

BIODIVERSITÉ, QUELLES RECHERCHES POUR ANTICIPER LES RISQUES ?

BIODIVERSITY, WHAT KIND OF RESEARCH TO FORSEE RISKS?

Par François MOUTOU¹

(Conférence invitée présentée le 9 juin 2022 lors de la séance du Président, manuscrit accepté le 10 octobre 2022)

RÉSUMÉ

La biodiversité réunit l'ensemble des espèces, leur variabilité génétique, les écosystèmes correspondants et toutes leurs interrelations dont l'endosymbiose. Le passage des procaryotes aux eucaryotes en découle probablement. L'évolution du vivant repose sur l'intégration successive d'éléments préexistants. La notion de microbiome renouvelle le regard porté aux microorganismes dans la biodiversité et dans l'appréhension des risques sanitaires. La coopération semble au moins aussi importante que la compétition. Le développement des techniques génomiques peut-il permettre de repérer à l'avance, chez des espèces réservoirs, des virus causes de futures pandémies et de les prévenir ? Est-ce la seule façon de poser la question de la biodiversité face à l'émergence possible de nouvelles épidémies ? Faudrait-il revoir certains cycles épidémiologiques avec une approche écologique ? Repenser des pratiques zootechniques plus respectueuses de la biodiversité ? Quelle place pour les sciences humaines ? Quelques exemples illustrent différents cas de figure.

Mots-Clés : Biodiversité, santé publique, recherche, anticipation, Covid-19, maladie de Lyme.

ABSTRACT

Biodiversity combines species, their genetic variability, their ecosystems and all the relationships between them. Endosymbiosis is one of the more important, the probable way between prokaryotes and eukaryotes. Evolution of life relies on combining previous elements into new ones. The discovery of microbiome changes the way microorganisms are considered within the whole biodiversity and for their links with sanitary challenges. Cooperation seems as important as competition. Is it then pertinent to see the development of genomics as the only possibility to discover new viruses in reservoir species before they start new pandemics and to prevent them? Is it the good way to ask the question of new sanitary risks emergence? What about considering the ecology of epidemiological cycles? Or working breeding practices with more connection to local biodiversity? How human sciences could be taken into account? A few examples will illustrate some of these points.

Keywords: Biodiversity, public health, research, anticipation, Covid-19, Lyme disease.

INTRODUCTION

Ce début de XX^e siècle offre aux responsables de santé publique, aux épidémiologistes, aux écologues mais aussi aux politiques quelques sérieux défis à relever. Récemment, l'ONU a annoncé que le seuil des 8 milliards d'habitants présents sur la planète serait atteint en 2022 (UN's World Population Prospects 2022 report). Comme le premier milliard a été atteint entre 1800 et 1850 et le deuxième en 1930, on en déduit que la population humaine a été multipliée par 8, pratiquement en 2 siècles, et par 4 ces 92 dernières années (UN, 2017). La rapidité de cette croissance, plus que le chiffre même, est verti-

gineuse. Pour rappel on estime à 300 000 années la date d'apparition d'*Homo sapiens* (Hublin *et al.* 2017). En deux siècles à peine les données populationnelles ont été bouleversées. Les impacts dans tous les domaines de la vie, donc de la santé, mais aussi dans l'ensemble des relations des humains avec la planète, le reste des vivants et des ressources, sont encore à appréhender mais ne peuvent être que majeurs. Cela explique-t-il que les hygiénistes décrivent régulièrement de nouvelles émergences d'agents pathogènes et parlent d'épidémie d'épidémies (Vourc'h *et al.* 2021) ? Pendant ce temps, les biologistes et les écologues décrivent un effondrement majeur de la richesse des formes de vie sur Terre, comme les régulières mises à jour de la Liste Rouge

1- Ancien directeur-adjoint, laboratoire santé animale, Anses, Maisons-Alfort.
Courriel : francoismoutou@orange.fr



de l'UICN (Union Internationale pour la Conservation de la Nature) le confirment (<https://www.iucnredlist.org/news>). Le fonctionnement des écosystèmes se dégrade, les effectifs des espèces s'amenuisent et certaines d'entre elles sont directement menacées de disparition. N'existe-t-il pas une contradiction, au moins apparente, dans ce constat ? Puisque la biodiversité rassemble dans le grand réseau du Vivant toutes les espèces, microbes et parasites compris, leurs populations sont également touchées par la régression de la biodiversité. Est-ce une bonne ou une mauvaise chose ? Une manière de tenter d'y répondre serait de regarder du côté des recherches en cours et de celles possibles à entreprendre pour mieux connaître cette diversité microbienne et parasitaire, prise dans son sens le plus large possible, et les risques sanitaires associés. Quelques mots de définitions peuvent aider à partager le même vocabulaire, avant de synthétiser les éléments rassemblés et d'en tirer des points de conclusion.

