

À situation exceptionnelle, financement exceptionnel

Dans la course contre la montre engagée contre la COVID-19, il n'y avait pas une minute à perdre. Comprendre le virus, la maladie qu'il provoque, sa propagation, ses répercussions sur le système de santé ou la société, analyser les impacts et les conséquences, il fallait aller vite. La communauté des chercheurs s'est très tôt mobilisée.

Pour la soutenir et l'accompagner dans ses travaux, le FNRS a souhaité intensifier ses investissements afin d'apporter aux chercheurs... du financement en accéléré. Plus de 4 millions d'euros ont pu être dégagés grâce à de nombreux legs et dons privés.

Dès le mois de mars 2020, un double appel à projets a été lancé auprès de la communauté scientifique de la Fédération Wallonie-Bruxelles. Trente-quatre projets scientifiques ont été retenus : 21 ont été soutenus grâce à des Crédits Urgents de Recherche (CUR), 13 via des Projets Exceptionnels de Recherche (PER). Les premiers ont pu bénéficier jusqu'à 60.000 euros chacun, les seconds jusqu'à 260.000 euros !

Ces projets touchent tous les domaines scientifiques (sciences de la vie et de la santé, sciences exactes et naturelles, sciences humaines et sociales) et contribueront de manière indéniable aux efforts internationaux pour aider les acteurs du système de santé et la société à mieux faire face et à vaincre l'épidémie. Présentations.

Sciences de la vie et de la santé

Effets du SARS-CoV-2 chez les **patients décédés** COVID-19 positifs

Les mécanismes responsables de la mortalité élevée et le dysfonctionnement des organes associés à la COVID-19 sont toujours mal compris. Les études post-mortem fournissent des informations importantes pour comprendre cette nouvelle maladie.

Au cours de l'année écoulée, une analyse anatomo-clinique minutieuse des organes post-mortem (trachée, thyroïde, ganglions lymphatiques, cœur, rate, moelle osseuse, rein, vessie, foie, estomac, côlon et cerveau) de 41 autopsies a été réalisée, de même que plusieurs tests de détection du virus à l'aide de techniques de PCR et d'immunohistochimie. Dans les tissus pulmonaires, par exemple, nous avons observé une grande hétérogénéité de la distribution du virus SARS-CoV-2 dans les cellules, en fonction des patients mais également au niveau des différents lobes pulmonaires pour un même patient.

En conclusion, des autopsies complètes documentent l'hétérogénéité considérable des lésions lors de la maladie et l'absence de lésions spécifiques du SARS-CoV-2. En utilisant la RT-PCR, le SARS-CoV-2 a pu être détecté dans tous les organes post-mortem, même dans ceux sans lésions morphologiques.

« **Distribution du SARS-CoV-2 dans les organes post-mortem en corrélation avec l'évaluation anatomo-clinique : vers de nouveaux biomarqueurs pour les patients COVID-19** »



Isabelle Salmon, Service d'Anatomie Pathologique, Hôpital Érasme, ULB

Barbara Alexiou, Nicky D'Haene, Sarah De Clercq, Ricardo De Mendonça, Philomène Lavis, Laetitia Lebrun, Calliope Maris, Marie-Lucie Racu, Myriam Rimmelink, Sandrine Rorive, Claire Royer-Chardon, Stefan Rusu, Anne-Laure Trépant, Claude Van Campenhout, Marie Van Eycken, Camille Verocq, Service d'Anatomie Pathologique, Hôpital Érasme, ULB

