

Le directeur général

Maisons-Alfort, le 9 mars 2020

## **AVIS** **de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation,** **de l'environnement et du travail**

**relatif à une demande urgente sur certains risques liés au COVID-19**

---

*L'Anses met en œuvre une expertise scientifique indépendante et pluraliste.*

*L'Anses contribue principalement à assurer la sécurité sanitaire dans les domaines de l'environnement, du travail et de l'alimentation et à évaluer les risques sanitaires qu'ils peuvent comporter.*

*Elle contribue également à assurer d'une part la protection de la santé et du bien-être des animaux et de la santé des végétaux et d'autre part l'évaluation des propriétés nutritionnelles des aliments.*

*Elle fournit aux autorités compétentes toutes les informations sur ces risques ainsi que l'expertise et l'appui scientifique technique nécessaires à l'élaboration des dispositions législatives et réglementaires et à la mise en œuvre des mesures de gestion du risque (article L.1313-1 du code de la santé publique).*

*Ses avis sont rendus publics.*

---

L'Anses a été saisie en urgence le 02 mars 2020 par la Direction générale de l'alimentation (DGAL) sur une demande relative à certains risques liés au COVID-19.

### **1. CONTEXTE ET OBJET DE LA SAISINE**

Le 31 décembre 2019, l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) a été informée par les autorités chinoises d'un épisode de cas groupés de pneumonies dont les cas initialement confirmés avaient un lien avec un marché de fruits de mers et d'animaux vivants dans la ville de Wuhan (région du Hubei), en Chine.

Le 9 janvier 2020, un nouveau virus émergent a été identifié par l'OMS comme étant responsable de ces cas groupés de pneumopathies en Chine. Il s'agit d'un coronavirus, temporairement désigné par l'OMS virus 2019-nCoV (New Coronavirus), puis le 11 février 2020 officiellement désigné par l'OMS SARS-CoV-2, responsable de la maladie COVID-19 (Coronavirus disease).

Le 30 janvier 2020, au regard de l'ampleur de l'épidémie, l'OMS a déclaré que celle-ci constituait une Urgence de Santé Publique de Portée Internationale (USPPI). En effet, l'importation de cas de COVID-19 depuis la Chine dans d'autres pays a été observée dès le début de l'épidémie à Wuhan, et s'est intensifiée depuis mi-février (source : Haut Conseil de Santé Publique, HCSP).

Au 04 mars 2020, 77 pays ont rapporté 93 076 cas confirmés, parmi lesquels 3 202 sont décédés (3,4 %). En France, à la même date, 285 cas ont été confirmés dont quatre décès (source :

www.santepubliquefrance.fr). La voie principale de transmission des SARS-CoV-2 est interhumaine, par contact direct ou indirect ou par voie aérienne à travers l'inhalation de micro-gouttelettes infectieuses émises lors d'éternuements ou de toux par le patient (Bernard Stoecklin *et al.* 2020 ; Guan *et al.* 2020).

Au moment où la France est en phase 2 de la gestion épidémique, il est demandé à l'Anses de se prononcer sur :

- Le rôle potentiel des animaux domestiques (animaux de rente et de compagnie) dans la propagation du virus SARS-CoV-2 ;
- Le rôle potentiel des aliments dans la transmission du virus.

## 2. ORGANISATION DE L'EXPERTISE

L'Anses a confié au Groupe d'expertise collectif d'urgence (GECU) « Covid-19 » l'instruction de cette saisine. Ses travaux d'expertise sont ainsi issus d'un collectif d'experts aux compétences complémentaires. L'expertise a été réalisée dans le respect de la norme NF X 50-110 « Qualité en expertise - Prescriptions générales de compétence pour une expertise (Mai 2003) ».

Le GECU « Covid-19 » s'est réuni en urgence le 04 mars 2020 et a adopté ses conclusions en séance. Sur la base de ces conclusions, un projet d'analyse et de conclusions du GECU a été rédigé par la coordination scientifique, qui a été relu par le GECU par voie télématique le 06 mars 2020 et transmis à la Direction Générale de l'Anses.

L'Anses analyse les liens d'intérêts déclarés par les experts avant leur nomination et tout au long des travaux, afin d'éviter les risques de conflits d'intérêts au regard des points traités dans le cadre de l'expertise.

Les déclarations d'intérêts des experts sont publiées sur le site internet de l'Anses ([www.anses.fr](http://www.anses.fr)).

## 3. ANALYSE ET CONCLUSIONS DU GECU

### 1. Rôle potentiel des animaux domestiques dans la transmission du virus SARS-CoV-2

#### 1.1 Parenté génétique entre le SARS-CoV-2 et d'autres virus du genre *Betacoronavirus*

Les coronavirus (CoVs) sont des virus de la famille des *Coronaviridae* qui appartiennent à l'ordre des *Nidovirales*. Ce sont des virus enveloppés pléomorphes dont la taille peut aller de 60 à 220 nm. Le génome est constitué d'une molécule d'ARN simple brin positif (directement traduit) associé à la protéine de nucléocapside. Le nom de coronavirus vient de leur aspect en microscopie électronique : les protéines structurales de l'enveloppe forment une couronne (« *corona* » en latin) autour de la particule virale.

Les coronavirus sont organisés en quatre genres: alpha ( $\alpha$ CoV), beta ( $\beta$ CoV) gamma ( $\gamma$ CoV) et delta ( $\delta$ CoV), récemment découvert (de Groot *et al.* 2012). Ils sont responsables d'infections chez de nombreuses espèces aviaires ( $\gamma$ CoV,  $\delta$ CoV) et mammifères ( $\alpha$ CoV,  $\beta$ CoV,  $\gamma$ CoV), dont l'être humain. Les maladies qu'ils provoquent sont variées mais touchent principalement les systèmes respiratoires et digestifs.

Les coronavirus humains connus à ce jour appartiennent aux genres *Alphacoronavirus* (HCoV-229E et HCoV-NL63) et *Betacoronavirus* (HKU1, HCoV-OC43, SARS-CoV, MERS-CoV et SARS-CoV-2).

En outre, les *Betacoronavirus* font partie d'un genre viral très représenté dans la population animale. Un recensement non exhaustif des espèces animales connues à ce jour comme pouvant être infectées par ces virus, est présenté dans le Tableau 1. Le genre *Betacoronavirus*, auquel appartient le SARS-CoV-2 est lui-même subdivisé en cinq sous-genres, d'après l'ICTV (International Committee on Taxonomy of Viruses) : *Embecovirus*, *Hibecovirus*, *Merbecovirus*, *Nobecovirus*, *Sarbecovirus*.

Tableau 1 : Recensement non exhaustif des *Betacoronavirus* identifiés à ce jour et de leurs espèces hôtes

Sous-genre	Espèces virales	Espèces hôtes	Références
<b>Embecovirus</b>	Coronavirus bovin et apparentés (BCoV, bovine like- CoV)	<i>Bovidae</i> ,  <i>Bos frontalis</i> , <i>Kobus ellipsiprymnus</i> et <i>Hippotragus niger</i> ,  <i>Odocoileus virginianus</i> , <i>Cervus unicolor</i> et autres <i>cervidae</i>	Alekseev <i>et al.</i> (2008) Rajkhowa <i>et al.</i> (2007)
	Gi CoV OH3	<i>Giraffa camelopardalis</i>	Hasoksuz <i>et al.</i> (2007)
	ECoV	<i>Equus caballus</i>	Davis <i>et al.</i> (2000)
	PHEV	<i>Sus scrofa domesticus</i>	Greig <i>et al.</i> (1962)
	CrCoV	<i>Canis lupus familiaris</i>	Erles <i>et al.</i> (2003)
	RbCoV HKU14	<i>Oryctolagus cuniculus</i>	Lau <i>et al.</i> (2012)
	ACoV	<i>Vicugna pacos</i>	Jin <i>et al.</i> (2007)
	HCoV-OC43	<i>Homo sapiens</i>	Hamre <i>et al.</i> (1966)
	HCoV-HKU1	<i>Homo sapiens</i>	Woo <i>et al.</i> (2005)
	Murine coronavirus MHV	<i>Mus musculus</i>	Coley <i>et al.</i> (2005)
RCV/SDAV coronavirus du rat et virus de la sialodacryoadénite	<i>Rattus rattus</i>	Easterbrook <i>et al.</i> (2008) Miura <i>et al.</i> (2007)	
<b>Sarbecovirus</b>	Severe acute respiratory syndrome Coronavirus SARS-CoV	<i>Homo sapiens</i>	Poutanen <i>et al.</i> (2003)
	civet-SARS-related-coronavirus	<i>Nyctereutes procyonoides</i> , <i>Paguma larvata</i>	Woo <i>et al.</i> (2005)
	<b>Severe acute respiratory syndrome Coronavirus SARS-CoV-2</b>	<i>Homo sapiens</i>	Zhou <i>et al.</i> (2020)
	Bat-SARS-related-CoVZC45	<i>Rhinolophus pusillus</i>	Hu <i>et al.</i> (2018)
	Bat-SARS-related-CoVZXC21	<i>Rhinolophus pusillus</i>	Hu <i>et al.</i> (2018)
<b>Merbecovirus</b>	HKU5 Pi-BatCoV HKU5	<i>Pipistrellus sp.</i>	Woo <i>et al.</i> (2006)
	Dromedary-MERS-CoV	<i>Camelus dromedarius</i>	Ferguson <i>et al.</i> (2014)
	Hedgehog-CoV	<i>Erinaceus europaeus</i>	Corman <i>et al.</i> (2014)
	MERS-CoV	<i>Homo sapiens</i>	Zaki <i>et al.</i> (2012) van Boheemen <i>et al.</i> (2012)
<b>Hibecovirus</b>	Bat Hp-BetaCoV	<i>Hipposideros pratti</i>	Wu <i>et al.</i> (2016)
<b>Nobecovirus</b>	Ro-BaCoV HKU9	<i>Rousettus leschenaulti</i>	Woo <i>et al.</i> (2007)

Le SARS-CoV et le SARS-CoV-2 sont classés dans le même sous-genre *Sarbecovirus* et ils appartiennent à deux clades apparentés (groupes frères), qui regroupent plusieurs dizaines de coronavirus de chauve-souris du genre *Rhinolophus* (e.g. Bat-SARS-related-CoVZC45 et Bat-SARS-related-CoVZXC21, Tableau 1). Le Tableau 1 montre aussi que le SARS-CoV-2 appartient à un groupe différent des *Betacoronavirus* retrouvés chez les animaux domestiques.

