

LE SARS-COV-2 AU SEIN DES CORONAVIRUS



Diversity of ACE2 and its interaction with SARS-CoV-2 receptor binding domain

Auteurs : Gan J. L. *et al.* - *Source* : Biochemical Journal - *Date de publication* : 24 septembre 2021

Analyse de la variabilité existant entre les récepteurs cellulaires (ACE2) de plusieurs espèces animales et l'Homme, pour essayer de comprendre les paramètres intervenant dans leur reconnaissance par le domaine d'attachement de la protéine de spicule du SARS-CoV-2. L'affinité la plus forte entre les deux se rencontre chez l'Homme et le hamster ; elle est moindre chez le chat et le bovin et s'avère faible chez la chauve-souris fer-à-cheval et le furet.

Call of the wild - Why many scientists say it's unlikely that SARS-CoV-2 originated from a "lab leak"

Auteur : Cohen J. - *Source* : Science - *Date de publication* : 7 septembre 2021

L'auteur passe en revue de manière détaillée les termes du débat auquel ont déjà participé nombre de scientifiques sur l'origine possible du SARS-CoV-2 en fonction des informations historiques, phylogéniques, etc. disponibles. La transmission du virus à des individus à partir d'une source animale reste la plus probable, mais l'hypothèse d'une échappée du virus d'un laboratoire n'est pas définitivement écartée.

US COVID origins report: researchers pleased with scientific approach

Auteur : Maxmen A. - *Source* : Nature - *Date de publication* : 27 août 2021

L'auteur présente les résultats des investigations menées par les services de renseignement des États-Unis d'Amérique (dont la CIA et le FBI) sur l'origine de la COVID-19 et donne le lien pour prendre connaissance du résumé non classifié rédigé à l'issue de ces investigations. Celles-ci restent non conclusives, si ce n'est que le virus causal n'est pas une arme biologique et n'a vraisemblablement pas été le résultat de manipulations génétiques.

Predicting hosts based on early SARS-CoV-2 samples and analysing the 2020 pandemic

Auteurs : Guo Q. *et al.* - *Source* : Scientific Reports - *Date de publication* : 31 août 2021

Mise au point d'une méthode d'intelligence artificielle par apprentissage profond permettant de déterminer dès l'émergence d'un nouveau virus pathogène, à partir de ses caractéristiques génomiques, ses hôtes potentiels, et application de la méthode au SARS-CoV-2.

The animal origin of SARS-CoV-2

Auteurs : Lytras S. *et al.* - *Source* : Science - *Date de publication* : 27 août 2021

Cet article, qui associe auteurs britanniques et chinois, poursuit la réflexion sur l'origine zoonotique probable du SARS-CoV-2 en République populaire de Chine, entamée avec l'article intitulé « Exploring the natural origins of SARS-CoV-2 in the light of recombination » qui a été publié dans bioRxiv le 22 janvier 2021.

Origins of SARS-CoV-2: window is closing for key scientific studies

Auteurs : Koopmans M. *et al.* - *Source* : Nature - *Date de publication* : 25 août 2021

Les chercheurs qui ont fait partie de l'équipe internationale constituée par l'OMS pour travailler avec les autorités de République populaire de Chine à la recherche de l'origine de la COVID-19 répondent à un certain nombre de critiques émises à l'encontre de leur rapport et listent les actions prioritaires qu'il est urgent d'entreprendre pour qu'il soit encore possible de déterminer cette origine, en particulier en ce qui concerne les animaux qui peuvent avoir joué le rôle de réservoirs ou d'hôtes intermédiaires.

The origins of SARS-CoV-2: A critical review

Auteur : Holmes E. C. *et al.* - *Source* : Cell - *Date de publication* : 18 août 2021

Considérant les débats récents sur deux hypothèses concurrentes quant à l'origine du SARS-CoV-2, les auteurs passent en revue les connaissances scientifiques actuellement disponibles permettant de juger de la vraisemblance de l'une et l'autre hypothèse.

ACE2-Variants Indicate Potential SARS-CoV-2-Susceptibility in Animals: A Molecular Dynamics Study

Auteurs : Pach S. et al. - Source : Molecular Informatics - Date de publication : 10 août 2021

Pour tenter d'expliquer les différences de sensibilité vis-à-vis du SARS-CoV-2 constatées entre les espèces animales, les auteurs ont mis au point des modèles permettant de simuler au niveau atomique la dynamique de liaison entre la protéine de spicule du virus et le récepteur cellulaire (ACE2) de l'hôte.

Retrouver les origines du SARS-CoV-2 dans les phylogénies de coronavirus

Auteurs : Sallard E. et al. - Source : Médecine/Sciences - Date de publication : 10 août 2020

En se fondant sur des inférences phylogénétiques, l'analyse des séquences et les relations structure-fonction des protéines de coronavirus, éclairées par les connaissances disponibles, les auteurs discutent différents scénarios pour rendre compte de l'origine - naturelle ou synthétique - du SARS-CoV-2.

Can Science Help Resolve the Controversy on the Origins of the SARS-CoV-2 Pandemic?