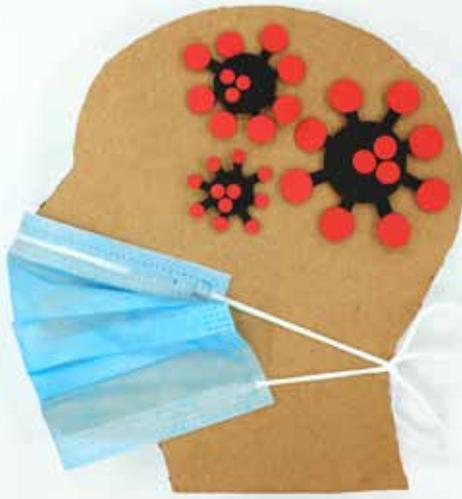
Jean-Christophe Goffard, Unité de traitement des Immunodéficiences, Hôpital Érasme, ULB

Olivier De Witte, Département de Neurochirurgie, Hôpital Érasme, ULB

Lorenzo Peluso, Jean-Louis Vincent, Fabio Silvio Taccone, Unité des Soins intensifs, Hôpital Érasme, ULB

Christine Decaestecker, CMMI





Sciences de la vie et de la santé

Évaluation de l'infectivité du SARS-CoV-2 sur le rein et le cerveau

Le SARS-CoV-2 est un virus responsable chez l'homme de la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19). Celle-ci se caractérise par une variété de symptômes allant d'une légère fièvre à une défaillance multisystémique. Alors que l'infection par le SARS-CoV-2 est bien documentée dans le tissu pulmonaire, elle reste peu comprise dans d'autres organes tels que les reins et le cerveau. Notre projet collaboratif au sein de l'institut GIGA de l'ULiège combine l'analyse de tissus post-mortem de patients atteints de la COVID-19 avec de nouveaux modèles humains in vitro de rein et de cerveau que nous utilisons afin d'étudier la voie d'entrée du SARS-CoV-2, sa capacité de réplication, sa cytotoxicité, ainsi que la libération de cytokines et l'inflammation. Nous testons in vitro une bibliothèque de petits composés afin d'identifier des inhibiteurs actifs de la réplication du SARS-CoV-2, ses interactions protéine-protéine (IPP) et l'activation de la voie du mauvais repliement des protéines comme candidats possibles afin de contribuer à l'élaboration de futurs traitements pour lutter contre la COVID-19.

« Assessing the infectivity of SARS-CoV2 to human ESC-derived tissues using organoid modeling »

 **Laurent Nguyen**, GIGA Stem Cells/Neurosciences, Molecular regulation of neurogenesis, ULiège

Ira Espuny-Camacho, GIGA Stem Cells/ Neurosciences, Molecular regulation of Neurogenesis, ULiège

Luc Willems, GIGA Cancer, Cellular and molecular epigenetics, ULiège

Jean-Luc Twizere, GIGA Molecular biology of disease, Viral interactome networks, ULiège

Emmanuel Di Valentin, GIGA Platform viral vectors, ULiège

François Jouret, GIGA Cardiovascular sciences, LTRN Lab, ULiège

Jean-Marie Krzesinski, Service de Néphrologie, LTRN Lab, CHU de Liège

Sciences de la vie et de la santé

Constitution d'une biobanque dédiée à l'infection par le coronavirus

La pandémie de COVID-19 nécessite un effort de recherche colossal pour comprendre les mécanismes de la maladie et mettre au point des traitements efficaces. Pour cela, la disponibilité d'échantillons biologiques provenant de patients gravement atteints ou de membres du personnel soignant ou non-soignant non atteints ou atteints de formes asymptomatiques ou légères de la COVID-19 représente un formidable outil à la disposition des chercheurs. Nous avons entrepris de collecter systématiquement des échantillons respiratoires et sanguins dans notre biobanque et les avons immédiatement mis à la disposition de tout chercheur ayant un projet en lien avec l'infection par le coronavirus. En quelques mois, plus de 100.000 échantillons ont ainsi été stockés dans notre biobanque (Biothèque Hospitalo-Universitaire de Liège ou BHUL). À ce jour, 8 projets de recherche sur le Sars-CoV-2 ont été réalisés grâce à cette précieuse ressource, mais ces échantillons serviront aussi à de nombreuses études dans des domaines extrêmement variés.