**Au vu de ces éléments, et des analyses phylogénétiques, les experts soulignent qu'aucun virus appartenant au sous-groupe du SARS-CoV-2 (*Sarbecovirus*) n'a été détecté chez les animaux domestiques (animaux de rente et de compagnie) et qu'il n'existe pas de lien génétique direct entre le SARS-CoV-2 et les souches de *Betacoronavirus* isolées chez les animaux domestiques.**

## 1.2 Franchissement de la barrière d'espèce

### 1.2.1 Origine du SARS-CoV-2

Le génome du SARS-CoV-2 présente une identité de 96,3 % (Paraskevis *et al.* 2020) avec celui du virus RaTG13/2013 (souches marquées en rouge, Figure 1) détecté chez une chauve-souris du genre *Rhinolophus* en Chine (Zhou *et al.* 2020). L'évolution des *Sarbecovirus* a conduit à la diversification de coronavirus décrits aujourd'hui comme « SARS-like » et dont l'origine remonte probablement aux années 1990. Plusieurs recombinaison homologues entre un *Betacoronavirus* de ce groupe « SARS-like » et d'autres *Betacoronavirus Sarbecovirus* (détectés chez les rhinolophes et le pangolin) semblent avoir contribué au génome actuel du SARS-CoV-2 .

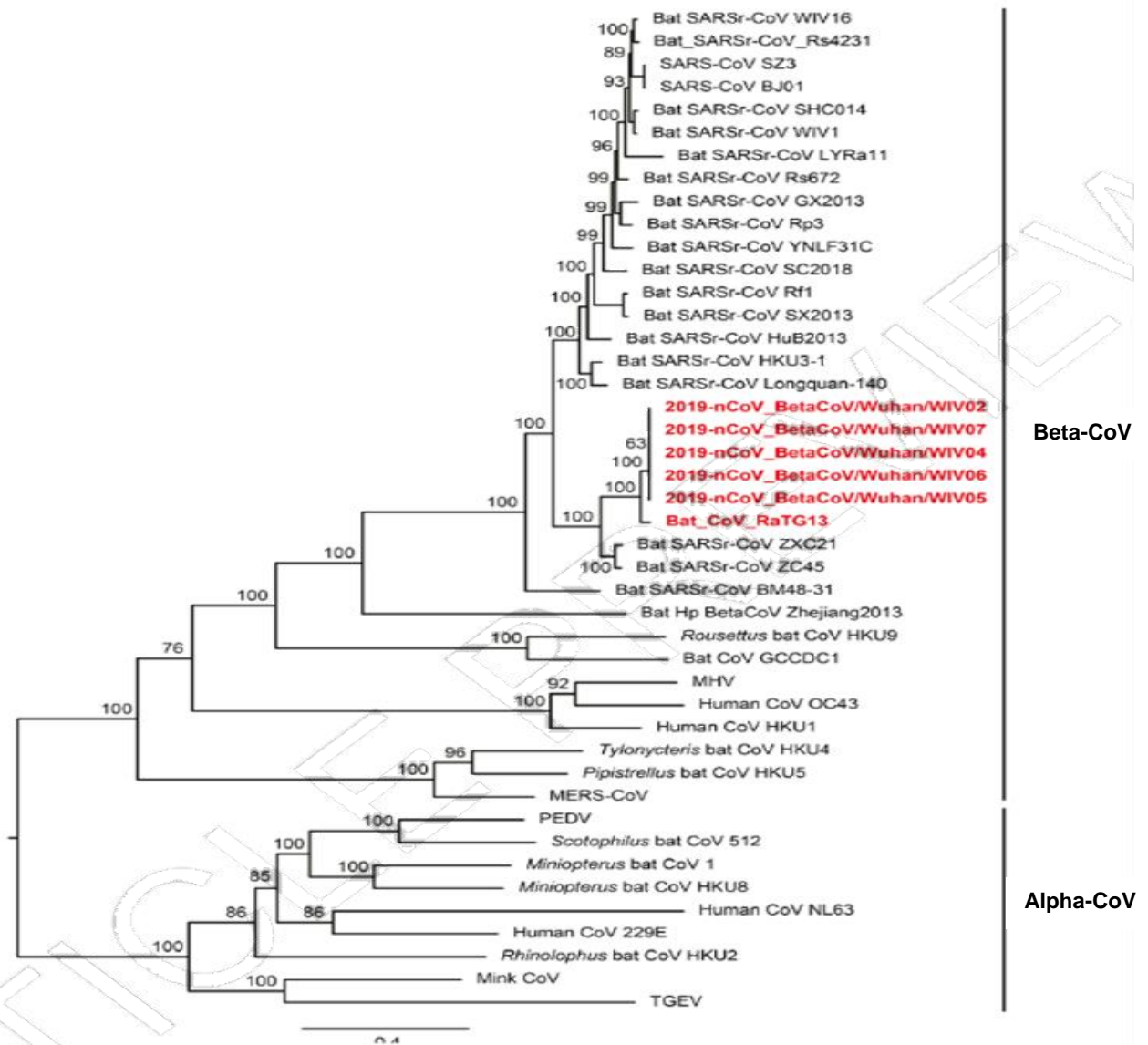


Figure 1 : Arbre phylogénétique basé sur les génomes complets des *Alphacoronavirus* et *Betacoronavirus* incluant le nouveau SARS-CoV-2 (2019-nCoV en rouge) (Zhou *et al.* 2020).

Le facteur temporel est important à prendre en compte dans le processus d'évolution des coronavirus. Les trois derniers événements évolutifs ayant conduit à l'apparition des souches du SARS-CoV en 2002-2003, du MERS-CoV en 2012 et du SARS-CoV-2 en 2019 en sont témoins (intervalle temporel d'environ deux décennies). Le franchissement de la barrière d'espèce n'est pas un phénomène fréquent et peut nécessiter la sélection de plusieurs événements pour l'adaptation à une nouvelle espèce hôte.

Les experts soulignent que la biologie des coronavirus montre un haut potentiel évolutif : ainsi, il n'est pas exclu que le SARS-CoV-2 puisse, au cours du temps et de son évolution, acquérir de nouvelles mutations et faire l'objet de recombinaisons génétiques. La question est de savoir si ces phénomènes sont susceptibles, à court terme, de permettre un passage du virus de l'Homme à d'autres espèces animales. Les experts soulignent qu'au vu de la situation épidémiologique actuelle, le SARS-CoV-2 est adapté à l'Homme avec une transmission interhumaine efficace ( $R_0 > 1$ ).

Le SARS-CoV-2 semble être d'origine d'animale et provient probablement d'une espèce de chauve-souris avec ou sans intervention d'un hôte intermédiaire. Cependant, dans le contexte actuel et au vu des éléments cités, le GECU estime que le passage du SARS-CoV-2 de l'être humain vers une autre espèce animale (entre autres domestique) semble actuellement peu probable.

### 1.2.2 Espèces animales réputées sensibles et / ou réceptives au SARS-CoV-2

À l'exception de travaux d'infection menés chez des souris transgéniques (Bao *et al.* 2020) exprimant la forme humaine du récepteur ACE2 (*Angiotensin-Converting Enzyme 2* = récepteur des SARS-CoV et SARS-CoV-2), très peu d'études décrivent l'infection expérimentale d'animaux par le SARS-CoV-2. Des essais sont en cours notamment en Allemagne<sup>1</sup> et aux Pays-Bas afin d'étudier la sensibilité de certaines espèces d'animaux d'élevage comme les porcs, les poulets et les bovins au SARS-CoV-2.

### 1.2.3 Récepteur ACE2

L'ACE2, récepteur du SARS-CoV-2, est nécessaire pour l'entrée du virus dans les cellules. Il s'exprime dans différents types cellulaires, telles que les cellules de l'œsophage supérieur, du poumon, du rein et des testicules et les cellules épithéliales de l'intestin (entérocytes de l'intestin grêle, Gao *et al.* 2020). Ce récepteur semble être bien conservé chez d'autres espèces animales (mammifères, oiseaux, reptiles et amphibiens).

Différentes études ont été menées, avec différentes méthodologies pour évaluer la capacité de récepteurs ACE2 d'espèces animales à se lier avec la protéine Spike (S, protéine majeure d'entrée des coronavirus) et à permettre l'entrée du SARS-CoV-2. Les résultats sont synthétisés dans le tableau 2.