Auteurs : Casadevall A. et al. - Source : mBio - Date de publication : 2 août 2021

Les auteurs confrontent les deux hypothèses en présence quant à l'origine de la pandémie de COVID-19, à savoir une transmission virale à partir d'une source animale sauvage (chauve-souris via un mammifère hôte intermédiaire) ou bien un accident de laboratoire (infection d'un chercheur par un virus de chauve-souris puis sa transmission à d'autres personnes), mais doutent que la science puisse apporter une réponse définitive sur ce sujet.

Rapport 21-11. Covid-19 et monde animal, d'une origine encore mystérieuse vers un futur toujours incertain

Auteurs : Brugère-Picoux J. et al. - Source : Bulletin de l'Académie Nationale de Médecine - Date de publication : 14 juillet 2021

Synthèse générale sur les connaissances actuelles relatives à l'origine zoonotique de la COVID-19 et aux espèces animales pouvant être infectées naturellement ou expérimentalement par le SARS-CoV-2 ainsi que sur les recommandations de la Commission européenne en matière de surveillance épidémiologique à exercer en la matière dans un objectif de santé publique.

The COVID lab-leak hypothesis: what scientists do and don't know

Auteurs : Maxmen A. et Mallapaty S. - Source : Nature - Date de mise sur un forum de discussion : 8 juin 2021

Les auteurs examinent l'hypothèse selon laquelle le SARS-CoV-2 serait un virus échappé d'un laboratoire chinois ainsi que les arguments scientifiques avancés pour soutenir celle-ci.

Early appearance of two distinct genomic lineages of SARS-CoV-2 in different Wuhan wildlife markets suggests SARS-CoV-2 has a natural origin

Auteur : Garry R. F. - Source : Virological.org - Date de mise sur un forum de discussion : 12 mai 2021

S'appuyant sur les études les plus récentes conduites par l'OMS sur l'origine du SARS-CoV-2, l'auteur, en se basant sur les données épidémiologiques et génomiques disponibles, considère que l'hypothèse d'une fuite du virus d'un laboratoire est à écarter et qu'il convient de rechercher cette origine au sein des marchés d'animaux sauvages de Wuhan (Rép. pop. de Chine).

Fundamental evolution of all Orthocoronavirinae including three deadly lineages descendent from Chiroptera-hosted coronaviruses: SARS-CoV, MERS-CoV and SARS-CoV-2

Auteurs : Machado D. J. et al. - Source : Cladistics - Date de publication : 26 avril 2021

Analyse phylogénique de génomes complets de différentes lignées d'Orthocoronavirinae conduisant notamment à comprendre les franchissements de la barrière d'espèce parmi 10 ordres dans le règne animal et à corroborer l'idée que des virus hébergés par les chiroptères sont les groupes compagnons des virus en relation avec le SARS-CoV, le SARS-CoV-2 et le MERS-CoV.

ACE2 diversity in placental mammals reveals the evolutionary strategy of SARS-CoV-2

Auteurs : Fam B. S. O. *et al.* - *Source* : Genetics and Molecular Biology - *Date de mise sur un forum de discussion* : 22 avril 2020

Analyse génomique comparative des orthologues de l'ACE2 de 70 espèces de mammifères placentaires (16 domestiques et 54 sauvages), en vue notamment de mettre en évidence l'influence des différences existant entre les séquences d'acides-amino de cette enzyme sur la possibilité d'infection de ces espèces et sur le franchissement de la barrière d'espèce.

On the origin and evolution of SARS-CoV-2

Auteurs : Singh D. et Yi S. V. - *Source* : Experimental & Molecular Medicine - *Date de publication* : 16 avril 2021

L'article montre que le génome du SARS-CoV-2 porte la signature de nombreuses recombinaisons anciennes entre différentes souches ainsi que de mutations adaptatives, qui ont rendu en particulier sa protéine de spicule capable de s'attacher aux cellules de nombreuses espèces animales y compris l'Homme.

The homology analysis of ACE2 gene and its distinct expression in laboratory and wild animals

Auteurs : Wang G. *et al.* - *Source* : bioRxiv - *Date de soumission en vue de publication (article en cours d'évaluation)* : 10 avril 2021

*Cette recherche a conduit à constater que dans l'ADN de 11 espèces d'animaux sauvages ou de laboratoire (chauve-souris *Hipposideros pomona*, toupaye, souris, hamster doré, etc.) le gène du site d'attachement cellulaire au SARS-CoV-2 (ACE2) est très similaire. En revanche, l'expression du gène (en ARNm et protéine) diffère grandement d'une espèce à l'autre.*

SARS-CoV-2 in animals: From potential hosts to animal models

Auteurs : Michelitsch A. *et al.* - *Source* : Advances in Virus Research - *Date de publication* : 7 avril 2021

Essai de classification selon une échelle semi-quantitative de la sensibilité des espèces animales au SARS-CoV-2 en tenant compte, après inoculation du virus, de la détection du génome viral, de la réponse sérologique, de l'apparition de signes cliniques et de la transmission à des congénères ou à l'Homme.

Substitutions and codon usage in SARS-CoV-2 in mammals indicate natural selection and host adaptation

Auteurs : Lei Z. *et al.* - *Source* : bioRxiv - *Date de soumission en vue de publication (article en cours d'évaluation)* : 5 avril 2021

Cette étude s'intéresse aux divergences existant dans la composition du génome et l'utilisation des codons du SARS-CoV-2 chez l'Homme et différentes espèces d'animaux (chien, différents félins, furet, vison) en vue de comprendre le rôle potentiel de la sélection naturelle dans l'évolution du virus, sa capacité d'adaptation et sa transmission.