« Advancing COVID-19 research via systematic clinical phenotyping and collection of biospecimens within a biobank resource setting »

 **Yves Beguin**, Laboratoire d'Hématologie, GIGA, ULiège

Souad Rahmouni, Maître de recherches FNRS, Unité de génomique animale, GIGA, ULiège

Stéphanie Gofflot, Directrice de la BHUL, CHU de Liège, ULiège

Sciences de la vie et de la santé

La COVID-19 provoque une **maladie rénale aiguë**

Les premières descriptions de la COVID-19 faisaient état d'une atteinte rénale fréquente et caractérisée par une insuffisance rénale aiguë et/ou la présence de protéines dans les urines. Dans notre cohorte de ~150 patients hospitalisés, une protéinurie anormale était détectée chez plus de 80 % des malades. Cette protéinurie était d'origine principalement tubulaire. Quand bien même elle n'était pas nécessairement associée à une insuffisance rénale aiguë, une association significative était objectivée entre la protéinurie et la mortalité. Parmi les survivants de la COVID-19 ayant bénéficié d'un suivi systématique (~75 patients), une quasi-normalisation de la protéinurie était objectivée à ~2 mois post-hospitalisation. En parallèle de cette étude clinique, nous avons réalisé une biopsie rénale post-mortem chez 16 patients décédés de la COVID-19. Des lésions de souffrance tubulaire aiguë ont été observées ainsi qu'une accumulation de globules rouges dans les capillaires rénaux. Le SARS-CoV-2 a été détecté dans le néphron. Nous poursuivons nos investigations afin de mieux comprendre comment ce virus provoque une telle protéinurie tubulaire et/ou une nécrose tubulaire aiguë afin d'améliorer la prise en charge de tout patient atteint de la COVID-19 et d'en assurer le meilleur suivi.

« Corrélation anatomo-clinique de l'atteinte rénale de la COVID-19 »



Jean-Marie Krzesinski, Service de Néphrologie, LTRN Lab, ULiège

Antoine Bouqueneau, Service de Néphrologie, ULiège

Justine Huart, Candidate-spécialiste doctorante FNRS, Service de Néphrologie, LTRN Lab, ULiège

Pauline Erpicum, Spécialiste postdoctorante FNRS, Service de Néphrologie, LTRN Lab, ULiège

Pierre Delanaye, Service de Néphrologie, ULiège

François Jouret, Clinicien-chercheur FNRS, Service de Néphrologie, LTRN Lab, ULiège



Sciences de la vie et de la santé

La COVID-19 chez **les sans-abris** à Bruxelles

S'il s'agit d'une maladie à fort risque pour les personnes âgées, la Covid-19 cible également les populations précaires (qui ont des comorbidités), les minorités et les plus démunis. La population des sans-abris est particulière car elle présente à la fois une accumulation de facteurs de risque pour la santé (infections, assuétudes, santé mentale) et une exposition au risque accrue par leurs conditions de logement et la promiscuité. En collaboration avec Médecins du Monde et Bruss'help, une recherche-action basée sur une campagne de dépistage auprès des 2.500 SDF dans 52 centres d'hébergement en Région de Bruxelles-Capitale a été menée afin d'évaluer le taux d'incidence du coronavirus et de mettre en place les mesures adaptées (isolement, prise en charge, etc.). Ce dépistage fut d'autant plus utile que la plupart des sans-abris testés positifs étaient asymptomatiques.

En avril 2020, des clusters avec près de 30 % de cas positifs sont apparus dans certains centres d'hébergement bruxellois. Le nombre de cas a ensuite diminué grâce au dépistage et à la mise en place de structures d'hébergement permettant l'isolement.