**Tableau 2 : Synthèse de différentes études portant sur la capacité du SARS-CoV-2 à interagir avec des récepteurs (ACE2) de différents animaux**

Animaux	Méthodologie	Observation	Référence
Rhinolophe	Cellules HeLa exprimant homologue ACE2 puis infection	Infection cellulaire	Zhou <i>et al.</i> (2020)
	Pseudo-particules S SARS-CoV-2 sur cellules RhiLu/1.1 (poumon)	Entrée des pseudo-particules	Hoffmann <i>et al.</i> (2020)
	Prédiction informatique reconnaissance ACE2 et S du SARS-CoV-2	Reconnaissance probable	Wan <i>et al.</i> (2020)
Murin de Daubenton	Pseudo-particules exprimant S SARS-CoV-2 sur cellules MyDauLu/47.1 (poumon)	Pas d'entrée des pseudo-particules	Hoffmann <i>et al.</i> (2020)
Civette	Cellules HeLa exprimant homologue ACE2 puis infection	Infection cellulaire	Zhou <i>et al.</i> (2020)
	Prédiction informatique reconnaissance ACE2 et S du SARS-CoV-2	Reconnaissance probable	Wan <i>et al.</i> (2020)
Singe (espèces non précisées)	Pseudo-particules S SARS-CoV-2 sur cellules Véro (rein)	Entrée des pseudo-particules	Hoffmann <i>et al.</i> (2020)
	Prédiction informatique reconnaissance ACE2 et S du SARS-CoV-2	Reconnaissance probable	Wan <i>et al.</i> (2020)

<sup>1</sup> Dans sa note publique du 5 mars, le FLI mentionne que les résultats ne seront pas disponibles sur ce point avant fin avril.

Orang-Outan	Prédiction informatique reconnaissance homologue ACE2 et S du SARS-CoV-2	Reconnaissance probable	Wan <i>et al.</i> (2020)
Porc	Cellules HeLa exprimant homologue ACE2 puis infection	Infection cellulaire	Zhou <i>et al.</i> (2020)
	Pseudo-particules exprimant S SARS-CoV-2 sur cellules LLC-PK1 (rein)	Pas d'entrée des pseudo-particules	Hoffmann <i>et al.</i> (2020)
	Prédiction informatique reconnaissance homologue ACE2 et S du SARS-CoV-2	Reconnaissance probable	Wan <i>et al.</i> 2020
Souris	Cellules HeLa exprimant ACE2 puis infection	Pas d'infection cellulaire	Zhou <i>et al.</i> (2020)
	Pseudo-particules exprimant S SARS-CoV-2 sur cellules NIH/3T3 (embryonnaire)	Pas d'entrée des pseudo-particules	Hoffmann <i>et al.</i> (2020)
	Prédiction informatique reconnaissance homologue ACE2 et S du SARS-CoV-2	Reconnaissance peu probable	Wan <i>et al.</i> (2020)
Rat	Prédiction informatique reconnaissance homologue ACE2 et S du SARS-CoV2	Reconnaissance peu probable	Wan <i>et al.</i> (2020)
Hamster	Pseudo-particules S SARS-CoV-2 sur cellules BHK (rein)	Pas d'entrée des pseudo-particules	Hoffmann <i>et al.</i> (2020)
Bovin	Pseudo-particules S SARS-CoV-2 sur cellules MDBK (rein)	Pas d'entrée des pseudo-particules	Hoffmann <i>et al.</i> (2020)
Chien	Pseudo-particules S SARS-CoV-2 sur cellules MDCK II (rein)	Entrée des pseudo-particules	Hoffmann <i>et al.</i> (2020)
Chat	Prédiction informatique reconnaissance homologue ACE2 et S du SARS-CoV-2	Reconnaissance probable	Wan <i>et al.</i> (2020)
Furet	Prédiction informatique reconnaissance homologue ACE2 et S du SARS-CoV-2	Reconnaissance probable	Wan <i>et al.</i> (2020)

**Les experts considèrent que des études complémentaires sur les interactions entre le SARS-CoV-2 et les homologues d'ACE2 de différentes espèces animales, ainsi que des études sur la distribution tissulaire d'ACE2, sont nécessaires pour l'avancée des connaissances sur la transmission possible de l'infection à d'autres espèces. Toutefois, le passage d'un virus à une autre espèce ne repose pas uniquement sur la présence du récepteur, mais aussi sur la présence d'autres facteurs cellulaires nécessaires à la réplication virale (cf. annexe 3). Des études complémentaires doivent également être menées afin d'identifier ces facteurs.**

### 1.3 Cas du chien testé positif au SARS-CoV-2 à Hong Kong

En date du 29 Février 2020, l'OIE reçoit un signalement officiel de Hong-Kong concernant un chien placé sous quarantaine à la suite de l'hospitalisation de son propriétaire pour une infection par le SARS-CoV-2. L'animal n'a présenté aucun signe clinique spécifique. Trois écouvillons nasaux, oraux et rectaux ainsi que des prélèvements de fèces<sup>2</sup> ont été réalisés après l'admission du chien dans le centre de quarantaine. Le 26 Février, les échantillons nasaux et oraux se sont révélés positifs au SARS-CoV-2 par un test RT-PCR. Le 28 Février, deux autres prélèvements nasaux et oraux ont été réalisés et se sont révélés « faiblement positifs » par RT-PCR. Le 02 Mars, d'après le site du département d'agriculture de Hong-Kong<sup>3</sup> de nouveaux prélèvements oraux et nasaux ont été réalisés. Le prélèvement nasal s'est

<sup>2</sup> Prélèvements menés par deux laboratoires, un régional et un national

<sup>3</sup> D'après [https://www.afcd.gov.hk/english/publications/publications\\_press/pr2342.html](https://www.afcd.gov.hk/english/publications/publications_press/pr2342.html), consulté le 06/03/2020

révélé « faiblement positif ». Ce test ne met en évidence que l'ARN du virus et non pas la présence d'un virus vivant. Ainsi, aucune preuve du caractère infectieux des prélèvements n'a été apportée à ce jour. Les investigations se poursuivent pour déterminer s'il s'agit d'une infection de l'animal ou d'une simple contamination d'origine externe des cavités nasales. De nouveaux échantillons seront prélevés dans les semaines qui suivent.

**Selon les experts, la présence d'ARN détecté par RT-PCR au niveau des cavités nasales et orales n'est pas une preuve suffisante pour conclure à une infection de l'animal. Une contamination passive n'est pas à exclure. Au vu de ces éléments, le GECU souligne la nécessité d'investiguer de façon plus approfondie ce cas en réalisant des analyses supplémentaires, et que soit poursuivie la communication des résultats à l'OIE au fur et à mesure de leur réalisation.**

## 2. Rôle potentiel des aliments dans la transmission du virus SARS-CoV-2

Concernant le rôle potentiel des aliments dans la transmission de la maladie COVID-19, les experts du GECU estiment que les deux modes de contamination théoriques des aliments par le virus SARS-CoV-2 sont associés à 1) des animaux de rente infectés et au transfert du virus dans les denrées alimentaires d'origine animale et 2) la manipulation des denrées alimentaires par des personnes infectées par ce virus.

Au vu des éléments présentés précédemment sur le rôle potentiel des animaux de rente dans la transmission zoonotique du virus, la consommation de denrées alimentaires d'origine animale (DAOA) contaminées par des animaux infectés a été exclue. Ainsi, seule la seconde source de contamination des aliments *via* un humain infecté par le virus SARS-CoV-2 a été investiguée.

### 2.1 Aliment contaminé par un humain infecté

De façon générale, les mesures générales d'hygiène doivent être appliquées lors de la préparation des aliments (consommateur ou opérateurs de l'agroalimentaire) : lavage régulier des mains, nettoyage et entretien régulier des surfaces, des matériels et des ustensiles, séparation des aliments crus et cuits. Par ailleurs, toute personne malade doit connaître l'importance de ne pas manipuler des aliments si elle présente des symptômes de gastro-entérite (diarrhée, fièvre, vomissements, maux de tête). Dans le contexte actuel, s'ajoute la situation d'un syndrome grippal.

### 2.2 Contamination de l'aliment par voie féco-orale

Outre des cas confirmés ou possibles<sup>4</sup>, il existe des formes bénignes ou asymptomatiques de la maladie, difficiles à détecter (Bernard Stoecklin *et al.* 2020). Les personnes présentant des formes légères sont susceptibles de contaminer les aliments, théoriquement par voie féco-orale, voie de transmission majeure des virus transmis par les aliments tels que les norovirus. La présence d'ARN viraux du SARS-CoV-2 dans les selles de patients a été observée (Guan *et al.* 2020). Toutefois, à ce jour, si deux études ont permis de cultiver le virus SARS-CoV-2 à partir d'échantillons de selles, aucun cas de transmission féco-orale de la maladie COVID-19 n'a encore été signalé (Zhang *et al.* 2020, Ong *et al.* 2020). Afin de démontrer une possible transmission féco-orale, des informations supplémentaires, telles que l'infectiosité des virus détectés dans les selles et leur quantification, seraient nécessaires. Par ailleurs,

---

<sup>4</sup> Santé publique France élabore une définition des « cas confirmé » et « cas possible », consultable en ligne, et reposant sur des critères cliniques, et évolutive au fur et à mesure que les connaissances sur le virus et sur l'épidémie progressent (Santé publique France 2020) .



un bon respect des règles générales d'hygiène quotidienne, telles que le lavage régulier des mains et systématique après passage aux toilettes, permet de prévenir la voie d'exposition féco-orale.