DÉFINITIONS

Les notions importantes à associer à celle de biodiversité sont celles de réseau, de liens, d'échanges, entre individus, entre populations, entre espèces et entre écosystèmes. La biodiversité est bien plus qu'une liste d'espèces ou qu'un « simple » inventaire, certainement nécessaires mais insuffisants pour aborder les questions de fonctionnement. Les types de relations possibles sont assez variés. On peut citer la prédation, la consommation, le parasitisme, la contamination, l'infection, la symbiose et le commensalisme. L'espèce humaine y a ajouté plus récemment la domestication, ou encore la chasse, devenue aujourd'hui en Europe bien différente de la prédation. On peut encore ajouter la conservation de certains espaces et de certaines espèces, voire l'observation du vivant. Cette énumération montre que si les implications sanitaires sont partout, certains échanges peuvent être favorables à toutes les espèces concernées, pas seulement à l'une d'entre elles. En effet, la prédation et le parasitisme ne sont pas les seuls exemples représentatifs de ces interactions. Un phénomène essentiel dans la compréhension du vivant est celui de la symbiose et même de l'endosymbiose. C'est probablement ainsi qu'a eu lieu le passage des procaryotes aux eucaryotes sur l'« arbre du vivant ». Le rôle de la coopération entre individus et entre espèces a probablement été sous-estimé comparé à celui de la compétition, trop facilement et trop systématiquement mis en avant (Mathis, 2021 ; Margulis & Sagan, 2022). Comme cela concerne tout particulièrement des « microbes », cela pourrait-il modifier le regard qui leur est porté ?

ENDOSYMBIOSE CHEZ LES MAMMIFÈRES

A propos des « arbres du vivant », on peut faire remarquer que leurs représentations graphiques ou même artistiques, parfois très réussies, masquent justement toutes ces relations qui, de fait, réunissent de nombreuses espèces. Elles se trouvent positionnées sur des branches parfois bien éloignées les unes des autres (Bainbridge, 2020). Certaines représentations récentes s'efforcent d'illustrer des rapprochements. Un exemple peut il-

lustrer l'importance de l'endosymbiose. Les mammifères correspondent certainement à un groupe zoologique qui ne peut laisser les humains complètement indifférents puisqu'ils en sont. Or, cette classe zoologique, en particulier le vaste ensemble des mammifères placentaires, intrigue depuis longtemps les immunologistes. Comment peut-on expliquer le non-rejet de l'embryon en développement dans l'utérus par le système immunitaire de la mère ? Génétiquement, il s'agit d'un individu différent, et donc théoriquement exposé comme toute greffe (hors du cas d'une autogreffe). Des études de « paléovirologie » ont permis de répondre à cette question (Lavialle *et al.* 2013 ; Funk *et al.* 2019). Les premiers mammifères, apparus il y a plus de 150 millions d'années, étaient ovipares. Ils sont d'ailleurs encore représentés de nos jours par les monotrèmes (ornithorynque et échidnés) d'Australie et de Nouvelle-Guinée. Les métathériens ou marsupiaux sont dans une position intermédiaire avec un court développement intra-utérin puis une longue croissance du jeune accroché à une tétine. Enfin, les euthériens ou placentaires sont les seuls à disposer d'une gestation intra-utérine complète. Il existe quatre grands types de placentation qui se distinguent par la proximité existant entre la circulation sanguine des embryons et celle de la mère. Le fait que les jeunes soient plus ou moins précoces à la naissance (nidicoles ou nidifuges) correspond à diverses adaptations écologiques et comportementales. Les paléovirologues ont mis en évidence l'acquisition régulière de séquences virales issues de rétrovirus rencontrés depuis plus de 100 millions d'années. Elles sont copiées au format ADN et intégrées aux génomes des mammifères. Ces séquences rétrovirales, devenues gènes de syncytine, sont capables de contrôler l'immunité maternelle et le type de placentation. Elles ont permis aux mammifères placentaires d'exister en s'affranchissant de l'incubation extracorporelle (Lavialle *et al.* 2013). Ces rétrovirus ont été essentiels pour eux. Cet exemple suggère que les virus, et les microbes en général, ne doivent pas être regardés seulement comme des agents pathogènes ou potentiellement pathogènes. La diversité de leurs fonctions et de leurs relations au sein du monde vivant va bien au-delà.