« Profil épidémiologique des populations précaires invisibles à l'épreuve de la COVID-19 »



Yves Coppieters, Centre de recherche Épidémiologie, Biostatistique et Recherche clinique, ULB

Judith Racapé, Centre de recherche Épidémiologie, Biostatistique et Recherche clinique, ULB

Sciences de la vie et de la santé

Mieux comprendre la **variabilité de la réponse immunitaire**

Un axe important de recherche dans notre laboratoire est d'essayer de comprendre les réponses immunitaires qui deviennent inefficaces chez les patients cancéreux. Pour ce faire, nous étudions certains globules blancs – les lymphocytes T – et les marqueurs de la programmation ou du dérèglement de ceux-ci (les facteurs de transcriptions et longs ARN non codants). Chez les personnes atteintes de la COVID-19, la réponse immunitaire est au contraire exacerbée et prolongée. Avec les outils développés au laboratoire, nous avons voulu comparer les lymphocytes T des patients atteints de la COVID-19 avec ceux provenant de tumeurs humaines. Notre objectif dans le cas de la COVID-19 est de mieux comprendre cette réponse immunitaire exacerbée et d'identifier des pistes de prise en charge des patients axées sur l'atténuation de cette réponse immunitaire dérégulée.

« **Étude de la variabilité de la réponse T chez les patients atteints de COVID-19. Focus sur les facteurs de transcription et les longs ARN non codants** »

 Pierre van der Bruggen, Institut de DUVE, UCLouvain

Damien Neyens, Aspirant FNRS
Svetlanna Ivanoff, Aspirant FNRS
Thibault Hirsh, Boursier FRIA-FNRS
Mathieu Luyckx, Cliniques universitaires Saint-Luc, UCLouvain



Sciences de la vie et de la santé

Une méthode de détection pour contourner la **pénurie de réactifs**

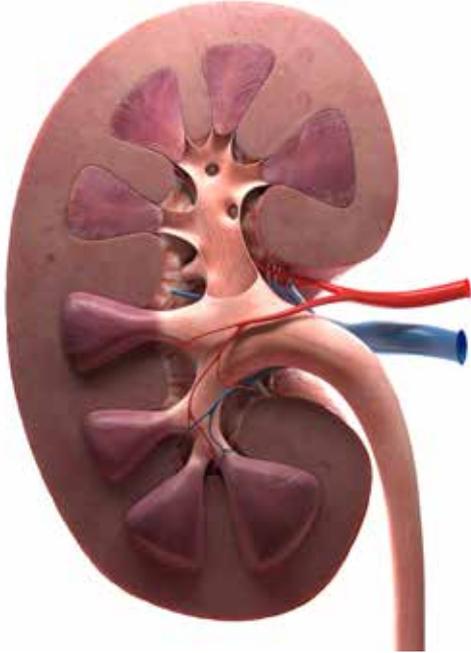
Dès l'arrivée de la COVID-19 en Belgique, les laboratoires de l'UNamur, sous l'impulsion du Laboratoire de Virologie moléculaire, ont mis en place une méthode de détection alternative permettant de contourner la pénurie de réactifs en kit. Cette pénurie entravait le déploiement du diagnostic, élément clé du contrôle de la transmission et de la prise en charge des patients. La mise au point rapide de la nouvelle procédure et son agrément par l'AFMPS, dès le 17 mars 2020, ont permis de soutenir le travail de nombreux laboratoires hospitaliers en traitant plusieurs milliers d'échantillons cliniques. La technique, caractérisée par sa facilité d'adaptation par tout laboratoire de biologie moléculaire, a été diffusée gratuitement en Belgique et à l'étranger. La méthode a été appliquée à d'autres prélèvements tels que les liquides isolés de patients infectés sous dialyse péritonéale ou les eaux usées. Cette recherche translationnelle a ouvert la voie à d'autres développements comme la mise au point d'une technique d'amplification isothermique du matériel génétique viral, une méthode de dépistage efficace et indépendante des équipements sophistiqués inaccessibles dans les pays en voie de développement. L'objectif : augmenter à long terme la capacité d'autonomie de ces pays en matière de diagnostic de la COVID-19.