### **2.3 Contamination de l'aliment par transfert de gouttelettes**

Le passage du virus d'une personne infectée vers les aliments peut se produire plus vraisemblablement par un éternuement, une toux ou un contact direct avec des mains souillées, en déposant des gouttelettes sur l'aliment ou sur une surface de contact ou des ustensiles (planche à découper, assiette, etc.). Le lavage des mains avec du savon avant et pendant la préparation des repas est une mesure essentielle. Ce lavage doit avoir lieu après tout geste contaminant (après avoir toussé, après s'être mouché, etc.).

Sur des surfaces inertes, sans mesure de nettoyage, les virus de la famille des *Coronaviridae* peuvent persister jusqu'à 9 jours (Kampf *et al.* 2020), en particulier quand la température est basse et l'humidité relative de l'air est faible (Casanova *et al.* 2010).

Cependant, compte-tenu 1) de la faible capacité de survie des coronavirus aux opérations de nettoyage et de désinfection, 2) de l'absence de données indiquant que le SARS-CoV-2 se comporte différemment des autres coronavirus (Kampf *et al.* 2020) et 3) de l'application de bonnes pratiques d'hygiène et des procédures de nettoyage et de désinfection dans le contexte des industries agroalimentaires et à domicile, à condition qu'elle soit correcte et quotidienne (Anses 2013), la contamination des aliments par les surfaces est en principe maîtrisée.

Le GECU a ensuite examiné le scénario théorique suivant : une personne asymptomatique, ayant pu contaminer un aliment de manière directe ou indirecte, *via* le dépôt de gouttelettes infectieuses à une ou plusieurs étapes de la chaîne alimentaire pour les produits animaux et végétaux (traitement, préparation, consommation).

Dans ce scénario, les experts distinguent deux cas de figures, en fonction de l'aliment considéré :

- 1) Les aliments destinés à être consommés cuits ;
- 2) Les denrées animales ou végétales, aliments préparés, crus ou insuffisamment cuits, consommés en l'état ou utilisés comme ingrédients dans un produit élaboré non destiné à être consommé cuit.

### **Concernant les aliments cuits**

À ce jour il n'existe pas de données d'inactivation thermique du virus SARS-CoV-2. Il existe cependant des données relatives aux autres virus zoonotiques ou impliqués dans les maladies animales pour la famille *Coronaviridae*. Le tableau en Annexe 4, liste les différentes études recensées. Pour chacune de ces études, la valeur de destruction thermique ( $D^5$ ) a été calculée pour chaque température.

La figure 3a) ci-dessous présente les valeurs obtenues. Un modèle secondaire de destruction thermique a ensuite été appliqué afin de calculer l'impact de la température sur les valeurs de  $D$ . Ce modèle permet de prédire l'inactivation des virus de cette famille pour différentes températures (figure 3b). D'après cette analyse, quatre réductions décimales ( $4 \log_{10}$ ) du titre viral peuvent être atteintes, par exemple, en 4 minutes à 63°C (*i.e.* température utilisée en liaison chaude de restauration des aliments).

---

<sup>5</sup>  $D$  est le temps nécessaire pour diviser par 10 la population du virus initialement présente

En conclusion, la cuisson (4 minutes à 63°C) pourrait être considérée comme efficace pour inactiver les coronavirus dans les aliments.

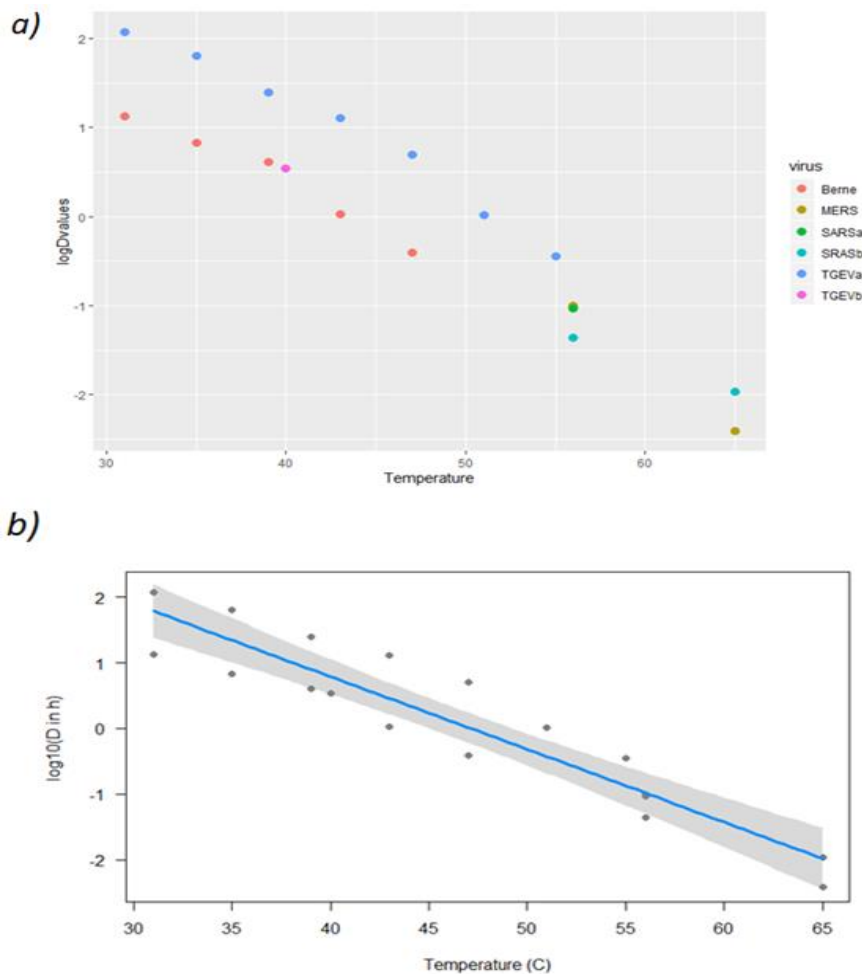


Figure 3 : (a) Valeurs de destruction décimale ( $D^6$ ) observées à différentes températures (°C) pour les virus du genre *Coronavirus* (les études associées sont détaillées dans le tableau en Annexe 4). (b) Modèle linéaire ajusté sur  $\log_{10}(D)$  en fonction de la température.

### Concernant les aliments préparés, crus ou insuffisamment cuits

Le scénario suivant a été investigué par le GECU : cas d'un aliment destiné à être consommé en l'état (sans cuisson) qui peut être contaminé par un opérateur<sup>7</sup> ou consommateur asymptomatique qui ne respecte pas les bonnes pratiques d'hygiène. Il est à noter que les données actuelles montrent que les coronavirus semblent stables à des températures basses et négatives, la réfrigération et la congélation ne constituent donc pas un traitement d'inactivation pour ce microorganisme.

<sup>6</sup> D est le temps nécessaire pour diviser par 10 la population du virus initialement présente

<sup>7</sup> Voir la fiche outil de l'Anses d'aide à la rédaction d'un guide de bonnes pratiques d'hygiène (GBPH) « L'opérateur comme source ou vecteur de la contamination des aliments » <https://www.anses.fr/fr/system/files/GBPH2017SA0153.pdf>

### 2.3.1 Voie d'exposition par le système digestif

Du fait que certains patients atteints de COVID-19 et souffrant d'infections respiratoires présentent parfois des symptômes gastro-intestinaux, l'hypothèse d'une voie de transmission du SARS-CoV-2 par voie digestive est envisagée par plusieurs auteurs (Guan *et al.* 2020 ; Gao *et al.*, 2020 ; Danchin *et al.* 2020) sans, pour le moment, être confirmée ou infirmée.

L'ACE2, récepteur du SARS-CoV-2, est nécessaire pour l'entrée du virus dans les cellules. L'expression de l'ACE2 dans différents types cellulaires, telles que les cellules de l'œsophage supérieur, du poumon, les cellules épithéliales de l'intestin (entérocytes de l'intestin grêle), peut contribuer à l'infection multi-tissulaire par le virus (Li *et al.* 2020, Gao, Chen et Fang 2020).

Le SARS-CoV-2 paraît être un coronavirus à tropisme respiratoire primaire dont l'atteinte du système digestif pourrait être essentiellement secondaire à sa diffusion par virémie. L'infection directe du tractus digestif existe pour certains coronavirus, mais ceux-ci se caractérisent par des protéines S ayant la capacité de se lier à des acides sialiques qui les protègent des sucs gastriques (Wentworth et Holmes 2007). Cette propriété n'a pas été étudiée pour le SARS-CoV-2 à la connaissance des experts.

Ainsi, dans l'état actuel des données, les experts du GECU estiment que les symptômes gastro-intestinaux existants chez des patients seraient liés en premier lieu à une diffusion systémique du virus entraînant une atteinte du système digestif, plutôt qu'à une entrée directe par voie digestive.

**Au vu de ces éléments, la voie de transmission du SARS-CoV-2 par voie digestive directe a été écartée par les experts du GECU, dans l'état des connaissances à ce jour.**

### 2.3.2 Voie d'exposition par la voie respiratoire

Un risque d'infection des voies respiratoires après ingestion d'un aliment contaminé n'a pas été observé avec des coronavirus, et paraît donc peu probable. Cependant, au vu des observations avec d'autres virus comme le virus Nipah ou l'*Influenza* aviaire, ce risque ne peut pas être totalement exclu (World Health Organization 2008, Food Safety and Inspection Service, Food and Drug Administration et Animal and Plant Health Inspection Service 2010). Dans ces cas, la voie d'entrée du virus reste la voie respiratoire lors de la mastication.

