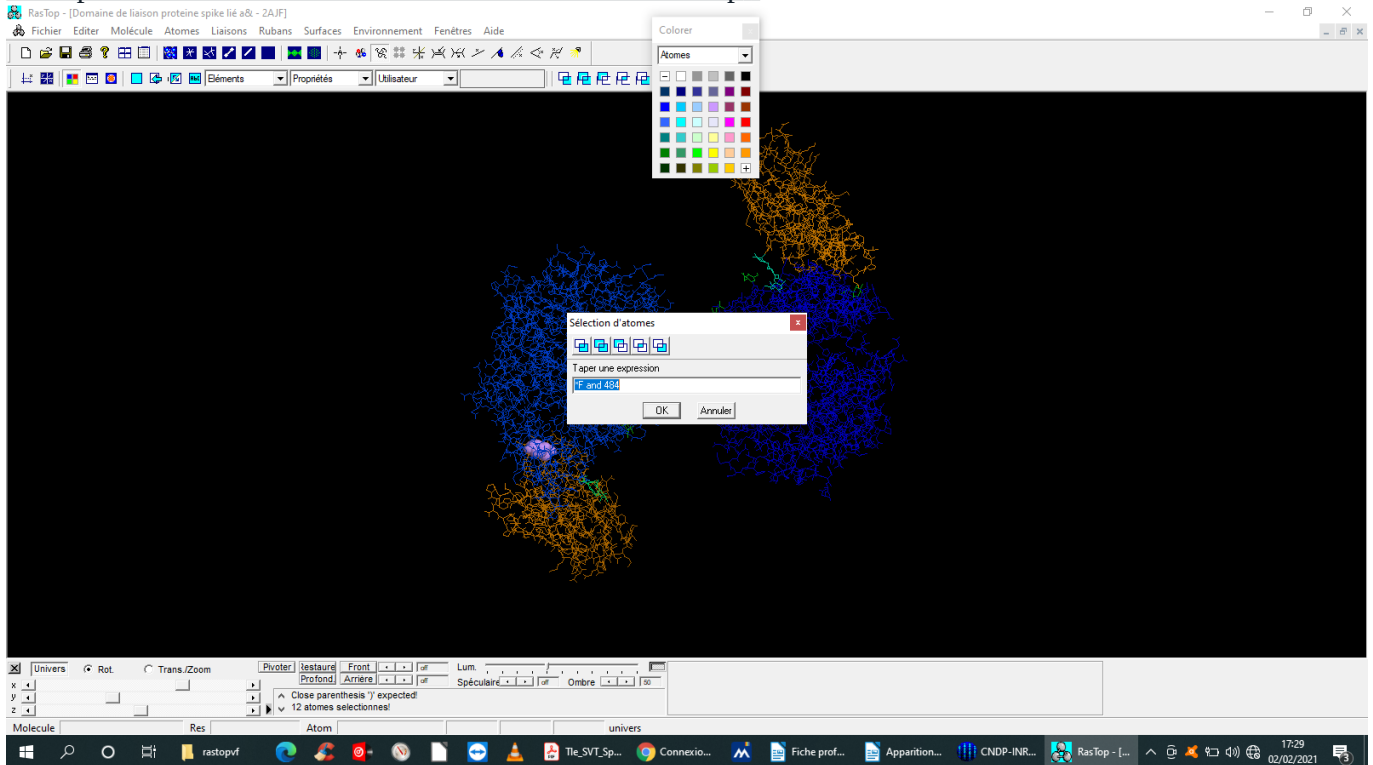


Aide et résultats pour l'étape 1 de l'activité **L'apparition et la propagation de nouveaux variants du SARS-CoV-2**

Document de secours pour la comparaison sur anagène des séquences de la protéine Spike :