COVID-19 update (120): animal, Russia, vaccine

Auteur : ProMED, d'après Al Jazeera - *Source* : ProMED - *Date de publication* : 31 mars 2021

Annnonce (reprise vraisemblablement de l'agence TASS) de la mise au point en Russie d'un vaccin contre la COVID-19 destiné aux animaux. Ont été inclus dans les essais cliniques des animaux domestiques (chiens et chats) et des animaux à fourrure (visons, renards et renards polaires).

WHO-convened global study of origins of SARS-CoV-2: China Part

Auteur : OMS - *Source* : OMS - *Date de publication* : 30 mars 2021

Rapport de l'équipe d'experts internationaux mise sur pied conjointement par l'OMS et la Rép. pop. de Chine qui s'est rendue du 14 janvier au 10 février 2021 dans la ville de Wuhan pour tenter de découvrir l'origine de l'épidémie de COVID-19. Y sont notamment fournies quelques informations sur la surveillance exercée dans ce pays chez les animaux sauvages et d'élevage, et y sont présentées les hypothèses émises par l'équipe d'experts sur l'origine possible du SARS-CoV-2.

Evolutionary differences in the ACE2 reveals the molecular origins of COVID-19 susceptibility

Auteurs : Cheng R. R. *et al.* - *Source* : bioRxiv - *Date de soumission en vue de publication (article en cours d'évaluation)* : 26 mars 2021

Partant d'outils théoriques originellement développés pour étudier la conformation des protéines et en prenant l'ACE2 de l'Homme pour référence, les auteurs montrent qu'il est possible de déterminer si une espèce animale particulière est sensible au SARS-CoV-2 à partir de la seule connaissance de la séquence protéique de leur ACE2.

Functional and genetic analysis of viral receptor ACE2 orthologs reveals a broad potential host range of SARS-CoV-2

Auteurs : Liu Y. et al. - Source : PNAS - Date de publication : 3 mars 2021

En étudiant la capacité du récepteur cellulaire (ACE2) de diverses espèces à permettre l'entrée du SARS-CoV-2, les auteurs montrent que ce virus est capable d'infecter un large éventail de mammifères parmi lesquels des animaux de compagnie ou de rente ainsi que des animaux maintenus habituellement en captivité dans des zoos ou des parcs aquatiques.

Report of the WHO-China Joint Mission on Coronavirus Disease 2019 (COVID-19)

Auteur : OMS - Source : OMS - Date de publication : 28 février 2021

Rapport sur la mission conjointe OMS-République populaire de Chine qui s'est déroulée du 16 au 24 février 2021.

Ce rapport contient très peu d'éléments sur l'origine de la maladie et les investigations réalisées ou à réaliser sur les animaux sauvages, notamment ceux qui ont pu se trouver sur le marché de Wuhan.

Can COVID spread from frozen wildlife? Scientists probe pandemic origins

Auteur : Lewis D. - Source : Nature - Date de publication : 26 février 2021

L'article évoque les différentes hypothèses avancées sur l'origine du SARS-CoV-2 en République populaire de Chine ou qui ont été mises en avant par des chercheurs chinois : viande congelée d'animaux de la faune sauvage, surface de denrées alimentaires contaminée, emballages de produits alimentaires. Une origine chez des animaux sauvages vivants reste néanmoins la plus probable.

Where did COVID come from? Five mysteries that remain

Auteur : Mallapaty S. - Source : Nature - Date de publication : 26 février 2021

Quelques questions importantes restent pendantes après la réalisation de la mission de l'OMS en République populaire de Chine. Deux d'entre elles concernent le rôle éventuel des animaux sauvages, ou de leurs viandes, vendus sur le marché de Huanan ou d'autres marchés à Wuhan, ainsi que l'éventuelle circulation du SARS-CoV-2 dans la faune chinoise avant que n'apparaisse la pandémie de COVID-19.

Cases of SARS-CoV-2 in Animals in the United States

Auteur : United States Department of Agriculture, Animal and Plant Health Inspection Service - Source : USDAAPHIS - Date de publication : 22 février 2021

Ce texte fournit la liste des espèces animales (un seul animal par foyer) chez lesquelles l'infection par le SARS-CoV-2 a été identifiée aux Etats-Unis ; il est régulièrement actualisé.

Spike protein sequences of Cambodian, Thai and Japanese bat sarbecoviruses provide insights into the natural evolution of the Receptor Binding Domain and S1/S2 cleavage site

Auteurs : Holmes E. C. et al. - Source : Virological.org - Date de mise sur un forum de discussion : 21 février 2021

Les auteurs discutent de l'évolution naturelle des sarbecovirus à partir des résultats du séquençage de la protéine de spicule de virus isolés (principalement chez des chauves-souris) en Chine, au Cambodge, en Thaïlande et au Japon. Ils font aussi état de données non publiées sur l'isolement d'un nouveau sarbecovirus à partir de prélèvements collectés en 2017 dans la province du Yunnan sur un pangolin à queue courte (Manis pentadactyla).