QUELS AXES DE RECHERCHE ?

Il n'est pas question de nier la réalité du paludisme, de la peste bubonique, de la tuberculose, d'Ebola ou de la Covid-19, mais, à l'échelle de la planète, il s'agit sans doute d'une partie réduite de l'expression de la diversité parasitaire et microbienne. Il est difficile aujourd'hui d'imaginer comment les premières rencontres mammifères - rétrovirus se sont passées il y a plusieurs dizaines de millions d'années. L'échelle de temps propre à l'histoire de la microbiologie est bien moindre. Pourtant nous savons que ces rencontres ont été bénéfiques. Comme il existe encore de très nombreux virus, bactéries, parasites, encore inconnus et possiblement à risque, à quoi faut-il s'attendre ? Imaginer des outils d'anticipation semble assez légitime. La génomique avec les séquenceurs à haut débit peut apporter des éléments de réponse. Est-ce la seule direction de recherche possible ? Quels sont les avantages et les limites des axes de recherches disponibles ? D'autres réponses possibles seront présentées ensuite.

Réponse technologique

Depuis quelques années un programme ambitieux et plutôt onéreux propose de séquencer le virome des 1 400 espèces de chauves-souris connues afin d'identifier les virus possiblement capables de déclencher la ou de prochaines pandémies. L'idée est de pouvoir anticiper les crises associées (Marmet & Julien, 2021). Si présenté ainsi le projet, appelé « Usaid Predict » (<https://www.usaid.gov/sites/default/files/documents/1864/pr edict-global-flyer-508.pdf>), est simple à comprendre, il pose néanmoins quelques questions délicates. À ce jour, il ne semble pas avoir encore apporté de résultats probants. On peut rappeler par exemple qu'aucun des trois *Betacoronavirus* apparus depuis 2000 (SARS en 2002, MERS en 2012, SARS-CoV-2 en 2019) n'a encore été trouvé chez une espèce de chiroptères, pourtant probables sources. Et pourtant on sait quoi chercher. Les cas animaux connus correspondent soit aux espèces contaminées par les humains infectieux (cas de la Covid-19), soit aux espèces intermédiaires initialement contaminées par les chauves-souris mais dans des conditions toujours non élucidées. Le premier cas de figure correspond au SARS-CoV-2 (Lécu, 2022). Le second au SARS avec la civette palmiste masquée (*Paguma larvata*) et au MERS avec le dromadaire (*Camelus dromedarius*). Les *Betacoronavirus* les plus proches des virus humains identifiés chez des chauves-souris ne sont pas ceux responsables des foyers humains. L'anticipation des mutations et adaptations nécessaires pour passer des uns (souches de chiroptères) aux autres (virus responsables des épidémies) ne semble pas encore aisée. Un schéma assez proche peut se rencontrer chez les filoviridés (Baize & Pannetier, 2019). Si le réservoir des *Marburgvirus* paraît maintenant bien établi (certaines roussettes africaines, grandes chauves-souris frugivores), celui des différents *Ebolavirus* n'est toujours pas connu plus de 40 ans après le premier foyer déclaré (1976). Qui plus est, entre les virus Ebola (EBOV), Soudan (SUDV), Reston (RESTV), Taï Forest (TAFV) et Bundibugyo (BDBV), suffirait-il de lire leurs séquences nucléotidiques pour savoir anticiper leurs pouvoirs pathogènes respectifs ? À ce jour, le virus Reston, découvert en Virginie (États-Unis) mais d'origine asiatique, comme le virus de la forêt de Taï (Côte d'Ivoire), ne semblent pas pathogènes pour les humains mais le sont pour certains primates non humains. Il s'agit d'informations acquises a posteriori. Il est évident que toute nouvelle souche doit pouvoir être rapidement isolée, séquencée et mise à disposition de la communauté scientifique internationale. Dans le cas de la Covid-19, de nombreuses souches virales ont été isolées, continuent de l'être, issues de diverses espèces dans plusieurs régions biogéographiques. Leur comparaison, leur analyse fine, sont nécessaires pour espérer reconstruire leur histoire, leur cheminement spécifique et géographique (Temmam *et al.* 2022). L'ambition serait de retrouver l'origine du SARS-CoV-2 et les conditions associées à cette émergence alors que les recherches sur le terrain en Chine, près du point de départ supposé, ne semblent pas bien connues de la communauté internationale. Les derniers résultats publiés s'appuient sur des approches indirectes mais procèdent toujours de manière a posteriori (Worobey *et*

