



Intégration de l'ARN viral SARS-CoV-2 dans nos chromosomes

Par **Collectif ReinfoCovid**

Temps de lecture : 7 minutes

À RETENIR

- **Les ARN du SARS-CoV-2 peuvent faire l'objet d'une transcription inverse et être intégrés dans l'ADN de cellules humaines.**
- La transcription des séquences virales intégrées peut contribuer à la détection de l'ARN viral par PCR chez les patients après l'infection et la guérison clinique et expliquer certains des tests PCR positifs observés chez les patients après guérison.
- Il n'existe aujourd'hui aucune étude scientifique permettant d'affirmer que l'ARNm injecté lors d'une vaccination Covid-19 est incapable de migrer dans le noyau cellulaire et d'être intégré à notre génome.

Le débat de l'intégration de l'ARNm dans notre génome ADN

Le virus SARS-CoV-2 responsable de la maladie Covid-19 possède un génome sous forme d'acide ribonucléique (ARN). Lors de son cycle de vie, le virus qui pénètre les cellules utilise la machinerie cellulaire pour transcrire et traduire son ARN viral en composants viraux, lui permettant de se multiplier rapidement et efficacement au sein de l'organisme sous forme de virions.

Avec l'arrivée des vaccins à ARNm, le débat concernant l'intégration ou non de l'ARNm injecté au sein de nos chromosomes (ADN) grandit et cela n'est d'ailleurs pas complètement exclu pour notre « monsieur vaccin » Alain Fischer¹. Néanmoins, les arguments de la presse pour nous rassurer reposent principalement sur des dogmes comme « les vaccins à ARNm

¹ https://www.lamontagne.fr/paris-75000/actualites/non-avec-le-vaccin-a-arnm-le-virus-ne-va-pas-s-integrer-dans-le-genome-et-modifier-votre-adn_13886135/



ne peuvent pas modifier l'ADN des cellules humaines, car cet ARNm ne peut pas entrer dans le noyau de la cellule, là où se trouvent les 46 chromosomes contenant l'ADN humain »². L'affaire est donc close pour un grand nombre de scientifiques, médecins et journalistes qui promeuvent la vaccination massive comme le sauveur d'une pandémie ayant fait 0.03 % de mortalité dans le monde après une année³. La réponse la plus honnête à ce débat est probablement celle d'Alain Fischer qui a le courage de dire que l'on ne sait pas, que c'est peu plausible, mais que la question mérite d'être posée.

L'étude de l'équipe du Dr Jaenisch, publiée dans la revue PNAS, s'attaque à un problème non résolu de la maladie SARS-CoV-2 : le fait que **les patients ayant contracté la Covid-19 restent souvent positifs pour l'ARN viral détecté par PCR plusieurs semaines après l'infection initiale en l'absence de preuve de réplication virale et disparition totale de leurs symptômes**⁴. Ces observations ouvrent le débat scientifique du devenir du matériel génétique du SARS-CoV-2 dans nos cellules, et soulèvent *de facto* l'hypothèse de l'intégration des séquences ARN dans notre ADN.

Intégration de séquences virales SARS-CoV-2 dans l'ADN génomique

Aujourd'hui, on considère qu'environ 8 % de notre génome (ADN) contient de l'ADN viral, ce qui suggère déjà une capacité naturelle de notre organisme à intégrer des séquences nucléotidiques de virus au cours de l'évolution⁵. A côté de cet ADN viral, 17 % de notre ADN génomique appartient à une catégorie d'éléments nommés LINE-1. Les éléments LINE-1 sont une source potentielle d'expression de transcriptases inverses endogènes (qui permet de transformer un ARN en ADN complémentaire), et elles sont bien décrites dans la littérature scientifique.

² https://www.lemonde.fr/les-decodeurs/article/2020/12/15/les-vaccins-a-arn-messager-peuvent-ils-modifier-l-adn-de-nos-cellules_6063490_4355770.html

³ https://ourworldindata.org/explorers/coronavirus-data-explorer?zoomToSelection=true&time=2020-03-01..2021-03-26&pickerSort=asc&pickerMetric=location&Metric=Confirmed+deaths&Interval=Cumulative&Relative+to+Population=true&Align+outbreaks=false&country=~OWID_WRL

⁴ <https://www.pnas.org/content/pnas/118/21/e2105968118.full.pdf> (Zhang L, Richards A, Barrasa MI, Hughes SH, Young RA, and Jaenisch R (2021) Reverse-transcribed SARS-CoV-2 RNA can integrate into the genome of cultured human cells and can be expressed in patient-derived tissues. *PNAS* **118**:e2105968118.