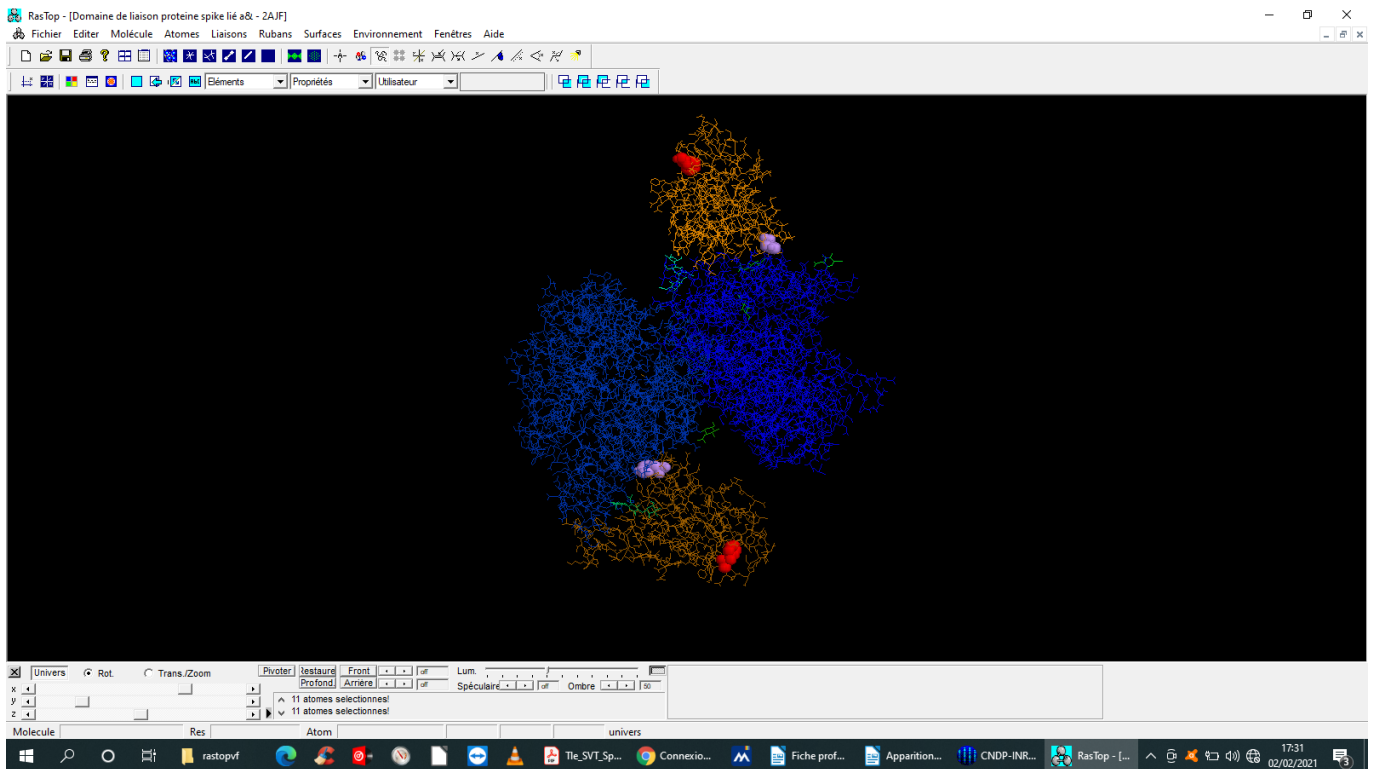
The screenshot displays the 'CNDP-INRP Anagène' software interface. The top window, 'Edition des séquences', shows a protein sequence with positions 480 to 535 highlighted. The sequence is: CysAsnGlyValGluGlyPheAsnCysTyrPheProLeuGlnSerTyrGlyPheGlnProThrAsnGlyValGlyTyrGlnProTyrArgValValLeuSerPheGluLeuLeuHisAlaProAlaThrValCysGlyProLysLysSerThrAsnLeuValLysAsn. Below this, four variant sequences are listed: Spike Variant Brésilie, Spike Variant Sud AJ, Spike Variant Anglaj, and Spike Variant Anglaj. The bottom window, 'Comparaison avec alignement', shows a sequence alignment comparison between the reference and the four variants. The alignment shows gaps (indicated by dashes) in the variant sequences at positions 485, 490, and 505, corresponding to the Lys- mutations mentioned in the text. The reference sequence is: sProPheGluArgAspIleSerThrGluIleTyrGlnAlaGlySerThrProCysAsnGlyValGlyGlyPheAsnCysTyrPheProLeuGlnSerTyrGlyPheGlnProThrAsnGlyValGlyTyrGlnProTyrArgValValLeuSerPheGluLeuLeuHisAlaProAlaThrValCysGlyProLysLysSerThrAsnLeuValLysAsnLysCysVal.