Predicting the zoonotic capacity of mammal species for SARS-CoV-2

Auteurs : Fischhoff I. F. et al. - Source : bioRxiv - Date de soumission en vue de publication (article en cours d'évaluation) : 19 février 2021

Les auteurs combinent une modélisation de la structure du récepteur ACE2 chez de nombreuses espèces de mammifères avec un recours à des méthodes d'intelligence artificielle axées sur leurs caractéristiques pour prédire la force de l'attachement entre le domaine de liaison du SARS-CoV-2 et le récepteur ACE2 chez chacune d'elles. Ils en tirent des conclusions quant à leur sensibilité vis-à-vis du virus et à leur capacité à transmettre le virus à l'Homme.

Predicting mammalian hosts in which novel coronaviruses can be generated

Auteurs : Wardeh M. et al. - Source : Nature Communications - Date de publication : 16 février 2021

Considérant les recombinaisons génétiques pouvant intervenir entre différentes souches de coronavirus infectant un même hôte, les auteurs examinent à

l'aide de méthodes d'intelligence artificielle les possibilités de génération de nouveaux coronavirus chez les animaux domestiques et sauvages. L'une de leurs conclusions est que l'éventail des espèces potentiellement porteuses du SARS-CoV-2 pourrait être plus large que ce que les connaissances actuelles laissent penser.

CORONAVIRUS DISEASE 2019 UPDATE (65): ANIMAL, CHINA, ORIGIN, WHO MISSION, HUANAN MARKET

Auteur : ProMED, d'après le New York Times - Source : ProMED - Date de publication : 14 février 2021

Informations qui ont été fournies au New York Times par l'un des membres de la mission internationale de l'OMS qui s'est rendue en République populaire de Chine sur les conclusions qui ont pu en être tirées, en particulier en matière de vente d'animaux de la faune sauvage sur le marché aux poissons de Wuhan. Suivent des commentaires de ProMED sur les déclarations passées des autorités chinoises locales et du directeur du CDC chinois.

'Major stones unturned': COVID origin search must continue after WHO report, say scientists

Auteurs : Mallapaty S. et al. - Source : Nature - Date de publication : 10 février 2021

L'article propose un résumé des conclusions que le groupe d'experts en épidémiologie constitué par l'OMS a tirées de sa mission en République populaire de Chine. Le groupe a exclu la possibilité d'une échappée du SARS-CoV-2 d'un laboratoire et a formulé plusieurs recommandations visant à poursuivre les recherches à partir de prélèvements humains ou animaux pour tenter de déterminer l'origine de ce virus.

Animal Coronaviruses and SARS-COV-2 in Animals, What Do We Actually Know?

Auteurs : Bonilauri P. et Rugna G. - Source : Life - Date de publication : 5 février 2021

Revue des connaissances sur le SARS-CoV-2 chez les animaux domestiques et sauvages.

Tracing the origins of SARS-COV-2 in coronavirus phylogenies: a review

Auteurs : Sallard E. et al. - Source : Environmental Chemistry Letters - Date de publication : 4 février 2021

En s'appuyant sur des considérations phylogénétiques, une analyse séquentielle et les relations structure - fonction des protéines de coronavirus, les auteurs discutent des différents scénarios relatifs à l'origine, naturelle ou accidentelle, du SARS-CoV-2, sans pouvoir conclure par insuffisance des données actuellement disponibles.

Evolution of ACE2 and SARS-CoV-2 Interplay Across 247 Vertebrates

Auteurs : Zhang T. et al. - Source : bioRxiv - Date de soumission en vue de publication (article en cours d'évaluation) : 2 février 2021

Étude de l'affinité entre l'ACE2 de différents types de gnathostomes (vertébrés à mâchoire) et le domaine d'attachement de la protéine de spicule du SARS-CoV-2. Cette affinité n'est que rarement élevée chez les animaux n'appartenant pas à la classe des mammifères.

Exploring the natural origins of SARS-CoV-2

Auteurs : Lytras S. et al. - Source : bioRxiv - Date de soumission en vue de publication (article en cours d'évaluation) : 22 janvier 2021

Les auteurs analysent par des méthodes bio-informatiques les sarbecovirus des chauves-souris et pangolins en relation avec le SARS-CoV-2 et confortent l'hypothèse selon laquelle le Rhinolophe fer à cheval intermédiaire (Rhinolophus affinis), dont l'aire de distribution couvre la Chine centrale et méridionale, constitue très probablement l'espèce réservoir à l'origine du virus.

The Rhinolophus affinis bat ACE2 and multiple animal orthologs are functional receptors for bat coronavirus RaTG13 and SARS-CoV-2

Auteurs : Li P. et al. - Source : Science Bulletin - Date de publication : 19 janvier 2021

Comparaison du récepteur ACE2 dans différentes espèces animales domestiques ou sauvages pour le RaTG13 (coronavirus de la chauve-souris), le SARS-CoV, et le SARS-CoV-2.

Sequencing of SARS-CoV-2 - first update

Auteur : ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control) - Source : ECDC - Date de publication : 18 janvier 2021

Il s'agit d'une note technique destinée à fournir aux laboratoires et aux décideurs des lignes directrices sur la mise en place de capacités de séquençage du SARS-CoV-2, sur les techniques à utiliser et sur l'usage de ce séquençage en matière de diagnostic, de recherche ainsi que d'enquêtes sur les foyers et de surveillance de la maladie, y compris dans le domaine animal.

