



**Covid-19 : une femme
simultanément infectée par deux
variants différents**

Dimanche 11 juillet dernier, les chercheurs belges ont dévoilé une situation inédite : une nonagénaire est décédée après avoir été contaminée par deux variants du coronavirus en même temps en mars 2021.

LA PATIENTE EST DÉCÉDÉE 5 JOURS APRÈS SON HOSPITALISATION

Une femme a été simultanément infectée par deux variants différents, Alpha et Bêta. Cette étude de cas a été évoquée dans la nouvelle édition du [Congrès européen de microbiologie clinique et des maladies infectieuses \(ECCMID\)](#). Sans antécédents médicaux particuliers, la femme de quatre-vingt-dix ans avait été admise dans un hôpital de la ville belge d'Aalst suite à une série de chutes.

La nonagénaire n'était pas vaccinée. Testée positive au [Covid-19](#) à son arrivée à l'hôpital, elle avait un bon niveau de saturation en oxygène et ne présentait pas de signaux de détresse respiratoire.

Malheureusement, elle a rapidement développé des difficultés respiratoires. Les médecins ont essayé de stabiliser son niveau de saturation d'oxygène, mais son état s'est détérioré. Elle est finalement décédée cinq jours plus tard.

Après avoir effectué des tests approfondis sur ce cas, l'hôpital a découvert que la patiente avait été contaminée par deux souches différentes du virus SARS-CoV-2, notamment la souche Alpha originaire du Royaume-Uni et la souche Bêta originaire d'Afrique du Sud. Les scientifiques indiquent qu'il est difficile de dire si cette double infection était liée à la détérioration rapide de l'état de la patiente après son admission à l'hôpital.

« *Les deux variants circulaient en Belgique à l'époque (mars 2021), il est donc probable que la dame ait été co-infectée par deux personnes différentes. Malheureusement, nous ne savons pas comment elle a été contaminée* », a déclaré Anne Vankeerberghen, biologiste moléculaire, soulignant qu'il s'agit de l'un des premiers cas documentés de co-infection avec deux variants préoccupants du SARS-CoV-2.

Cette dernière pense que ce phénomène est sous-estimé à cause du nombre limité de tests pour les variants préoccupants du coronavirus, ainsi que l'absence d'un moyen simple d'identifier des co-infections avec le séquençage du génome entier.