Aide pour la sélection d'un acide aminé défini sur Rastop :



La commande `Abc` permet d'écrire la sélection souhaitée, `*F` permet d'indiquer qu'on sélectionne des éléments au sein de la chaîne F seulement et « `and 484` » permet de préciser quel acide aminé on souhaite sélectionner (le 484^{ème} acide aminé).

Document de secours obtenu sur Rastop : l'acide aminé 501 est figuré en sphère et en rouge, l'acide aminé 484 est figuré en sphère et en violet.



Activité proposée par Laure Willhelm. Professeur agrégée de SVT.

Aide et résultats pour l'étape 2 :

Aide pour établir la règle pour la transmission par le nouveau variant :

Modifier une règle

Nom de la règle :

Type :

Age minimal des réactifs (en nombre de tours) :

Probabilité de réaction à chaque tour (en %) :

Conditionner cette règle à l'effectif d'un agent :

| Réactifs | | Produits | |
|--|-------------------------------------|--|-------------------------------------|
| <input type="text" value="Infecté nouveau variant"/> | <input checked="" type="checkbox"/> | <input type="text" value="Infecté nouveau variant"/> | <input checked="" type="checkbox"/> |
| <input type="text" value="Sain non immunisé"/> | <input checked="" type="checkbox"/> | <input type="text" value="Infecté nouveau variant"/> | <input type="checkbox"/> |
| <input type="text" value="-----"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="text" value="-----"/> | <input type="checkbox"/> |
| <input type="text" value="-----"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="text" value="-----"/> | <input type="checkbox"/> |
| <input type="text" value="-----"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="text" value="-----"/> | <input type="checkbox"/> |

Le premier réactif doit forcément être au centre de la réaction :

Légende : ■ Sain non immunisé(10) ■ Sain Immunisé(182) ● Infecté coronavirus initial(7) ● Infecté nouveau variant(3)

On a augmenté le pourcentage de probabilité que la transmission se réalise au contact entre une personne infectée par le variant et une personne saine non immunisée : la probabilité était de 25 % pour la souche initiale avec une augmentation de 60 %, cela conduit à $25 + (60 \times 25 / 100) = 40$: la probabilité passe à 40 %.

Résultat de la première modélisation (présence d'une personne infectée par le coronavirus initial) :

Modifier une règle

Nom de la règle :

Type :

Age minimal des réactifs (en nombre de tours) :

Probabilité de réaction à chaque tour (en %) :