Predicting mammalian species at risk of being infected by SARS-CoV-2 from an ACE2 perspective

Auteurs : Wei Y. et al. - Source : Scientific Reports - Date de publication : 18 janvier 2021

Les auteurs défendent l'hypothèse selon laquelle, pour déterminer l'éventail des hôtes susceptibles d'être infectés par le SARS-CoV-2, il ne faut pas regarder d'un point de vue global les similarités existant entre les alignements de gènes de l'ACE2 (récepteur cellulaire du virus) telles que reflétées par les relations phylogéniques entre mammifères, mais s'intéresser aux gènes situés à des sites d'attachement clés de la protéine de spicule du virus.

SARS-CoV-2 spill-over events

Auteurs : Zhou P. et Shi Z-L. - Source : Science - Date de publication : 8 janvier 2021

Ces deux chercheurs de la République populaire de Chine mettent l'accent sur l'aspect zoonotique du SARS-CoV-2, en commentant en particulier les évolutions de son génome au sein de chaque espèce atteinte et des effets que ces dernières peuvent avoir en termes de transmissibilité et de pathogénicité du virus ainsi que d'efficacité des vaccins destinés à l'Homme.

CORONAVIRUS DISEASE 2019 UPDATE (07): ANIMAL, CHINA, ORIGIN, WHO EXPERTS MISSION

Auteur : ProMED, d'après CBS, AFP, South China Morning Post et Yangtze Daily - Source : ProMED - Date de publication : 6 janvier 2021

ProMED fait état des dernières informations concernant les négociations qui se poursuivent entre l'OMS et la République populaire de Chine sur la mission d'un groupe d'experts devant se rendre dans ce pays pour tenter de déterminer l'origine de la COVID-19. Sont aussi données des informations sur les mesures prises sur le marché aux produits de la mer de Wuhan.

COVID-19 et animaux. Mise à jour au 05/01/2021

Auteur : Plateforme ESA - Source : Plateforme ESA - Date de publication : 5 janvier 2021

Cette note présente l'état des connaissances sur la COVID-19 et les animaux, actualisé au 05/01/2021.

The ancient cardioprotective mechanisms of ACE2 bestow SARS-CoV-2 with a wide host range

Auteurs : Castiglione G. M. et al. - Source : bioRxiv - Date de soumission en vue de publication (article en cours d'évaluation) : 4 janvier 2021

Un mécanisme conservé au cours de l'évolution qui s'avère essentiel à l'activité catalytique de l'ACE2 est exploité par le SARS-CoV-2 pour se lier aux cellules, ce qui permet potentiellement à ce virus d'infecter un très large éventail d'espèces.

Mutations arising in SARS-CoV-2 spike on sustained human-to-human transmission and human-to-animal passage

Auteur : Garry R. F. - Source : Virological.org - Date de mise sur un forum de discussion : 3 janvier 2021

L'auteur passe en revue certaines des mutations survenues dans la protéine de spicule du SARS-CoV-2 à l'occasion d'une circulation du virus dans la population humaine ou à la suite du passage de celui-ci de l'Homme à des animaux. Cela conduit l'auteur à mettre en lumière certaines caractéristiques de l'évolution de cette protéine pouvant être impliquées dans les transmissions entre espèces.

SARS-CoV-2 proteases PLpro and 3CLpro cleave IRF3 and critical modulators of inflammatory pathways (NLRP12 and TAB1): implications for disease presentation across species.

Auteurs : Moustaqil M. et al. - Source : Emerging Microbes & Infections - Date de publication : 29 décembre 2020

Les auteurs démontrent que des protéases du SARS-CoV-2 peuvent directement cliver des protéines intervenant dans la réponse immunitaire innée de l'hôte (IRF3, NLRP12 et TAB1). Ils étudient s'il y a ou non clivage de ces facteurs immuns dans différentes espèces animales et en tirent des

conclusions sur la difficulté de trouver des modèles animaux adéquats de la COVID-19. Ils poursuivent leur étude sur ce sujet en prenant notamment en compte diverses espèces de chauves-souris.

Naturally Occurring Animal Coronaviruses as Models for Studying Highly Pathogenic Human Coronaviral Disease

Auteurs : Kenney S. P. et al. - Source : Veterinary Pathology - Date de publication : 28 décembre 2020

Les auteurs considèrent que les maladies animales dues à des coronavirus fournissent des exemples intéressants pour comprendre l'épidémie actuelle de SARS-CoV-2. Ils donnent des informations actualisées sur plusieurs maladies animales à coronavirus (espèce hôte originelle, passage d'une espèce animale à l'autre, risque pour les humains, etc.).

The SARS-CoV-2 Spike protein has a broad tropism for mammalian ACE2 proteins

Auteurs : Conceicao C. et al. - Source : PLOS BIOLOGY - Date de publication : 21 décembre 2020

Les auteurs montrent que la glycoprotéine de spicule du SARS-CoV-2 a un tropisme marqué pour les récepteurs ACE2 non seulement de l'Homme mais aussi de nombre de mammifères, malgré les différences existant dans les séquences d'acides aminés de ces récepteurs. Ils identifient au sein de l'interface protéine de spicule - ACE2, par différentes méthodes, des résidus d'acides aminés qui sont susceptibles d'avoir joué un rôle essentiel dans l'apparition du SARS-CoV-2 chez l'Homme.