« **Solving the issue of diagnostic reagents shortage to monitor SARS-CoV-2 spreading in various contexts of coronavirus disease COVID-19 pandemic** »

 Benoît Muylkens, Unité de Recherche vétérinaire intégrée, NARILIS, UNamur
Damien Coupeau, Unité de Recherche vétérinaire intégrée, NARILIS, UNamur
Emmanuel André, Faculté de Médecine, KULeuven
Pierre Boegaerts, Laboratoire de Biologie clinique du CHU UCL-UNamur, UCLouvain
Nicolas Gillet, Unité de Recherche vétérinaire intégrée, NARILIS, UNamur
Olivier De Backer, Unité de Recherche en Physiologie moléculaire, NARILIS, UNamur
Patsy Renard, Unité de Recherche en Biologie cellulaire, NARILIS, UNamur
Jonathan Marescaux, E-Biom, spin-off de l'UNamur

Sciences de la vie et de la santé

Étude de l'**atteinte rénale** par approche métabonomique



Bien que la COVID-19 corresponde principalement à un syndrome respiratoire aigu sévère, d'autres manifestations ont été observées entraînant notamment des atteintes rénales sévères. Par conséquent, l'identification précoce de marqueurs d'insuffisance rénale permettrait une meilleure prise en charge des patients à risque. Notre étude a porté sur l'identification de signatures métaboliques spécifiques et prédictives de l'atteinte tubulaire par approche métabonomique qui allie l'analyse spectroscopique de prélèvements de sérum et d'urine à des analyses multivariées. Des signatures métabonomiques discriminant les patients COVID-19 positifs et négatifs ont ainsi été obtenues. Chez les patients positifs et hospitalisés, des indicateurs métaboliques de l'insuffisance rénale ont été identifiés dans les prélèvements effectués au début de l'hospitalisation et leur évolution est en cours d'étude longitudinale.

« Évaluation des profils métabonomiques sérique et urinaire de patients COVID-19 et de l'insuffisance rénale aiguë associée »



Jean-Marie Colet, Service de Biologie humaine et Toxicologie, UMONS

Anne-Émilie Declèves, Laboratoire de Biochimie métabolique et moléculaire, UMONS

Vincent Richard, Centre de Recherche UMHAP, Hôpital Ambroise Paré de Mons

Frédéric Debelle, Services de Dialyse et de Recherche clinique, Centre hospitalier EpiCURA

Sciences de la vie et de la santé

Comprendre les interactions entre **les bactéries, les virus** de la sphère naso-pharyngée et **le SARS-CoV-2**

Le premier objectif de notre projet est de décrire par séquençage à haut débit le microbiote (les bactéries) et le virome (les virus) présents dans la sphère naso-pharyngée des patients souffrant de la COVID-19. Dans un second temps, cette analyse sera intégrée dans une analyse globale du type « biologie des systèmes » dont l'objectif ultime sera de mieux comprendre les interactions entre nos cellules, nos bactéries et le SARS-CoV-2 afin d'expliquer la sévérité des symptômes cliniques et, au final, réussir une meilleure prise en charge des patients. À ce jour, nous avons pu progresser sur plusieurs aspects : inclusion de patients, collecte et stockage de plus de 800 échantillons au sein d'une biobanque de matériel pour analyse (50 % d'échantillons de patients hospitalisés et 50 % d'échantillons de patients ambulatoires). Nous avons également étendu nos recherches à la collecte d'autres données chez des patients convalescents lors des consultations de suivi à 3 mois post-hospitalisation (écouvillons naso-pharyngés, sang et urines pour des analyses génétiques, protéomiques et transcriptomiques). En conclusion, ce soutien financier a permis de faire progresser la collection d'échantillons, d'optimiser nos biobanques et les méthodes de quantification et séquençages viraux et microbiens.