al. 2022). Inversement, le séquençage systématique du virome d'espèces réservoirs potentielles avant toute émergence ne semble pas encore de nature à permettre facilement une réelle anticipation sanitaire, pratique et concrète. Néanmoins, si ces démarches se font, elles doivent respecter certaines règles prenant en compte le statut de conservation des espèces en question selon les pays et les conventions internationales. Il est ensuite important que les séquences isolées restent accessibles aux institutions qui en auraient besoin selon les codes internationaux, comme le « Protocole de Nagoya » sur l'accès aux ressources génétiques et le partage juste et équitable des avantages découlant de leur utilisation relatif à la convention sur la diversité biologique, sous la responsabilité du secrétariat de la Convention sur la Diversité Biologique des Nations-Unies (Convention sur la Diversité Biologique, 2012).

Réponse zoologique et écologique

Un ensemble d'outils plus classiques existent, d'une part pour comprendre chaque nouvel enjeu sanitaire et d'autre part pour tâcher d'en tirer quelques leçons pour affronter plus efficacement les nouvelles émergences. Les tendances démographiques, politiques et économiques actuelles suggèrent que le phénomène des émergences va se poursuivre (Vourc'h *et al.* 2021). Toujours avec l'exemple de la Covid-19 et les tentatives de compréhension de son origine, voici un autre exemple du type de recherches possibles (Hassanin *et al.* 2021). Cette publication propose de combiner des données de virologie avec d'autres relatives à la répartition géographique et à l'écologie des espèces possiblement impliquées dans l'apparition du SARS-CoV-2. Les données de terrain proviennent d'autres pays d'Asie du sud-est que la Chine puisque les espèces citées ont des répartitions naturelles assez larges. Ici il n'y a pas d'ambition d'anticipation vers une autre épidémie mais le souci de comprendre l'histoire naturelle de celle-ci, toujours non élucidée. Un autre exemple, lié à une maladie bactérienne et vectorielle nettement mieux connue illustre la complexité naturelle des cycles épidémiologiques. Cela impose de combiner des compétences médicales, zoologiques et écologiques pour comprendre et maîtriser le mieux possible les risques associés. Si la maladie de Lyme n'est pas nouvelle, des études récentes mettent en évidence l'existence de facteurs de risque encore peu pris en compte. En effet, le cycle ne doit pas se limiter au seul ensemble *Borrelia* (agent microbien), tique (vecteur), rongeurs (réservoir) et, éventuellement, humains (hôte) (Vourc'h *et al.* 2021). L'aménagement du territoire comme le changement climatique peuvent influencer la répartition et les saisons d'activité des tiques. La densité de grands mammifères herbivores peut être favorable aux tiques mais sans impact direct sur le risque épidémiologique puisqu'ils ne sont pas réservoir. Enfin, les humains eux-mêmes peuvent contribuer, ou non, à faire varier le risque d'exposition. Soit directement selon leurs activités extérieures, soit indirectement en intervenant sur les densités des rongeurs, réservoirs des bactéries. Dans divers pays européens les petits carnivores, le renard roux (*Vulpes vulpes*) et différents mustélidés comme la belette (*Mustela nivalis*), le putois (*M. putorius*), la martre (*Martes martes*), la fouine (*M. foina*) sont

chassés et détruits (quand la chasse est fermée) par « tradition », c'est-à-dire sans que des données biologiques publiées ne justifient ces pratiques. Les niveaux de prélèvement sont malheureusement mal connus. La dernière enquête nationale date de la saison cynégétique 2013-2014 (Aubry, 2019). Or une étude récente propose une corrélation positive entre la densité de nymphes de tiques porteuses de *Borrelia* avec les tirs et destructions des petits carnivores prédateurs de rongeurs (Levi *et al.* 2012). Inversement, toujours dans le cadre de cette étude, là où les carnivores sont bien présents, les rongeurs sont moins nombreux, circulent moins et la densité de nymphes de tiques hébergeant des *Borrelia* est moindre, diminuant le risque pour les humains habitant ces régions. L'étude de l'écologie des interrelations existant entre espèces d'un même écosystème, pas seulement celles directement reliées dans un cycle épidémiologique donné, peut apporter des éléments concrets de gestion du risque sanitaire associé. D'une manière générale, ces petits carnivores sont encore très mal compris (Merneweck *et al.* 2022).