## 3. Conclusions du GECU

Le SARS-CoV-2 appartient au genre des *Betacoronavirus*. Quatre autres *Betacoronavirus* humains sont connus à ce jour, deux provoquant essentiellement des infections respiratoires bénignes (HCoV-OC43 et HKU1), le SARS-CoV, à l'origine de l'épidémie de 2002-2003 et le MERS-CoV qui a émergé en 2012 et continue de circuler à bas bruit.

Les données scientifiques et phylogénétiques sont en faveur d'un réservoir animal du SARS-CoV-2, la chauve-souris, grâce à la mise en évidence de souches caractérisées comme génétiquement apparentées au SARS-CoV-2. Cependant, ce virus s'avère être éloigné de plusieurs *Betacoronavirus* infectant les animaux domestiques. La situation épidémiologique observée actuellement montre que le SARS-CoV-2 est adapté à l'Homme. Le passage du SARS-CoV-2 vers une autre espèce animale (entre autre domestique) semble actuellement peu probable.

Les experts considèrent que des études complémentaires sur les interactions entre le SARS-CoV-2 et les homologues d'ACE2 de différentes espèces animales, ainsi que des études sur la distribution tissulaire d'ACE2, sont nécessaires pour l'avancée des connaissances sur la transmission possible de l'infection à d'autres espèces. Toutefois, le passage d'un virus à une autre espèce ne repose pas

uniquement sur la présence du récepteur, mais aussi sur la présence d'autres facteurs cellulaires nécessaires à la réplication virale

Enfin, concernant le cas particulier du chien testé positif au SARS-CoV-2 à Hong Kong, les tests réalisés ne mettent en évidence que l'ARN du virus et non pas la présence d'un virus vivant. Ainsi, aucune preuve du caractère infectieux des prélèvements n'a été apportée à ce jour. Une contamination passive de l'animal au niveau des cavités orales et nasales n'est pas à exclure. Des investigations sont en cours et les résultats devront être communiqués à l'OIE dans les meilleurs délais.

À la lumière des éléments scientifiques disponibles (phylogénie du SARS-COV-2, épidémiologie du COVID-19, études *in vitro*, ...), le GECU considère qu'il n'existe aucune preuve que les animaux domestiques jouent un rôle dans la propagation du virus SARS-CoV-2.

Concernant le rôle des aliments dans la transmission du SARS-CoV-2, les experts rappellent que la voie d'entrée principale est la voie respiratoire. En l'état actuel des connaissances, la possible contamination des denrées alimentaires d'origine animale (DAOA) à partir d'un animal infecté a été exclue. L'humain infecté peut contaminer les aliments dans le cas de mauvaises pratiques d'hygiène, par la toux, les éternuements ou les contacts avec des mains souillées.

À ce jour, aucun élément ne laisse penser que la consommation d'aliment contaminé puisse conduire à une infection par voie digestive ; la possibilité d'infection des voies respiratoires lors de la mastication ne peut être cependant totalement exclue. Dans tous les cas, le GECU rappelle que la cuisson (e.g. 4 min à 63°C) pourrait être considérée comme efficace pour inactiver les coronavirus dans les aliments. Les bonnes pratiques d'hygiène, si elles sont appliquées correctement lors de la manipulation et la préparation des denrées alimentaires, préviennent la contamination des aliments par le virus SARS-CoV-2. Le GECU rappelle également que toute personne malade doit connaître l'importance de ne pas manipuler des aliments si elle présente des symptômes de gastro-entérite (diarrhée, fièvre, vomissements, maux de tête) mais aussi, dans le contexte actuel, d'un syndrome grippal.

Les experts soulignent néanmoins l'incertitude « moyenne »<sup>8</sup> attachée à ces conclusions, compte tenu du nombre limité d'études scientifiques sur ce nouveau virus. De nouveaux faits scientifiques, qui viendront compléter les connaissances sur ce virus, pourront modifier cette incertitude.

## **CONCLUSIONS ET RECOMMANDATIONS DE L'AGENCE**

L'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail a été saisie le 2 mars 2020 par la Direction générale de l'alimentation (DGAL) pour évaluer sous 4 jours certains risques liés au virus SARS-CoV-2 (agent de la maladie COVID-19), et plus précisément pour se prononcer sur le rôle potentiel des animaux domestiques (animaux de rente et de compagnie) dans la propagation du virus SARS-CoV-2, ainsi que sur le rôle potentiel des aliments dans la transmission du virus.

L'agence endosse les conclusions du Groupe d'expertise collectif d'urgence (GECU) « Covid-19 ». Elle souligne à cet égard le nombre limité d'études disponibles spécifiquement pour cette nouvelle forme de *Betacoronavirus*. Elle constate que ces conclusions sont par ailleurs cohérentes avec celles portées dans les communications disponibles à ce jour sur ces volets encore peu investigués (communication

<sup>8</sup> D'après l'avis de l'Anses 2013-SA-0049

des organisations mondiales de la santé et de la santé animale et quelques avis d'agences sanitaires comme par exemple le Friedrich Loeffler Institut et le Bfr). Les recommandations qui en découlent s'inscrivent dans la continuité des mesures d'hygiène strictes formulées pour éviter la transmission inter humaine.

L'Anses restera attentive aux études et informations à venir susceptibles de faire évoluer cette évaluation.

Dr. Roger Genet

**MOTS-CLÉS / KEY-WORD**

SARS-CoV-2, COVID-19, chauve-souris, coronavirus, transmission, aliments, animaux domestiques.

SARS-CoV-2, COVID-19, bat, coronavirus, transmission, food, domestic animals.

## BIBLIOGRAPHIE

- Alekseev, K. P., A. N. Vlasova, K. Jung, M. Hasoksuz, X. Zhang, R. Halpin, S. Wang, E. Ghedin, D. Spiro et L. J. Saif. 2008. "Bovine-like coronaviruses isolated from four species of captive wild ruminants are homologous to bovine coronaviruses, based on complete genomic sequences." *Journal of Virology* 82 (24):12422-31. doi: 10.1128/JVI.01586-08.
- Anses. 2013. "Fiche d'hygiène domestique – saisine 2012-SA-0005."
- Anses. 2015. "Avis 2013-SA-0089 relatif à une méthode de hiérarchisation des maladies animales exotiques et présentes en France"
- Bao, Linlin, Wei Deng, Baoying Huang, Hong Gao, Jiangning Liu, Lili Ren, Qiang Wei, Pin Yu, Yanfeng Xu, Feifei Qi, Yajin Qu, Fengdi Li, Qi Lv, Wenling Wang, Jing Xue, Shuran Gong, Mingya Liu, Guanpeng Wang, Shunyi Wang, Zhiqi Song, Linna Zhao, Peipei Liu, Li Zhao, Fei Ye, Huijuan Wang, Weimin Zhou, Na Zhu, Wei Zhen, Haisheng Yu, Xiaojuan Zhang, Li Guo, Lan Chen, Conghui Wang, Ying Wang, Xinming Wang, Yan Xiao, Qiangming Sun, Hongqi Liu, Fanli Zhu, Chunxia Ma, Lingmei Yan, Mengli Yang, Jun Han, Wenbo Xu, Wenjie Tan, Xiaozhong Peng, Qi Jin, Guizhen Wu et Chuan Qin. 2020. "The Pathogenicity of SARS-CoV-2 in hACE2 Transgenic Mice." *BioRxiv*:2020.02.07.939389. doi: 10.1101/2020.02.07.939389.
- Bernard Stoecklin, S., P. Rolland, Y. Silue, A. Mailles, C. Campese, A. Simondon, M. Mechain, L. Meurice, M. Nguyen, C. Bassi, E. Yamani, S. Behillil, S. Ismael, D. Nguyen, D. Malvy, F. X. Lescure, S. Georges, C. Lazarus, A. Tabai, M. Stempfelet, V. Enouf, B. Coignard, D. Levy-Bruhl et Team Investigation. 2020. "First cases of coronavirus disease 2019 (COVID-19) in France: surveillance, investigations and control measures, January 2020." *Euro Surveill* 25 (6). doi: 10.2807/1560-7917.Es.2020.25.6.2000094.
- Casanova, Lisa M, Soyoung Jeon, William A Rutala, David J Weber, and Mark D Sobsey. 2010. "Effects of air temperature and relative humidity on coronavirus survival on surfaces." *Applied and Environmental Microbiology* 76 (9):2712-2717.
- Coley, S. E., E. Lavi, S. G. Sawicki, L. Fu, B. Schelle, N. Karl, S. G. Siddell et V. Thiel. 2005. "Recombinant mouse hepatitis virus strain A59 from cloned, full-length cDNA replicates to high titers in vitro and is fully pathogenic in vivo." *J Virol* 79 (5):3097-106. doi: 10.1128/jvi.79.5.3097-3106.2005
- Corman, V. M., R. Kallies, H. Philipps, G. Gopner, M. A. Muller, I. Eckerle, S. Brunink, C. Drosten et J. F. Drexler. 2014. "Characterization of a novel betacoronavirus related to middle East respiratory syndrome coronavirus in European hedgehogs." *J Virol* 88 (1):717-24. doi: 10.1128/jvi.01600-13.
- Danchin, Antoine, Tuen Wai Patrick Ng et Gabriel Turinici. 2020. "A new transmission route for the propagation of the SARS-CoV-2 coronavirus." *Preprint medRxiv*. doi: 10.1101/2020.02.14.20022939.
- Darnell, Miriam ER, Kanta Subbarao, Stephen M Feinstone, and Deborah R Taylor. 2004. "Inactivation of the coronavirus that induces severe acute respiratory syndrome, SARS-CoV." *Journal of virological methods* 121 (1):85-91.
- Davis, E., B. R. Rush, J. Cox, B. DeBey et S. Kapil. 2000. "Neonatal enterocolitis associated with coronavirus infection in a foal: A case report." *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation* 12 (2):153-156.
- de Groot, Raoul J, SC Baker, R Baric, Luis Enjuanes, AE Gorbalenya, KV Holmes, S Perlman, L Poon, PJM Rottier et PJ Talbot. 2012. "Family coronaviridae." *Virus taxonomy*:806-28.