« Analysis of the nasopharyngeal microbiota and virome of COVID-19 patients and description of their association with the infectious phenotype: first-steps of a systems biology approach »

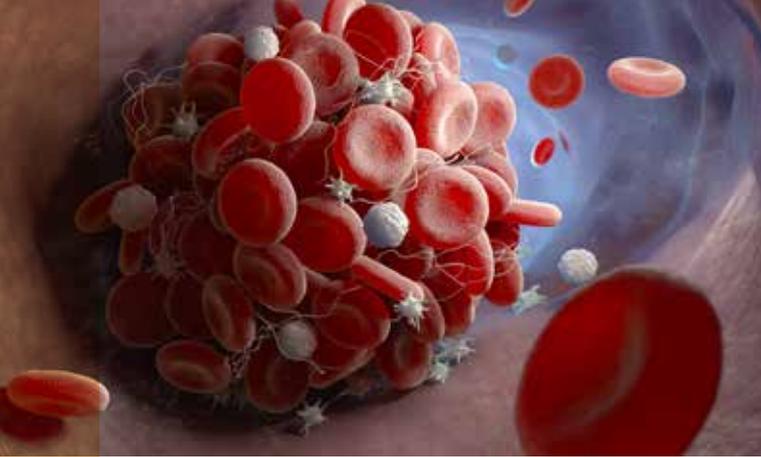


Patrice D. Cani, Maître de recherches FNRS, Louvain Drug Research Institute, Metabolism and Nutrition, UCLouvain

Leïla Belkhir, Institut de Recherche expérimentale et clinique, UCLouvain

Jean Ruelle, Institut de Recherches expérimentale et clinique, UCLouvain

Julien De Greef, Service de Médecine interne et Maladies infectieuses, Cliniques universitaires Saint-Luc, UCLouvain



Sciences de la vie et de la santé

COVID-19 et **thromboses** : un risque évolutif

La COVID-19 expose les patients plus sévèrement atteints à un haut risque de thrombose qui péjore leur pronostic. Les déterminants de ce risque et les modalités optimales de sa prévention restent toutefois méconnus. En analysant de manière approfondie des prélèvements sanguins de patients atteints de formes sévères de la COVID-19, nous avons pu identifier une période à haut risque de thrombose s'étendant jusqu'à 10 jours après l'admission aux soins intensifs. Cette période se caractérise à la fois par une augmentation de la propension du sang à coaguler et par une diminution de la capacité de lyse du caillot. Nous étudions également la place de biomarqueurs utilisables en clinique ; d'une part pour stratifier le risque thrombotique de manière individuelle et ajuster la prophylaxie antithrombotique et d'autre part pour identifier précocement la survenue de thromboses pour permettre leur prise en charge plus rapide et limiter le risque d'extension.

« **Évaluation of the thrombotic risk associated with SARS-CoV-2 infection and its management in the intensive care unit: a clinical and biological longitudinal study** »

-  **François Mullier**, Namur Thrombosis Hemostasis Center, CHU UCL Namur, UCLouvain
- Michaël Hardy**, Namur Thrombosis Hemostasis Center, Laboratoire d'Hématologie, CHU UCL Namur, UCLouvain
- Sarah Lessire**, Namur Thrombosis Hemostasis Center, Service d'Anesthésie, CHU UCL Namur, UCLouvain
- Thomas Lecompte**, Service d'Angiologie et d'Hémostase, Hôpitaux universitaires de Genève, Université de Genève (Suisse)
- Alain-Michel Dive**, Service des Soins intensifs, CHU UCL Namur, UCLouvain
- Isabelle Michaux**, Service des Soins intensifs, CHU UCL Namur, UCLouvain
- Pierre Bulpa**, Service des Soins intensifs, CHU UCL Namur, UCLouvain
- Jonathan Douxfils**, Département de Pharmacie, Namur Thrombosis Hemostasis Center, UNamur
- Jean-Michel Dogné**, Département de Pharmacie, Namur Thrombosis Hemostasis Center, UNamur
- Marion Bareille**, Laboratoire d'Hématologie, CHU UCL Namur, UCLouvain
- Sophie Testa**, Haemostasis and Thrombosis Center, Cremona Hospital (Italie)
- Silvy Laporte**, Université Jean Monnet, Université de Lyon, INSERM, F-CRIN INNOVTE Network (France).
- Céline Chapelle**, Université Jean Monnet, Université de Lyon, INSERM, F-CRIN INNOVTE Network (France).