Mutational spectra of SARS-CoV-2 isolated from animals

Auteurs : Elswad A. et al. - Source : PeerJ - Date de publication : 18 décembre 2020

Comparaison des génomes de souches du SARS-CoV-2 isolées chez différentes espèces animales avec ceux d'isolats humains provenant du même clade et de la même localisation géographique.

Genomic recombination events may reveal the evolution of coronavirus and the origin of SARS-CoV-2

Auteurs : Zhu Z. et al. - Source : Scientific

Reports - Date de mise sur un forum de discussion : 10 décembre 2020

Sur la base de l'arbre phylogénique des coronavirus et d'une analyse approfondie de plus de 29 000 génomes de coronavirus, dont ceux de plus de 26 000 souches de SARS-CoV-2, les auteurs considèrent avoir conforté l'hypothèse selon laquelle ce virus trouverait son origine dans des recombinaisons survenues entre les souches Bat-CoV-RaTG13 et Pangolin-CoV-2019.

In silico mutagenesis of human ACE2 with S protein and translational efficiency explain SARS-CoV-2 infectivity in different species

Auteurs : Delgado Blanco J. et al. - Source : PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY - Date de publication : 7 décembre 2020

Les auteurs examinent la variabilité de l'interaction entre le domaine de liaison cellulaire chez différentes espèces animales ainsi que chez des individus et la protéine S de différents isolats du SARS-CoV-2 ; par modélisation, ils montrent que l'énergie d'interaction à ce niveau et d'autres facteurs décrits expliquent la sensibilité différente de ces espèces, l'Homme s'avérant le plus sensible.

Insights on cross-species transmission of SARS-CoV-2 from structural modeling

Auteurs : Rodrigues J. P. G. L. M. et al. - Source : PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY - Date de publication : 3 décembre 2020

Les auteurs ont notamment étudié par modélisation informatique les propriétés structurelles des récepteurs cellulaires ACE2 auxquels la protéine de spicule du SARS-CoV-2 se lie ainsi que les spécificités de ces récepteurs existant chez les espèces non sensibles au virus.

Meet the scientists investigating the origins of the COVID pandemic

Auteur : Mallapaty S. - Source : Nature - Date de publication : 2 décembre 2020

L'auteur décrit la composition de l'équipe de chercheurs qu'a constituée l'OMS pour enquêter sur l'origine de la pandémie de COVID-19 en R. P. de Chine. Parmi ces chercheurs, originaires majoritairement d'Europe, figurent des virologistes ainsi que des spécialistes de santé publique et des zoonoses.

Multi-species ELISA for the detection of antibodies against SARS-CoV-2 in animals

Auteurs : Wernike K. *et al.* - *Source* : Transboundary and Emerging Diseases - *Date de publication* : 15 novembre 2020

Mise au point d'un test ELISA indirect qui repose sur le domaine de liaison (RBD) de la protéine de spicule du SARS-CoV-2 et qui peut être utilisé pour de multiples espèces animales.

Where did COVID come from? WHO investigation begins but faces challenges

Auteur : Mallapaty S. - *Source* : Nature - *Date de publication* : 11 novembre 2020

L'auteur fait part des diverses difficultés auxquelles va être confrontée l'équipe internationale d'épidémiologistes constituée par l'OMS dans la recherche de l'origine de la COVID-19 au cours de ses investigations en République populaire de Chine.

New putative animal reservoirs of SARS-CoV-2 in Italian fauna: a bioinformatic approach

Auteurs : Buonocore M. *et al.* - *Source* : Heliyon - *Date de publication* : 5 novembre 2020

Par analyse des séquences d'acides-amino de la protéine ACE2 chez les animaux domestiques ou sauvages communément présents en Italie, les auteurs essayent de déterminer ceux d'entre eux qui pourraient jouer le rôle de réservoir du SARS-CoV-2 ou bien échanger le virus avec la population humaine.

WHO-convened Global Study of the Origins of SARS-CoV-2 : Terms of References for the China Part (final draft) [Attention : document à télécharger]

Auteur : OMS - *Source* : OMS - *Date de publication* : 5 novembre 2020

Cahier des charges établi par l'OMS en accord avec les autorités de la République populaire de Chine pour la constitution d'une équipe internationale multidisciplinaire en vue de déterminer l'origine de la COVID-19. Ce cahier des charges comprend des volets portant sur les animaux sauvages libres ou tenus en captivité ainsi que sur les produits d'origine animale.

« La question de l'origine du SARS-CoV-2 se pose sérieusement »

Auteur : Pigenet Y. - *Source* : CNRS Le journal - *Date de publication* : 28 octobre 2020

Le virologue Étienne Decroly, Directeur de recherche au CNRS, fait le point sur les différentes hypothèses relatives à l'origine du SARS-CoV-2, dont celle de l'échappement accidentel d'un laboratoire.

NVX-CoV2373 vaccine protects cynomolgus macaque upper and lower airways against SARS-CoV-2 challenge

Auteurs : Guebre-Xabier M. *et al.* - *Source* : Vaccine - *Date de publication* : 23 octobre 2020

Essai d'un vaccin adjuvé dénommé NVX-CoV2373 contre la COVID-19 chez le macaque crabier (Macaca fascicularis).