- Easterbrook, J. D., J. B. Kaplan, G. E. Glass, J. Watson et S. L. Klein. 2008. "A survey of rodent-borne pathogens carried by wild-caught Norway rats: a potential threat to laboratory rodent colonies." *Lab Anim* 42 (1):92-8. doi: 10.1258/la.2007.06015e.
- Erlés, K., C. Toomey, H. W. Brooks et J. Brownlie. 2003. "Detection of a group 2 coronavirus in dogs with canine infectious respiratory disease." *Virology* 310 (2):216-23. doi: 10.1016/s0042-6822(03)00160-0.
- Ferguson, N. M. et M. D. Van Kerkhove. 2014. "Identification of MERS-CoV in dromedary camels." *Lancet Infect Dis* 14 (2):93-4. doi: 10.1016/s1473-3099(13)70691-1.
- Food Safety and Inspection Service, Food and Drug Administration et Animal and Plant Health Inspection Service. 2010. "Interagency Risk Assessment for the Public Health Impact of Highly Pathogenic Avian Influenza Virus in Poultry, Shell Eggs, and Egg Products. ." Available at: [http://www.fsis.usda.gov/wps/wcm/connect/955e7a9a-24f8-4b31-9826-56485c06eab7/HPAI\\_Risk\\_Assess\\_May2010.pdf](http://www.fsis.usda.gov/wps/wcm/connect/955e7a9a-24f8-4b31-9826-56485c06eab7/HPAI_Risk_Assess_May2010.pdf).
- Fung, To S. et Ding X. Liu. 2014. "Coronavirus infection, ER stress, apoptosis and innate immunity." *Frontiers in Microbiology* 5 (296). doi: 10.3389/fmicb.2014.00296.
- Gao, Q. Y., Y. X. Chen et J. Y. Fang. 2020. "2019 novel coronavirus infection and gastrointestinal tract." *Journal of Digestive Diseases*. doi: 10.1111/1751-2980.12851.
- Greig, A. S., D. Mitchell, A. H. Corner, G. L. Bannister, E. B. Meads et R. J. Julian. 1962. "A Hemagglutinating Virus Producing Encephalomyelitis in Baby Pigs." *Can J Comp Med Vet Sci* 26 (3):49-56.
- Guan, W. J., Z. Y. Ni, Y. Hu, W. H. Liang, C. Q. Ou, J. X. He, L. Liu, H. Shan, C. L. Lei, D. S. C. Hui, B. Du, L. J. Li, G. Zeng, K. Y. Yuen, R. C. Chen, C. L. Tang, T. Wang, P. Y. Chen, J. Xiang, S. Y. Li, J. L. Wang, Z. J. Liang, Y. X. Peng, L. Wei, Y. Liu, Y. H. Hu, P. Peng, J. M. Wang, J. Y. Liu, Z. Chen, G. Li, Z. J. Zheng, S. Q. Qiu, J. Luo, C. J. Ye, S. Y. Zhu, N. S. Zhong et Covid China Medical Treatment Expert Group for. 2020. "Clinical Characteristics of Coronavirus Disease 2019 in China." *New England Journal of Medicine*. doi: 10.1056/NEJMoa2002032.
- Hamre, D. et J. Procknow (1966). "A new virus isolated from the human respiratory tract." *Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine* 121(1): 190-193
- Hasoksuz, M., K. Alekseev, A. Vlasova, X. Zhang, D. Spiro, R. Halpin, S. Wang, E. Ghedin et L. J. Saif. 2007. "Biologic, antigenic, and full-length genomic characterization of a bovine-like coronavirus isolated from a giraffe." *Journal of Virology* 81 (10):4981-90. doi: 10.1128/JVI.02361-06.
- Hoffmann, Markus, Hannah Kleine-Weber, Nadine Krüger, Marcel A Mueller, Christian Drosten et Stefan Pöhlmann. 2020. "The novel coronavirus 2019 (2019-nCoV) uses the SARS-coronavirus receptor ACE2 and the cellular protease TMPRSS2 for entry into target cells." *BioRxiv*.
- Horzinek, Marian C et Hans Lutz. 2009. "An update on feline infectious peritonitis." *Veterinary Sciences Tomorrow* 2001.
- Hu, D., C. Zhu, L. Ai, T. He, Y. Wang, F. Ye, L. Yang, C. Ding, X. Zhu, R. Lv, J. Zhu, B. Hassan, Y. Feng, W. Tan et C. Wang. 2018. "Genomic characterization and infectivity of a novel SARS-like coronavirus in Chinese bats." *Emerg Microbes Infect* 7 (1):154. doi: 10.1038/s41426-018-0155-5.
- Jin, L., C. K. Cebra, R. J. Baker, D. E. Mattson, S. A. Cohen, D. E. Alvarado et G. F. Rohrmann. 2007. "Analysis of the genome sequence of an alpaca coronavirus." *Virology* 365 (1):198-203. doi: 10.1016/j.virol.2007.03.035.

- Kampf, G., D. Todt, S. Pfaender et E. Steinmann. 2020. "Persistence of coronaviruses on inanimate surfaces and their inactivation with biocidal agents." *Journal of Hospital Infection*. doi: 10.1016/j.jhin.2020.01.022.
- Lau, S. K., P. C. Woo, C. C. Yip, R. Y. Fan, Y. Huang, M. Wang, R. Guo, C. S. Lam, A. K. Tsang, K. K. Lai, K. H. Chan, X. Y. Che, B. J. Zheng et K. Y. Yuen. 2012. "Isolation and characterization of a novel Betacoronavirus subgroup A coronavirus, rabbit coronavirus HKU14, from domestic rabbits." *J Virol* 86 (10):5481-96. doi: 10.1128/jvi.06927-11.
- Laude, H. 1981. "Thermal inactivation studies of a coronavirus, transmissible gastroenteritis virus." *Journal of General Virology* 56 (2):235-240.
- Leclercq, India, Christophe Batejat, Ana M Burguière, and Jean-Claude Manuguerra. 2014. "Heat inactivation of the Middle East respiratory syndrome coronavirus." *Influenza and other respiratory viruses* 8 (5):585-586.
- Li, J. Y., Z. You, Q. Wang, Z. J. Zhou, Y. Qiu, R. Luo et X. Y. Ge. 2020. "The epidemic of 2019-novel-coronavirus (2019-nCoV) pneumonia and insights for emerging infectious diseases in the future." *Microbes Infect.* doi: 10.1016/j.micinf.2020.02.002.
- Miura, T. A., J. Wang, K. V. Holmes et R. J. Mason. 2007. "Rat coronaviruses infect rat alveolar type I epithelial cells and induce expression of CXC chemokines." *Virology* 369 (2):288-98. doi: 10.1016/j.virol.2007.07.030.
- Ong, Sean Wei Xiang, Yian Kim Tan, Po Ying Chia, Tau Hong Lee, Oon Tek Ng, Michelle Su Yen Wong et Kalisvar Marimuthu. 2020. "Air, Surface Environmental, and Personal Protective Equipment Contamination by Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) From a Symptomatic Patient." *JAMA*. doi: 10.1001/jama.2020.3227.
- Paraskevis, Dimitrios, Evangelia Georgia Kostaki, Gkikas Magiorkinis, Georgios Panayiotakopoulos, G Sourvinos et S Tsiodras. 2020. "Full-genome evolutionary analysis of the novel corona virus (2019-nCoV) rejects the hypothesis of emergence as a result of a recent recombination event." *Infection, Genetics and Evolution* 79:104212.
- Poutanen, Susan M, Donald E Low, Bonnie Henry, Sandy Finkelstein, David Rose, Karen Green, Raymond Tellier, Ryan Draker, Dena Adachi et Melissa Ayers. 2003. "Identification of severe acute respiratory syndrome in Canada." *New England Journal of Medicine* 348 (20):1995-2005.
- Rabenau, HF, J Cinatl, B Morgenstern, G Bauer, W Preiser, and HW Doerr. 2005. "Stability and inactivation of SARS coronavirus." *Medical microbiology and immunology* 194 (1-2):1-6.
- Rajkhowa, S, C Rajkhowa et GC Hazarika. 2007. "Serological evidence of coronavirus infection in mithuns (*Bos frontalis*) from India."
- Santé publique France. 2020. "Définition de cas d'infection au SARS-CoV-2 (COVID-19) - Mise à jour le 03 Mars 2020."
- van Boheemen, S., M. de Graaf, C. Lauber, T. M. Bestebroer, V. S. Raj, A. M. Zaki, A. D. Osterhaus, B. L. Haagmans, A. E. Gorbalenya, E. J. Snijder et R. A. Fouchier. 2012. "Genomic characterization of a newly discovered coronavirus associated with acute respiratory distress syndrome in humans." *mBio* 3 (6). doi: 10.1128/mBio.00473-12.
- Wan, Yushun, Jian Shang, Rachel Graham, Ralph S Baric et Fang Li. 2020. "Receptor recognition by novel coronavirus from Wuhan: An analysis based on decade-long structural studies of SARS." *Journal of Virology*.
- Weiss, M, and MC Horzinek. 1986. "Resistance of Berne virus to physical and chemical treatment." *Veterinary microbiology* 11 (1-2):41-49.