Réponse zootechnique

Le décalage existant entre certaines données biologiques et des pratiques courantes se retrouve dans d'autres contextes. Le champ devient celui des sciences humaines et sociales. Les dernières flambées épidémiques, voire pandémiques ont montré leur importance. Sans aller trop loin dans ce domaine qui sort du champ des sciences vétérinaires, en voici juste deux exemples. Quelques régions françaises sont touchées par une recrudescence de la tuberculose bovine depuis le tout début du XXI^e siècle. Dans une exploitation de charollaises allaitantes déjà contaminée deux fois, et donc dépeuplée deux fois, voir la pierre à sel posée à terre dans les pâtures surprend. Il est connu localement que la bactérie circule aussi dans la faune sauvage. Questionné sur la raison de cette pratique, l'éleveur répond qu'il a toujours fait ainsi, par « tradition ». Dans cet environnement à risque, éviter une contamination directe par une pierre à sel laissée à terre paraît essentiel. Le geste est connu mais n'était pas fait. L'autre exemple renvoie aux deux épidémies de SARS (2002 et 2019). Dans les deux cas, le point de départ des flambées semble se situer au niveau d'un marché « mouillé » (« *wet market* ») en Chine. Dans ce pays, la tradition veut que l'on achète un poulet, un petit mammifère, un poisson, vivant. Cela garantit certainement sa fraîcheur mais avec l'avènement de l'électricité, des chambres froides, des réfrigérateurs, des congélateurs cela semble aujourd'hui moins essentiel. Les images et les visites de marchés après le SARS de 2002-2003 montraient des conditions de présentation des ani-

maux, vivants, à très haut risque de transmission microbienne interspécifique. Il semblerait que fin 2019 à Wuhan la situation était encore proche de celle vue à Shenzhen ou à Guangzhou une quinzaine d'années plus tôt (Worobey *et al.* 2022). Or en 2019 les avions ont transporté plus de 4,5 milliards de passagers (<https://donnees.banquemondiale.org/indicateur/IS.AIR.PSGR?end=2020&start=1970&view=chart>) et Wuhan dispose d'un aéroport international. Les recherches virologiques, épidémiologiques et génomiques, peuvent faire et font d'énormes progrès. Il ne faut pas sous-estimer, en aval, les comportements humains qui ne sont pas toujours en phase avec ces connaissances, et pas seulement parce qu'ils les ignoreraient. Il peut y avoir des impacts économiques, des choix politiques, ou encore des « habitudes » qui peuvent orienter des actions dans un sens contraire à celui de l'intérêt général. Les recherches dans le grand domaine des sciences humaines et sociales ont un rôle essentiel à jouer dans le contexte des nouvelles maladies microbiennes et parasitaires.

CONCLUSION : CONTRÔLE, EXTINCTION OU ÉRADICATION

La variole a été déclarée éradiquée par l'OMS en 1979, le SARS a aujourd'hui disparu et personne ne sait ce qu'il adviendra pour la Covid-19. Aujourd'hui toujours, la tuberculose (*Mycobacterium tuberculosis*) est encore bien là, les influenza virus circulent sous diverses formes dans diverses espèces et il se pourrait que la poliomyélite s'approche, enfin, de sa disparition. Toutes ces entités ont des histoires naturelles différentes, monospécifiques, multispécifiques, des voies de transmission diverses et leur contrôle passe et est passé par des approches ciblées, parfois assez variées. Dans une approche globale « Un Seul Monde - Une Seule Santé » on peut difficilement envisager l'éradication d'une maladie infectieuse ou parasitaire par l'extinction de sa ou de ses espèces réservoirs et vectrices connues. Serais-ce d'ailleurs pertinent ? Si l'on distingue bien le danger (le microbe, le parasite) du risque (la probabilité qu'un individu d'une espèce particulière soit exposé à ce microbe, à ce parasite), alors il suffit de connaître les paramètres environnementaux dans lesquels ce microbe, ce parasite, existe. En évitant de créer des facteurs de risque supplémentaires, au-delà de ceux connus, la coexistence doit être possible. Comme évoqué en introduction, quelques paramètres comme la démographie humaine, le changement climatique, la modification de l'usage des terres, poussent malheureusement souvent dans le mauvais sens. Or ces paramètres sont dépendants de choix sociétaux, donc entre les mains d'*Homo sapiens*. Les réponses aux questions posées probablement aussi.