Animals and SARS-CoV-2: Species susceptibility and viral transmission in experimental and natural conditions, and the potential implications for community transmission

Auteurs : Hobbs E. C. *et Reid T. J.* - *Source* : Transboundary and Emerging Diseases - *Date de publication* : 22 octobre 2020

Revue détaillée de la littérature scientifique disponible (à la date de rédaction de l'article) sur la sensibilité au SARS-CoV-2 de différentes espèces animales.

Potential zoonotic sources of SARS-CoV-2 infections

Auteurs : Jo W. K. *et al.* - *Source* : Transboundary and Emerging Diseases - *Date de publication* : 9 octobre 2020

Les auteurs présentent un panorama des connaissances sur le SARS-CoV-2, en mettant l'accent sur son potentiel zoonotique, et discutent des stratégies disponibles dans le cadre d'une approche dite « une seule santé ».

SARS-CoV-2 spike protein predicted to form complexes with host receptor protein orthologues from a broad range of mammals

Auteurs : Lam S. D. *et al.* - *Source* : Scientific Reports - *Date de publication* : 5 octobre 2020

Les chercheurs montrent par modélisation de la façon dont la protéine de spicule du SARS-CoV-2 s'attache à la protéine ACE-2 que chez certaines espèces de mammifères, ce lien pourrait s'établir aussi fermement qu'il le fait en cas d'infection

humaine, ce qui pose une nouvelle fois la question du rôle de réservoir qu'elles pourraient jouer.

Predicting susceptibility to SARS-CoV-2 infection based on structural differences in ACE2 across species

Auteurs : Alexander M. R. et al. - Source : The FASEB Journal - Date de publication : 4 octobre 2020

Les auteurs combinent la sensibilité connue de différentes espèces animales au SARS-CoV-2 avec des analyses de structure pour repérer des positions clés d'acides aminés du récepteur ACE2 dans ces espèces. Ils s'en servent pour construire une échelle de sensibilité au SARS-CoV-2 applicable à tout un ensemble d'espèces.

The Potential Intermediate Hosts for SARS-CoV-2

Auteurs : Zhao J. et al. - Source : Frontiers in Microbiology - Date de publication : 30 septembre 2020

Les auteurs passent en revue les hypothèses qui ont été émises par les chercheurs de différents pays au sujet de l'espèce hôte intermédiaire par laquelle a été transmis le SARS-CoV-2 de la chauve-souris à l'Homme.

Broad host range of SARS-CoV-2 and the molecular basis for SARS-CoV-2 binding to cat ACE2

Auteurs : Wu L. et al. - Source : Cell Discovery - Date de publication : 29 septembre 2020

Étude de la capacité de l'ACE2 de 26 espèces animales domestiques ou sauvages à se lier au domaine d'attachement du SARS-CoV-2, et examen au microscope électronique de cette liaison pour ce qui concerne le chat.

Animal models for COVID-19

Auteurs : Muñoz-Fontela C. et al. - Source : Nature - Date de publication : 23 septembre 2020

Les auteurs résument les connaissances actuelles sur les espèces animales susceptibles ou non d'être utilisées comme modèles pour tester des candidats vaccins et des médicaments dans la lutte contre la COVID-19.

Broad host range of SARS-CoV-2 predicted by comparative and structural analysis of ACE2 in vertebrates

Auteurs : Damas J. et al. - Source : PNAS - Date de publication : 8 septembre 2020

Après analyse comparative des séquences ACE2 de 410 espèces de vertébrés, les auteurs suggèrent qu'un grand nombre de mammifères pourraient éventuellement être infectés par le SARS-CoV-2. Ils considèrent que cela peut aider à identifier des hôtes intermédiaires du virus et soulignent les risques d'infection encourus par les espèces menacées d'extinction.

Where Did COVID Come From?

Auteurs : Sansom Ph. et al. - Source : The Naked Scientists - Date de publication : 1er septembre 2020

Broad and Differential Animal Angiotensin-Converting Enzyme 2 Receptor Usage by SARS-CoV-2

Auteurs : Zhao Xuesen et al. - Source : Journal of Virology - Date de publication : 31 août 2020

Les auteurs ont étudié les récepteurs ACE2 de 14 espèces de mammifères et ont trouvé que plusieurs d'entre elles pouvaient être infectées par le type sauvage du SARS-CoV-2 ou son mutant caractérisé par une délétion au niveau du site de clivage de la furine dans la protéine de spicule.

Evaluation for SARS-CoV-2 Testing in Animal

Auteur : Centers for Disease Control and Prevention (CDC) - Source : CDC - Date de publication : 12 août 2020

Ce texte indique les règles à respecter aux Etats-Unis pour le dépistage/diagnostic de l'infection des animaux par le virus SARS-CoV-2.

Retrouver les origines du SARS-CoV-2 dans les phylogénies de coronavirus

Auteurs : Sallard E. et al. - Source : Médecine/Science - Date de publication : 10 août 2020

En se fondant sur des inférences phylogénétiques, l'analyse des séquences et les relations structure-fonction des protéines du SARS-CoV-2, les auteurs discutent les différents scénarios évoqués pour rendre compte de l'origine - naturelle (zoonotique) ou synthétique - du virus.