⁵ Weiss, R.A. The discovery of endogenous retroviruses. *Retrovirology* 3, 67 (2006). <https://doi.org/10.1186/1742-4690-3-67>

Les travaux de Jaenisch et al. montrent *in vitro* que **l'ARN du SARS-CoV-2 peut faire l'objet d'une transcription inverse, être intégré dans le génome de la cellule infectée** et être exprimé sous forme de transcrits chimériques fusionnant des séquences virales et cellulaires [ADN génomique/ADN viral SARS-CoV-2]. Il est important de noter que ces transcrits chimériques sont détectés dans les tissus dérivés des patients, dans des prélèvements de liquides broncho-alvéolaires de patients gravement atteints du SARS-CoV-2. Ces données suggèrent que, dans certains tissus de patients, la majorité des transcrits viraux sont dérivés de séquences intégrées. Ces données permettent de mieux comprendre les conséquences des infections par le SARS-CoV-2 et peuvent contribuer à expliquer pourquoi les patients peuvent continuer à produire de l'ARN viral après leur guérison.

Ces travaux montrent que tout ou partie de l'ARN viral du Sars-cov-2 pourrait s'intégrer dans le génome humain des cellules infectées dans certaines conditions et confirment que les résultats des tests PCR ne sont pas destinés à diagnostiquer une maladie en population générale. **Si nos cellules sont capables d'intégrer dans le génome des fragments d'ARN viraux, qu'en est-il des ARNm synthétiques contenus dans le vaccins Pfizer et Moderna actuellement utilisés ?**

Quid des injections de matériel génétique massives ou « vaccins à ARNm » ?

Notre organisme est constitué de cellules qui se divisent et prolifèrent pour différentes raisons (blessures, remplacement de cellules abimées ou mortes, croissance des enfants...). Lors des divisions cellulaires, la membrane nucléaire disparaît temporairement et annihile la compartimentation cytoplasme-noyau. La stratégie de vaccination actuelle consiste à envelopper des ARNm synthétiques dans une nanoparticule lipidique. Cette enveloppe fusionne avec la membrane plasmique cellulaire et délivre ces ARNm dans le cytoplasme de la cellule de manière non spécifique, certains ARNm synthétiques ayant été retrouvés dans de nombreux tissus humains⁶.

Ainsi, au nom de l'urgence, la vaccination massive (avec un statut expérimental lié à l'AMM conditionnelle de ces technologies) est en cours sans que nous n'ayons réponse à ces questions. Le tout est d'en avoir conscience. **Reconnaître qu'on ne sait pas en sciences est une preuve d'intelligence qui ouvre à la connaissance.** La vitesse est rarement un gage de qualité dans tous les domaines, et particulièrement dans la recherche. Cette

⁶ <https://reinfocovid.fr/science/les-armm-vaccinaux-atteignent-les-organes-reproducteurs/>



recherche doit continuer à travailler sur toutes ces questions ouvertes, et ne pas se fermer à des débats stériles qui cherchent à convaincre l'un plutôt que l'autre à partir de dogmes.

Pour aller plus loin

- Le point sur les rétrovirus par Reinfocovid <https://reinfocovid.fr/science/le-point-sur-les-retrovirus-endogenes/>
- Le résumé traduit de l'article de **Jaenisch et al.** (Zhang L, Richards A, Barrasa MI, Hughes SH, Young RA, and Jaenisch R (2021) Reverse-transcribed SARS-CoV-2 RNA can integrate into the genome of cultured human cells and can be expressed in patient-derived tissues. *PNAS* **118**:e2105968118) :

L'ARN du SARS-CoV-2 transcrit en sens inverse peut s'intégrer dans le génome de cellules humaines cultivées et s'exprimer dans les tissus dérivés de patients.

La détection prolongée de l'ARN du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2) et la récurrence des tests PCR positifs ont été largement rapportées chez les patients après leur rétablissement du COVID-19, mais certains de ces patients ne semblent pas excréter de virus infectieux. Nous avons étudié la possibilité que les ARN du SARS-CoV-2 puissent faire l'objet d'une transcription inverse et être intégrés dans l'ADN de cellules humaines en culture et que la transcription des séquences intégrées puisse expliquer certains des tests PCR positifs observés chez les patients. À l'appui de cette hypothèse, nous avons constaté que les copies d'ADN des séquences du SARS-CoV-2 peuvent être intégrées dans le génome des cellules humaines infectées. Nous avons trouvé des duplications de sites cibles flanquant les séquences virales et des séquences consensus de reconnaissance de l'endonucléase LINE1 sur les sites d'intégration, ce qui est cohérent avec un mécanisme de transcription inverse et de rétroposition médié par le rétrotransposon LINE1 et amorcé par la cible. Nous avons également trouvé, dans certains tissus dérivés de patients, des preuves suggérant qu'une grande fraction des séquences virales est transcrite à partir de copies d'ADN intégrées de séquences virales, générant des transcrits chimériques virus-hôte. L'intégration et la transcription des séquences virales peuvent donc contribuer à la détection de l'ARN viral par PCR chez les patients après l'infection et la guérison clinique. Comme nous n'avons détecté que des séquences subgénomiques dérivées principalement de l'extrémité 3' du génome viral intégré dans l'ADN de la cellule hôte, le virus infectieux ne peut pas être produit à partir des séquences subgénomiques intégrées du SARS-CoV-2.