- Wentworth, David E et Kathryn V Holmes. 2007. "Coronavirus binding and entry." *Coronaviruses: molecular and cellular biology*. Caister Academic Press, Norfolk, United Kingdom:3-32.
- Woo, P. C., S. K. Lau, C. M. Chu, K. H. Chan, H. W. Tsoi, Y. Huang, B. H. Wong, R. W. Poon, J. J. Cai, W. K. Luk, L. L. Poon, S. S. Wong, Y. Guan, J. S. Peiris et K. Y. Yuen. 2005. "Characterization and complete genome sequence of a novel coronavirus, coronavirus HKU1, from patients with pneumonia." *J Virol* 79 (2):884-95. doi: 10.1128/jvi.79.2.884-895.2005.
- Woo, P. C., S. K. Lau, K. S. Li, R. W. Poon, B. H. Wong, H. W. Tsoi, B. C. Yip, Y. Huang, K. H. Chan et K. Y. Yuen. 2006. "Molecular diversity of coronaviruses in bats." *Virology* 351 (1):180-7. doi: 10.1016/j.virol.2006.02.041.
- Woo, P. C., M. Wang, S. K. Lau, H. Xu, R. W. Poon, R. Guo, B. H. Wong, K. Gao, H. W. Tsoi, Y. Huang, K. S. Li, C. S. Lam, K. H. Chan, B. J. Zheng et K. Y. Yuen. 2007. "Comparative analysis of twelve genomes of three novel group 2c and group 2d coronaviruses reveals unique group and subgroup features." *J Virol* 81 (4):1574-85. doi: 10.1128/jvi.02182-06.
- World Health Organization. 2008. "Viruses in food: scientific advice to support risk management activities: meeting report."
- Wu, Z., L. Yang, X. Ren, J. Zhang, F. Yang, S. Zhang et Q. Jin. 2016. "ORF8-Related Genetic Evidence for Chinese Horseshoe Bats as the Source of Human Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus." *J Infect Dis* 213 (4):579-83. doi: 10.1093/infdis/jiv476.
- Zaki, A. M., S. van Boheemen, T. M. Bestebroer, A. D. Osterhaus et R. A. Fouchier. 2012. "Isolation of a novel coronavirus from a man with pneumonia in Saudi Arabia." *N Engl J Med* 367 (19):1814-20. doi: 10.1056/NEJMoa1211721.
- Zhang, Yong, Cao Chen, Shuangli Zhu, Chang Shu, DonFgyan Wang, Jingdong Song, Yang Song, Wei Zhen, Zijian Feng, Guizhen Wu, Jun Xu et Wenbo Xu. 2020. "Isolation of 2019-nCoV from a Stool Specimen of a Laboratory-Confirmed Case of the Coronavirus Disease 2019 (COVID-19)." *2* (8):123-124.
- Zhou, Peng, Xing-Lou Yang, Xian-Guang Wang, Ben Hu, Lei Zhang, Wei Zhang, Hao-Rui Si, Yan Zhu, Bei Li et Chao-Lin Huang. 2020. "A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin." *Nature*:1-4.

## ANNEXE 1

### Présentation des intervenants

**PRÉAMBULE** : Les experts membres de comités d'experts spécialisés, de groupes de travail ou désignés rapporteurs sont tous nommés à titre personnel, *intuitu personae*, et ne représentent pas leur organisme d'appartenance.

#### **GRUPE D'EXPERTISE COLLECTIVE EN URGENCE**

---

##### **Présidente**

Mme Sophie LE PODER – Professeur, Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort - virologie, immunologie, vaccinologie

##### **Membres**

M. Paul BROWN – Responsable de la recherche sur les métapneumovirus et les coronavirus aviaires aviaires, Anses Ploufragan – Virologie, métapneumovirus et coronavirus aviaires

M. Meriadeg LEGOUIL - Assistant Hospitalier Universitaire, CHU de Caen-Virologie -Ecologie et évolution des micro-organismes, virus zoonotiques et émergents circulant chez les chauves-souris.

Mme Sandra MARTIN-LATIL - Chargée de projets scientifiques, Laboratoire de sécurité des aliments, Anses Maisons-Alfort - Virologie alimentaire, culture cellulaire, outils de diagnostic et de détection, hygiène des aliments

Mme Elodie MONCHATRE-LEROY– Directrice du Laboratoire de la rage et de la faune sauvage, Anses Nancy - Virologie, épidémiologie, évaluation de risques, faune sauvage.

Mme Nicole PAVIO – Directrice de recherche – Laboratoire de santé animale, Anses Maisons-Alfort – Virologie alimentaire, culture cellulaire, outils de diagnostic et de détection, hygiène des aliments

Mme Astrid VABRET – Professeur des Universités - Praticien Hospitalier, CHU de Caen – Médecine humaine, virologie, zoonoses.

**PARTICIPATION ANSES**

---

**Coordination scientifique UERSABA**

Mme Charlotte DUNOYER - Cheffe de l'unité Evaluation des risques liés à la Santé, à l'Alimentation et au Bien-être des animaux - Anses

Mme Florence ETORE - Adjointe à la cheffe de l'unité Evaluation des risques Santé, à l'Alimentation et au Bien-être des animaux - Anses

Mme Elissa KHAMISSE - Coordinatrice scientifique - Unité Evaluation des risques Santé, à l'Alimentation et au Bien-être des animaux - Anses

**Coordination scientifique UERALIM**

Mme Estelle CHAIX - Coordinatrice scientifique - Unité Evaluation des risques biologiques en Alimentation humaine - Anses

M. Laurent GUILLIER - Chargé de projets scientifiques - Unité Evaluation des risques biologiques en Alimentation humaine - Anses

M. Moez SANAA - Chef de l'unité Evaluation des risques biologiques en Alimentation humaine – Anses

**Secrétariat administratif**

Angélique LAURENT - Direction de l'évaluation des risques - Anses

ANNEXE 2 LETTRE DE SAISINE



2020-SA-0037

MINISTÈRE DE L'AGRICULTURE ET DE L'ALIMENTATION

LE DIRECTEUR GÉNÉRAL DE L'ALIMENTATION

**Direction générale  
de l'alimentation**

251 rue de Vaugirard  
75 732 Paris cedex

À

Agence nationale de sécurité sanitaire (ANSES)  
14, rue Pierre et Marie Curie  
94700 MAISONS-ALFORT

à l'attention de M. Roger Genet, directeur général.

Paris, le 2 mars 2020

**Objet : saisine urgente de l'Agence sur certains risques liés au virus COVID-19**

Conformément au code de la santé publique, j'ai l'honneur de saisir l'Agence dans le but d'apporter en situation d'urgence des éléments de réponse aux deux questions suivantes :

- Rôle potentiel des **aliments** dans la transmission de la maladie liée au COVID-19 ;
- Rôle potentiel des **animaux domestiques** dans la propagation du virus. Les animaux domestiques visés sont les animaux de compagnie (chiens, chats) et les animaux de rente.

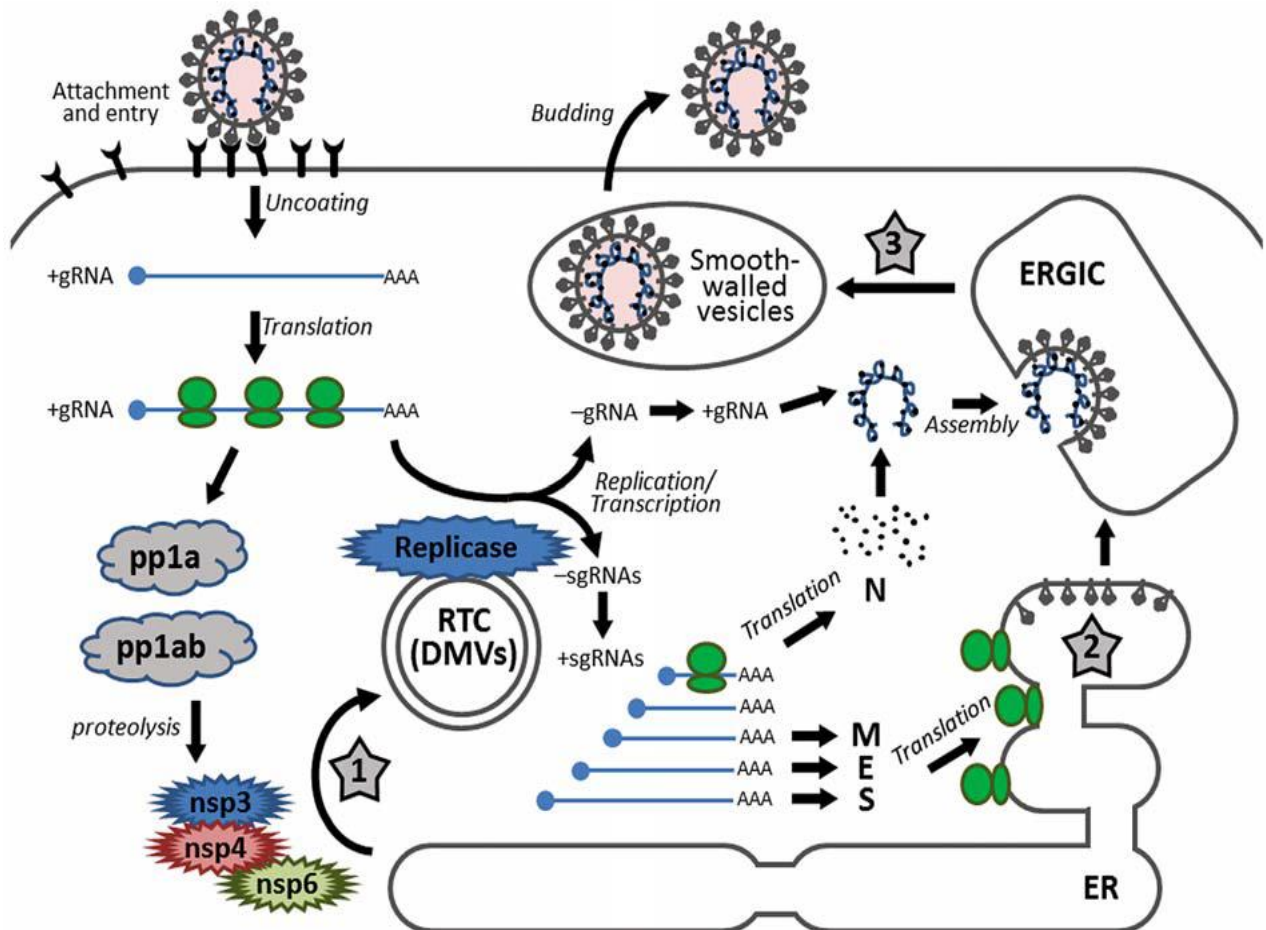
Une réponse de synthèse basée sur les observations épidémiologiques documentées et sur les conclusions du HCSP sur la faible résistance du virus notamment sera un appui suffisant pour cette demande qui vise à obtenir des éléments de réassurance indépendants, face aux questions qui ne vont pas manquer au moment où la France est entrée en phase 2 de la gestion épidémique.

