper la résistance du système immunitaire, les coronavirus ont donc une autre tactique. Si deux génomes viraux proches cohabitent dans la même cellule, l'enzyme de réplication saute fréquemment d'une molécule d'ARN virale à l'autre, ce qui résulte en un « mixage » des deux matériels génétiques viraux. Une étude récente (Yi, 2020), qui a consisté à étudier 84 génomes de SARS-CoV-2, a montré que certaines souches n'ont pu se former que par recombinaison avec une autre souche. D'ailleurs rien ne prouve que les variants dont il est question actuellement ne sont pas déjà des recombinants.

De plus, la multiplication de variants résultant de recombinaison avec l'ARN vaccinal génèrerait probablement un plus grand nombre de mutants car les modifications de la séquence de l'ARN vaccinal se retrouvant dans le virus recombinant résulterait en un plus grand nombre d'erreurs de l'enzyme de réplication, comme expliqué en réponse à la question 9.

12 *« Les variants dont il est beaucoup question en ce moment en raison de leur plus grande contagiosité sont-ils des recombinants ? »*

En toute rigueur, le fait que les variants ou certains variants soient le résultat d'un évènement de recombinaison avec le matériel génétique vaccinal ne peut être exclu. Mais je ne dispose d'aucune preuve à ce stade pour l'affirmer.

Toutefois, l'ARN vaccinal (pour les vaccins de Pfizer et Moderna) ou l'ADN vaccinal (pour le vaccin d'AstraZeneca) portant quelques modifications dans le but d'optimiser la production par nos cellules de la protéine Spike, et d'optimiser son caractère immunogène, un simple séquençage des variants devrait permettre de le savoir. Mais je n'ai malheureusement pas accès à ces données.

13 *« Le risque de recombinaison dont vous parlez ne concerne-t-il que les vaccins à ARN (Pfizer-BioNtech et Moderna) et pas les vaccins à ADN (Astra-Zeneca, Sputnik V, Johnson & Johnson) ? »*

Non, ils concernent tous les vaccins génétiques, qu'ils soient à ARN ou à ADN. Dans le cas des vaccins tels que celui d'AstraZeneca utilisant un virus à ADN pour délivrer le matériel génétique vaccinal, celui-ci sera, une fois dans la cellule, transcrit en ARN (codant la protéine Spike), lequel pourrait bien sûr recombiner de la même manière avec un virus infectant à ARN.

14 *« Dans votre réponse au Pr. Fischer, vous dites que le matériel génétique des vaccins à virus atténué ne serait pas délivré dans la cellule. Confirmez-vous cela ? »*

Non, c'est une erreur de ma part. J'ai fait une réponse groupée pour les vaccins inactivés et atténués. Les vaccins inactivés ne sont plus en mesure d'injecter leur matériel génétique, ou alors celui-ci est à ce point endommagé qu'il sera inopérant et ne permettra absolument pas sa réplication et la production de nouvelles particules virales. Dans le cas des vaccins vivants atténués, en revanche, le matériel génétique n'est pas endommagé et sera bien injecté dans les cellules hôtes mais se répliquera et s'exprimera très lentement.

15 *« Le Pr Fischer dit que de tels recombinants n'ont jamais été observés avec les vaccins vivants atténués qui délivrent pourtant leur matériel génétique dans les cellules qu'ils infectent. Qu'en dites-vous ? »*

D'une part, il y a peu de vaccins vivants atténués. Ce sont surtout des vaccins inactivés. Et les vaccins vivants atténués n'ont jamais été utilisés à une échelle aussi grande que sera celle de la vaccination contre la Covid-19.

Par ailleurs, j'ai le regret d'apprendre au Pr. Fischer qu'une étude publiée en avril 2020 révèle l'apparition d'un virus recombinant (à ARN) de la bursite infectieuse chez le poulet entre une souche infectieuse naturelle et une souche vaccinale atténuée (Wu et al-2020).

16 *« Avez-vous conscience que votre expertise et votre vidéo circulent beaucoup auprès des anti-vaccins ? »*

J'ai évidemment bien conscience que ma vidéo circule chez les anti-vaccins, comme elle circule chez les pro-vaccins, chez les gens de gauche, de droite, les hommes, les femmes, les hétéros, les homos, les noirs, les blancs, les jaunes, les verts… Quand je décide de diffuser de l'information, je ne me préoccupe pas du pédigrée de celles et ceux qui vont la recevoir. Certains en font sans doute leur beurre pour alimenter leurs thèses, d'autres s'acharnent — et souvent de façon très agressive — pour essayer de démonter mes arguments (souvent de façon gratuite, sans la moindre référence scientifique) comme si cette vidéo et cette expertise avaient fait de moi un homme à abattre.

C'est ainsi et je suis personnellement contre toute forme de censure. Je ne vois pas pourquoi on devrait empêcher notamment les anti-vaccins de s'exprimer (que l'on partage ou non leurs thèses). La contradiction est ce qui fait respirer la démocratie, et on en a besoin en science comme ailleurs. La censure qui s'opère autour de la Covid dans le milieu scientifique et qui se traduit par la chasse aux sorcières à laquelle on assiste dans les médias (même lorsque les sorcières sont des ténors de la virologie auxquels la science doit beaucoup) dépasse l'entendement. Et ça me désole !