Sciences de la vie et de la santé

Vers une nouvelle thérapie antivirale grâce à l'**épigénétique de l'ARN**

À ce jour, il n'existe aucun traitement spécifique contre la COVID-19. Il est donc urgent de proposer des molécules qui pourraient rapidement entrer dans des essais cliniques. La « reconversion » de médicaments existants est une stratégie qui pourrait permettre de contourner les étapes chronophages du développement de nouveaux traitements. L'épigénétique contribue de façon essentielle à l'activité des gènes et un nouveau pilier a récemment vu le jour : l'épigénétique de l'ARN. Dans le cadre de notre projet, nous avons démontré un nouveau mode de régulation du virus SARS-CoV-2 par l'épigénétique de l'ARN. Nous avons ainsi observé que le génome à ARN du virus est décoré par des modifications épigénétiques, ce qui favorise sa réplication et la mort de cellules du poumon infectées par SARS-CoV-2. Des études sont en cours afin de valider ces résultats dans un modèle in vivo et d'établir leur impact chez des patients infectés par le virus. À terme, nos découvertes devraient permettre d'identifier de nouvelles cibles en vue de concevoir de nouvelles approches de thérapie antivirale contre le SARS-CoV-2 basées sur l'épigénétique de l'ARN.

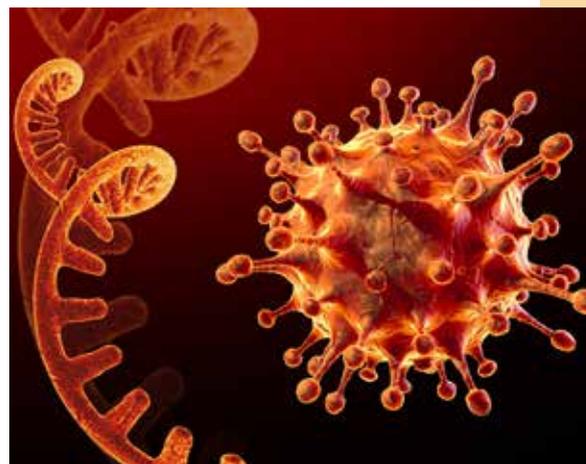
« **Role of RNA Epigenetics in SARS-CoV-2 infection: towards innovative RNA-based therapy** »



François Fuks, Laboratoire d'Épigénétique du Cancer, ULB

Jana Jeschke, Laboratoire d'Épigénétique du Cancer, ULB

Lionel Malbec, Laboratoire d'Épigénétique du Cancer, ULB





Sciences humaines et sociales

La **survie** et la **réorganisation** des chaînes de valeur

Quel est l'impact de la COVID-19 et d'autres chocs économiques de grande ampleur sur la survie des chaînes de valeur nationales et mondiales ? Tel est le thème de notre recherche qui exploite, entre autres, des données détaillées sur les entreprises et les réseaux d'entreprises en Belgique. Dans un premier temps, nous avons étudié l'impact des faillites et comment fournisseurs et acheteurs se réorganisent lorsqu'ils perdent des partenaires commerciaux importants. Nous avons pu constater que les faillites d'entreprises déclenchent des cessations d'activité en cascade chez les fournisseurs et les clients. Cette corrélation est également plus grande lorsque l'économie est au ralenti. Dans un second temps, nous observons les conséquences des chocs non linéaires importants. Par exemple, celles de la COVID-19 sur le chômage. Les secteurs ont été touchés très différemment, certains ont dû fermer complètement (comme l'Horeca et la culture) tandis que d'autres sont restés en activité (comme l'administration publique et l'éducation).