REMERCIEMENTS

Je remercie très sincèrement les organisateurs pour leur invitation à participer à la journée du président de l'Académie vétérinaire de France ce 9 juin 2022. Je leur suis également reconnaissant de m'avoir encouragé et aidé à rédiger ce texte.

BIBLIOGRAPHIE

- Aubry P. L'enquête sur les tableaux de chasse à tir pour la saison 2013-2014 : quelques éléments de compréhension concernant la mise en œuvre du dispositif d'échantillonnage. Faune Sauvage. 2019 ; Hors-Série: 21-26.
- Bainbridge D. La classification animale. Une histoire illustrée. Paris : Delachaux et Niestlé ; 2020.
- Convention sur la Diversité Biologique. Protocole de Nagoya sur l'accès aux ressources génétiques et le partage juste et équitable des avantages découlant de leur utilisation relatif à la convention sur la diversité biologique. Secrétariat de la Convention sur la Diversité Biologique, Montréal ; 2012. Disponible à <https://www.cbd.int/abs/doc/protocol/nagoya-protocol-fr.pdf>. Consulté le 15 octobre 2022.
- Funk M, Cornelis G, Vernochet C, Heidmann O, Dupressoir A, Conley A *et al.* Capture of a hyena specific retroviral envelope gene with placental expression associated in evolution with the unique emergence among carnivorans of hemochorial placentation in Hyaenidae. *J Virol.* 2019; 93: e01811-18.
- Hassanin A, Grandcolas P, Véron G. Covid-19: natural or anthropic origin? *Mammalia.* 2021; 85(1): 1-7.
- Hublin JJ, Ben-Ncer A, Bailey SE, Freidline SE, Neubauer S, Skinner MM *et al.* New fossils from Jebel Irhoud, Morocco and the pan-African origin of *Homo sapiens*. *Nature.* 2017; 546: 289-292.
- Laviolle C, Cornelis G, Dupressoir A, Esnault C, Heidmann O, Vernochet C *et al.* Paleovirology of 'syncytins', retroviral env genes exapted for a role in placentation. *Phil Trans R Soc B.* 2013; 368: 20120507.
- Lécuyer A. Covid : retour sur 30 mois de tribulations d'un virus humain chez l'animal. *The Conversation*, 2022. Disponible à <https://theconversation.com/covid-retour-sur-30-mois-de-tribulations-dun-virus-humain-chez-lanimal-187552>. Consulté le 10 octobre 2022.
- Levi T, Kilpatrick AM, Mangel M, Wilmers CC. Deer, predators, and the emergence of Lyme disease. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2012 Jul 3 ; 109(27) : 10942-7.
- Margulis L, Sagan D. *Microcosmos. 4 milliards d'années de symbiose terrestre.* Éditions Wildproject; 2022.
- Marmet J, Julien JF. La surprenante diversité des chauves-souris. *In Chauves-souris. Rencontres aux frontières entre les espèces.* Keck K, Morvan A. Éditions du CNRS ; 2021, pp 35-59.
- Marneweck CJ, Allen BL, Butler AR, Do Linh San E, Harris SN, Jensen AJ *et al.* Middle-out ecology: small carnivores as sentinels of global change. *Mam Rev.* 2022; 52: 471-479.
- Mathis P. *Biocène. Comment le vivant a coconstruit la Terre.* Paris : Le Pommier ; 2021.
- Temmam S, Vongphayloth K, Baquero E, Munier S, Bonomi M, Regnault B, *et al.* Bat coronaviruses related to SARS-CoV-2 and infectious for human cells. *Nature.* 2022; 604: 330-336.
- United Nations, Department of Economic and Social Affairs, Population Division. *World Population Prospects: The 2017 Revision, Key Findings and Advance Tables.* Working Paper No. ESA/P/WP/248, 2017.
- United Nations World Population Prospects, report, New York: UN; 2022. https://www.un.org/development/desa/pd/sites/www.un.org.development.desa.pd/files/wpp2022_summary_of_results.pdf
- Worobey M, Levy JI, Malpica Serrano L, Crits-Christoph A, Pekar JE, *et al.* The Huanan Seafood Wholesale Market in Wuhan was the early epicenter of the COVID-19 pandemic. *Science.* 2022; 377(6609) : 951-959.
- Vourc'h G, Moutou F, Morand S, Jourdain E. *Les zoonoses. Ces maladies qui nous lient aux animaux.* Versailles : Éditions Quae ; 2021.