

Cuisiner des plats des fêtes

EN MODE SOLO/DUO

Les célébrations du jour de l'An devront se faire chacun chez nous cette année. Par contre, rien ne nous empêche de cuisiner de bons plats festifs pour une ou deux personnes.

Quelques astuces peuvent aider à réduire le gaspillage :

■ RÉDUIRE LE RENDEMENT DES RECETTES

La majorité des recettes que l'on retrouve sur les sites internet ou dans les livres sont calculées pour 4 à 6 portions. On peut facilement couper en deux la recette sans affecter le résultat final.

■ CHOISIR DES RECETTES QUI SE CONGÈLENT

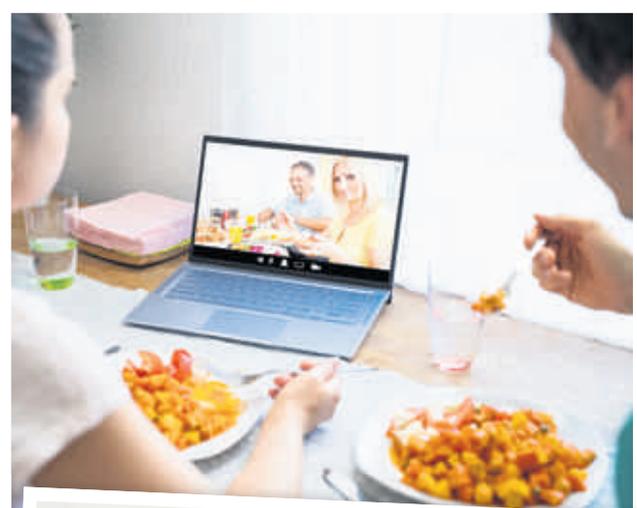
Optez pour des recettes qui se congèlent bien, ainsi vous aurez des repas déjà prêts que vous pourrez savourer plus tard. Prévoyez congeler les recettes en portions individuelles pour faciliter l'utilisation ultérieure.

■ PARTAGER LES RESTANTS AVEC SON ENTOURAGE

Une autre option pour diminuer le gaspillage est de partager nos recettes avec notre entourage. Il est tout à fait permis de livrer des plats préparés sur le pas de la porte de notre famille ou de nos amis. On peut par la suite les déguster ensemble par vidéoconférence pour partager un bon repas à distance.

■ ESSAYER LES RECETTES DANS UNE TASSE

Les préparations culinaires sucrées (muffin, moelleux) ou salées (à base d'œuf notamment) dans les tasses sont plus populaires que jamais. Elles se préparent en quelques minutes seulement au micro-ondes et ont l'avantage d'être pour une seule portion ! Voici ma recette de mug cake protéiné cacao et canneberges : RECETTE FACILE - MUG CAKE PROTÉINÉ, CACAO ET CANNEBERGES - ISABELLE HUOT DOCTEURE EN NUTRITION - Isabelle Huot



Merci à
Jessica Drolet
stagiaire en nutrition, pour
sa précieuse collaboration

Pour d'autres conseils : visitez isabellehuot.com

RICHARD BÉLIVEAU

Docteur en biochimie



MUTATIONS DU CORONAVIRUS : PAS DE SURPRISES

L'apparition soudaine d'une variante du coronavirus contenant plusieurs mutations suscite présentement beaucoup d'inquiétudes. Avant de s'alarmer, il faut savoir que l'apparition de telles mutations est un phénomène biochimique normal et qu'il faut attendre encore un peu pour vraiment connaître leur impact sur l'infectiosité du virus.

Tous les organismes vivants présentent une grande diversité génétique provenant de l'apparition spontanée, par pur hasard, de mutations dans leur ADN. Selon le principe de la sélection naturelle découvert par Darwin, les mutations qui confèrent un avantage reproductif dans un environnement donné sont conservées et transmises aux générations suivantes, tandis que celles qui défavorisent le succès de reproduction entraînent leur élimination. L'évolution peut donc être considérée comme une sorte de loterie à grande échelle qui, par une succession d'essais et d'erreurs, a permis de générer la grande diversité de la vie sur Terre.

VIRUS MUTANTS

Même si les virus ne sont pas des organismes vivants en tant que tels, leur matériel génétique est soumis aux mêmes pressions évolutives que le reste du monde vivant. En fait, les virus mutent encore plus rapidement que d'autres espèces parce qu'ils se multiplient à une vitesse incroyable : pour le virus du sida, par exemple, une seule particule virale produit 10 millions de virus en 24 heures, ce qui augmente drastiquement le nombre de mutations possibles.

Les virus dont le matériel génétique est sous forme d'ARN plutôt que d'ADN sont les plus susceptibles d'accumuler des mutations, parce que l'enzyme qui copie l'ARN (l'ARN polymérase) n'a pas de capacité à corriger ses erreurs, contrairement à l'enzyme qui copie l'ADN.