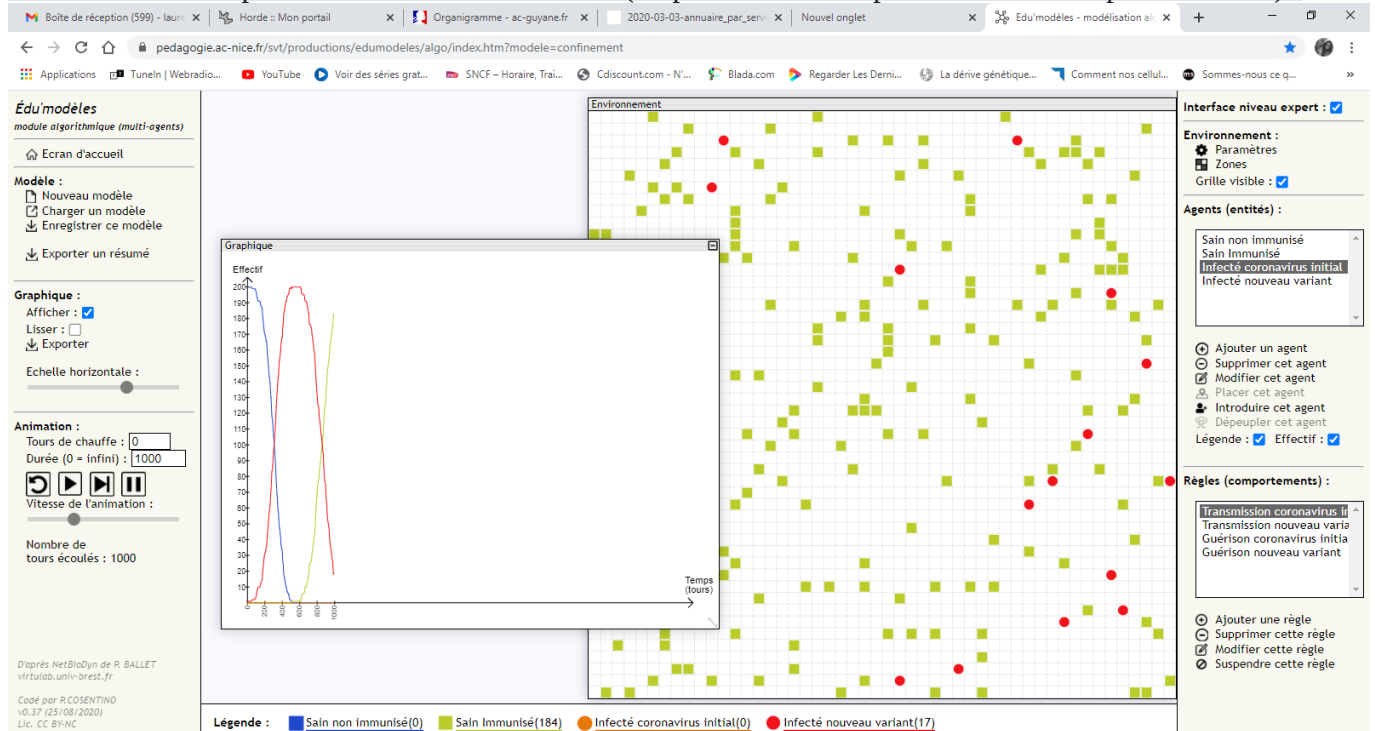
Conditionner cette règle à l'effectif d'un agent :

| Réactifs | | Produits | |
|--|-------------------------------------|--|-------------------------------------|
| <input type="text" value="Infecté nouveau variant"/> | <input checked="" type="checkbox"/> | <input type="text" value="Infecté nouveau variant"/> | <input checked="" type="checkbox"/> |
| <input type="text" value="Sain non immunisé"/> | <input checked="" type="checkbox"/> | <input type="text" value="Infecté nouveau variant"/> | <input type="checkbox"/> |
| <input type="text" value="-----"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="text" value="-----"/> | <input type="checkbox"/> |
| <input type="text" value="-----"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="text" value="-----"/> | <input type="checkbox"/> |
| <input type="text" value="-----"/> | <input type="checkbox"/> | <input type="text" value="-----"/> | <input type="checkbox"/> |

Le premier réactif doit forcément être au centre de la réaction :

Légende : ■ Sain non immunisé(0) ■ Sain Immunisé(112) ● Infecté coronavirus initial(89) ● Infecté nouveau variant(0)

Résultats obtenus pour la seconde modélisation (en présence d'une personne infectée par le variant) :



Ces deux premières modélisations permettent de mettre en évidence que le variant qui possède une probabilité de transmission plus grande se propage plus rapidement dans la population humaine (le nombre de personnes infectées augmente plus rapidement dans le temps).

Modélisation en présence d'un individu infecté par le coronavirus initial et un individu infecté par le nouveau variant :



Cette modélisation permet de mettre en compétition la souche initiale et le variant dans une même population. Remarque : la position des personnes infectées et leur déplacement jouent aussi sur la propagation du coronavirus initial et du variant et les modélisations peuvent donc être différentes avec la possibilité dans de rares cas que la souche initiale se propage de façon équivalente voir un peu plus rapidement que le variant.