Exposure of humans or animals to SARS-CoV-2 from wild, livestock, companion and aquatic animals: Qualitative exposure assessment

Auteurs : El Masry I. *et al.* - *Source* : FAO - *Date de publication* : 20 juillet 2020

Comparison of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 Spike Protein Binding to ACE2 Receptors from Human, Pets, Farm Animals, and Putative Intermediate Hosts

Auteurs : Zhai Xiaofeng *et al.* - *Source* : Journal of Virology - *Date de publication* : 16 juillet 2020

Se basant sur les structures révélées par rayon X du récepteur ACE2 chez l'être humain, les auteurs examinent la possibilité de liaison entre ce récepteur tel que retrouvé chez différentes espèces animales et la protéine de spicule du SARS-CoV-2 (animaux de compagnie, animaux de ferme et animaux hôtes intermédiaires éventuels du virus).

A WHO-led mission may investigate the pandemic's origin. Here are the key questions to ask

Auteur : Cohen J. - *Source* : Science Magazine - *Date de publication* : 10 juillet 2020

L'article mentionne la visite d'une équipe de l'OMS en République populaire de Chine, préalable à l'enquête épidémiologique qui devrait être organisée entre ce pays et l'organisation internationale sur l'origine (zoonotique) de la pandémie. Il reprend l'historique, les informations disponibles et les hypothèses émises à ce jour sur ce sujet. ProMED a repris cet article sur sa page d'accueil avec quelques commentaires.

Master Question List COVID-19 (caused by SARS-CoV-2)

Auteur : DHS Science and Technology - *Source* : Department of Homeland Security (DHS) - *Date de publication* : 7 juillet 2020

Ce texte, actualisé chaque semaine, comporte au 7 juillet 2020 la liste en 20 pages des principales questions et réponses correspondantes sur le COVID-19 ; les animaux sont plus particulièrement évoqués pages 3, 5 et 16.

À cette date, il est enrichi de 552 références bibliographiques accompagnées de leur lien.

Considerations for sampling, testing, and reporting of SARS-CoV-2 in animals

Auteur : OIE - *Source* : OIE - *Date de publication* : 3 juillet 2020

Il s'agit de lignes directrices élaborées par l'OIE sur les conditions dans lesquelles des animaux domestiques ou sauvages devraient être testés vis-à-vis du SARS-CoV-2 et les cas positifs signalés à cette organisation internationale.

Exposure of humans or animals to SARS-CoV-2 from wild, livestock, companion and aquatic animals: Qualitative exposure assessment - Supplementary tables on susceptibility of animals to SARS-CoV-2 based on predicted ACE2 affinity to bind SARS-CoV-2 receptor binding domain

Auteurs : El Masry I. *et al.* - *Source* : FAO - *Date de publication* : 1er juillet 2020

Plus de 500 espèces animales y sont citées.

Emergence of SARS-CoV-2 through recombination and strong purifying selection

Auteurs : Li X. *et al.* - *Source* : Science Advances - *Date de publication* : 1^{er} juillet 2020

L'article avance des hypothèses quant aux recombinaisons qui ont pu se produire dans les gènes codant le domaine d'attachement au récepteur cellulaire de la protéine de spicule de coronavirus de chauves-souris et de pangolins, pour aboutir à l'infection de l'Homme par le SARS-CoV-2.

Vet-LIRN SARS-CoV-2 Supplemental Necropsy Sample Inventory Checklist

Auteur : U.S. Food and Drug Administration - *Source* : U.S. Food and Drug Administration - *Date de publication* : 24 juin 2020

Cette page donne accès à une liste de contrôle standardisée sur les prélèvements et données à collecter lors de l'autopsie d'un animal atteint ou suspect d'être atteint par le SARS-CoV-2.

SARS-CoV-2 - Case Definition

Auteur : U.S. Department of Agriculture - Animal and Plant Health Inspection Service - *Source* : U.S. Department of Agriculture - Animal and Plant Health Inspection Service - *Date de publication* : 18 juin 2020

En cas de suspicion de foyer de SARS-CoV-2 chez les animaux, le document fixe les critères à utiliser pour déclarer un cas suspect, un cas probablement positif et un cas confirmé.

The biggest mystery: what it will take to trace the coronavirus source

Auteur : Cyranoski D. - Source : Nature - Date de publication : 5 juin 2020

Animal models of mechanisms of SARS-CoV-2 infection and COVID-19 pathology

Auteurs : Cleary S. J. et al. - Source : British Journal of Pharmacology - Date de publication : 27 mai 2020

Les auteurs passent en revue les modèles animaux pouvant servir aux recherches sur l'infection par le SARS-CoV-2 et les mécanismes pathogènes en jeu dans la COVID-19. Ils proposent différents moyens de rendre ces modèles plus performants pour conduire les études de pathogénicité et d'évaluation de possibles traitements.

COVID-19 from veterinary medicine and one health perspectives: What animal coronaviruses have taught us

Auteurs : Decaro N. et al. - Source : Research in Veterinary Science - Date de publication : 7 avril 2020

The proximal origin of SARS-CoV-2

Auteurs : Andersen K. G. et al. - Source : Nature Medicine - Date de publication : 17 mars 2020

Hypothèses sur l'origine zoonotique du SARS-CoV-2, les auteurs argumentant pour écarter celle d'une échappée du virus d'un laboratoire.

Épidémie de Wuhan : un virus proche à 96 % du coronavirus présent chez la chauve-souris

Auteur : Brugère-Picoux J. - Source : Association française pour l'avancement des sciences - Date de publication : 31 janvier 2020