Puisque les bêtacoronavirus, la famille à laquelle appartient le coronavirus actuel, sont des virus à ARN, il n'est pas étonnant que plusieurs mutations se soient produites.

L'analyse en continu de la propagation du virus a permis de détecter plusieurs milliers de mutations, la vaste majorité d'entre elles étant neutres, c'est-à-dire qu'elles n'ont pas d'impacts sur les propriétés du virus. Les variantes actuellement en circulation du virus sont donc déjà assez différentes de sa forme initiale isolée en Chine en début d'année, ce qui est tout à fait normal.

NOUVEAU MUTANT

Au début décembre, l'analyse d'échantillons provenant du sud-est de l'Angleterre (Kent) a montré que la principale variante du virus infectant la population de cette région était fort différente des souches décrites jusqu'à maintenant.

Cette variante, appelée B.1.1.7, a évolué extrêmement rapidement en acquérant simultanément 17 mutations, dont 8 sont survenues dans le gène codant pour la protéine S présente à la surface du virus et qui est impliquée dans sa liaison avec les cellules humaines. On pense que cette accumulation atypique de plusieurs mutations s'est probablement produite au cours d'une infection de longue durée chez un patient, qui a permis au virus de se reproduire à de multiples reprises et de générer plusieurs variantes.

La biochimie montre que deux de ces mutations

sont préoccupantes : la mutation N501Y (une asparagine remplacée par une tyrosine en position 501) qui semble augmenter l'interaction avec le récepteur ACE2, la porte d'entrée du virus dans les cellules, et la délétion 69-70del, qui enlève deux acides aminés et qui a auparavant été observée chez des virus qui échappaient au système immunitaire chez des patients immunocompromis.

En Angleterre, où les nouveaux cas de Covid ont considérablement augmenté au cours des dernières semaines, on estime qu'environ 60 % des infections sont causées par cette nouvelle forme du virus, ce qui amène certaines personnes à dire que cette variante serait plus dangereuse.

Il y a encore beaucoup trop d'inconnues pour faire cette affirmation. D'une part, la variante est corrélée avec une hausse des infections, mais n'est pas nécessairement la cause de cette augmentation. Par exemple, un autre mutant apparu en Espagne l'été dernier avait lui aussi été associé à une hausse dramatique des cas de Covid-19, ce qui pouvait suggérer un plus grand potentiel infectieux, mais on sait maintenant que ce sont les nombreux voyageurs en vacances en Espagne qui ont propagé cette variante à l'échelle européenne.

Il faut donc rester prudent et attendre les résultats d'études qui vont examiner si le nouveau mutant est effectivement plus virulent en mesurant son activité infectieuse avec des cellules en culture et des animaux de laboratoire.

On peut demeurer optimiste quant à l'efficacité des vaccins actuels contre ces formes mutées du virus. La réponse immunitaire est polyclonale : elle comprend plusieurs anticorps qui ciblent différentes portions de la protéine S du virus.

La probabilité statistique de mutations simultanées de la structure protéique à plusieurs endroits différents pour échapper à l'ensemble des anticorps neutralisants, tout en préservant le potentiel infectieux du virus, est excessivement faible, du moins à court terme.

Il faut évidemment demeurer vigilant de façon à pouvoir réagir très rapidement si l'accumulation des mutations au fil du temps permettait au virus de devenir résistant aux vaccins en cours. Grâce à la biochimie utilisée pour ces vaccins (ARN messager), on peut cependant réagir très rapidement et modifier la séquence du vaccin pour tenir compte de ces mutations.

Mentionnons enfin que plusieurs virus ont tendance à devenir moins létaux au cours de leur évolution. L'objectif ultime d'un virus est de se reproduire en faisant le maximum de copies de lui-même et il a donc avantage à évoluer pour devenir plus contagieux, sans toutefois développer une virulence qui pourrait tuer trop rapidement son hôte. Il est d'ailleurs intéressant de noter qu'une variante très répandue du coronavirus actuel présente une mutation (D614G) qui augmente son potentiel infectieux et sa transmissibilité interindividuelle, sans être plus pathogène ⁽¹⁾.

Il est donc possible que le nouveau mutant exerce des impacts similaires et soit simplement une variante plus contagieuse du virus, contre laquelle les vaccins présents demeureraient efficaces. D'où l'importance de respecter les mesures préventives de base (masque, distanciation sociale) pour limiter la propagation du virus, en attendant la vaccination globale des populations.

(1) Hou YJ et coll. SARS-CoV-2 D614G variant exhibits efficient replication ex vivo and transmission in vivo. *Science* 2020; 370:1464-1468.