Je vous remercie par avance de répondre à cette saisine **au plus tard le vendredi 6 mars.**

Copie : DGS, ANSP, DGCCRF

Le directeur général adjoint de l'alimentation  
Chef du service de la gouvernance  
et de l'international  
CVO  
Loïc EVAIN

ANNEXE 3 SCHEMA REPRESENTANT LE CYCLE VIRAL D'UN CORONAVIRUS (FUNG ET AL. 2014)

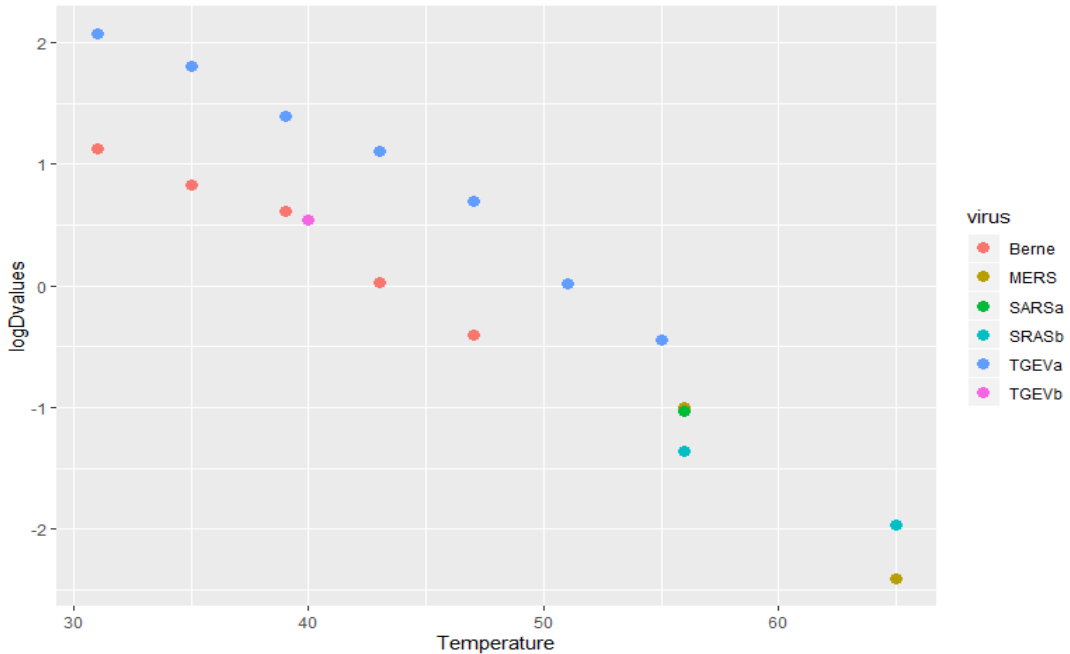


Description du schéma : L'étape d'entrée du virus se fait par son attachement sur son récepteur cellulaire. C'est la première étape de ce cycle mais le schéma présente aussi les autres étapes nécessaires au cycle complet et la formation de nouvelles particules virales (réplication du génome, transcription et traduction des protéines virales, assemblage et sortie des nouvelles particules virales). Pour chacune de ces étapes, des protéines cellulaires vont être nécessaires. L'adaptation d'un virus à une nouvelle espèce hôte suppose donc non seulement une capacité à utiliser un nouveau récepteur cellulaire mais aussi à utiliser les protéines cellulaires nécessaires aux autres étapes du cycle.

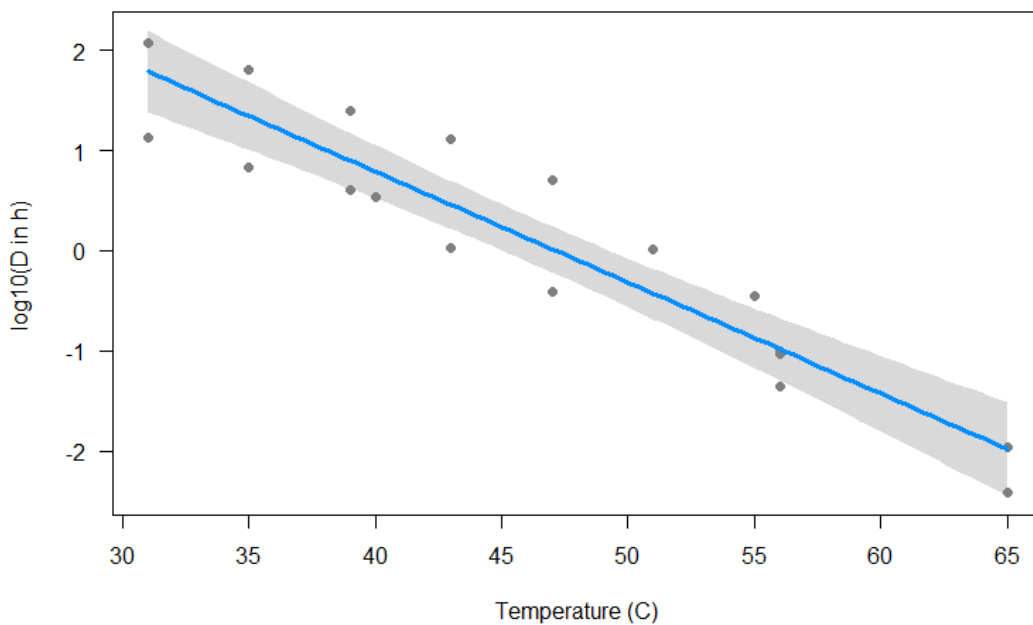
**ANNEXE 4 : LISTE DES ETUDES ETUDIANT L'INACTIVATION THERMIQUE DES VIRUS DU GENRE DES CORONAVIRIDAE**

<b>Virus</b>	<b>Souche</b>	<b>Mesure</b>	<b>Températures (°C)</b>	<b>Conditions associées au traitement thermique</b>	<b>Référence de l'étude</b>	<b>Légende</b>
<b>Virus de Berne</b>	P138/72	Infectivité cellulaire sur cellules EMS	31, 35, 39, 43, 47°C	Surnageant de culture cellulaire	(Weiss <i>et al.</i> 1986)	Berne
<b>TGEV</b>	D52	Infectivité cellulaire sur cellules RPtg	31, 35, 39, 43, 47, 51 et 55°C	En solution à pH 7	(Laude 1981)	TGEVa
<b>TGEV</b>	-	Infectivité cellulaire sur cellules ST	40°C	Surface en acier inoxydable 80 % d'humidité	(Casanova <i>et al.</i> 2010)	TGEVb
<b>SARS-CoV</b>	FFM-1	Infectivité cellulaire sur cellules Vero	56°C	Surnageant de culture cellulaire sans SFV (sérum de veau fœtal)	(Rabenau <i>et al.</i> 2005)	SARSa
<b>SARS-CoV</b>	Urbani	Infectivité cellulaire sur cellules Vero	56, 65°C	Milieu DMEM (Dulbecco's modified Eagle's medium)	(Darnell <i>et al.</i> 2004)	SARSb
<b>MERS-CoV</b>	FRA2	Infectivité cellulaire sur cellules Vero (TCID-50)	56°C	Surnageant de culture cellulaire	(Leclercq <i>et al.</i> 2014)	MERS

**ANNEXE 5 : CALCUL DE LA VALEUR DE DESTRUCTION THERMIQUE D'APRES LE TABLEAU DE L'ANNEXE 4.  
(PRESENTE EN FIGURE 3 DE L'AVIS, ICI, EN MEILLEURE RESOLUTION.)**



**Figure 3(a) : Valeurs de destruction décimale (D) observées à différentes températures pour les virus du genre *Coronavirus* (les études associées sont détaillées dans le tableau de l'Annexe 4).**



**Figure 3(b) : Modèle linéaire ajusté sur log<sub>10</sub>(D) en fonction de la température**