Heureusement, les régimes de chômage temporaire ont pu atténuer les effets les plus importants. Mais là aussi avec de grandes disparités entre les secteurs. Un manque de politiques de soutien pourrait dès lors mener à un chômage structurel

et à des frictions sur le marché du travail à moyen terme. Nous sommes également occupés à évaluer l'impact du plan de relance de 4,3 milliards d'euros proposé par l'Union européenne à la Flandre sur la production économique et l'emploi. Nous construisons des multiplicateurs sectoriels pour simuler les investissements proposés et leur impact sur l'ensemble de l'économie. À l'avenir, nous étudierons aussi la contraction des frictions dans les chaînes de valeur (mondiales).

« L'impact de la COVID-19 et des chocs économiques importants sur la survie et la réorganisation des chaînes de valeur »



Glenn Magerman, ECARES, ULB

Bram De Rock, ECARES, ULB

Mathias Dewatripont, ECARES, ULB

Sciences de la vie et de la santé

Vers la compréhension des **mécanismes pathogènes** à la base de la COVID-19

L'infection des cellules par le SARS-CoV-2 est médiée par la liaison d'une de ses protéines de surface, la protéine de pointe, au récepteur ACE2 humain. La protéine de pointe est en outre la cible principale des vaccins et des anticorps neutralisants exprimés par le système immunitaire. D'autre part, la protéine humaine ACE2 fait partie d'un système de régulation clé, notamment de la pression artérielle, qui est dérégulé sous l'action du virus. En nous basant sur des données expérimentales, épidémiologiques et cliniques, nous mettons au point des outils de modélisation visant à prédire quels nouveaux variants de la protéine de pointe accroissent le pouvoir infectieux du virus, sa transmissibilité ou sa capacité à échapper au système immunitaire, ou encore comment des médicaments potentiels peuvent restaurer le fonctionnement des mécanismes dérégulés par le virus. Ces outils seront d'une grande utilité pour la surveillance de l'évolution de la pandémie, ainsi que pour le développement de thérapies efficaces et ciblées.

« Vers la compréhension de la dérégulation du système rénine-angiotensine dans la COVID-19 : de la modélisation à la clinique et vice versa »

 **Marianne Rومان**, Directrice de recherches FNRS, Computational Biology and Bioinformatics, ULB

Fabio Taccone, Unité de Soins intensifs, Hôpital Érasme, ULB

Fabrizio Pucci, Chercheur postdoctoral FNRS, Computational Biology and Bioinformatics, ULB

Filippo Annoni, Unité de Soins intensifs, Hôpital Érasme, ULB

Sciences de la vie et de la santé

Développement de **molécules antivirales** contre le virus SARS-CoV-2

Le projet vise à développer de nouvelles molécules antivirales basées sur une analyse des relations structure-activité de molécules naturelles d'origine bactérienne. Des premiers résultats très encourageants ont été obtenus démontrant, pour certaines molécules, une activité antivirale basée sur deux mécanismes potentiels : une inactivation du virus SARS-CoV-2 et/ou une inhibition du mécanisme de fusion de ce virus avec la cellule cible. Ces molécules présentent toutefois une certaine cytotoxicité. Le travail consiste maintenant à modéliser les résultats obtenus afin de mieux comprendre les traits structuraux de ces molécules impliqués, d'une part, dans leur activité antivirale et, d'autre part, dans leur activité cytotoxique. Cette voie de recherche, très prometteuse, devrait permettre de définir la structure de la molécule présentant la plus forte activité antivirale et la plus faible toxicité et d'élaborer cette molécule par une approche de biologie synthétique.

« Étude de la relation structure-activité antiSARS-CoV-2 de variants de la surfactine et mise au point de nouvelles molécules plus actives et moins cytotoxiques »

 **Philippe Jacques**, Microbial Processes and Interactions, TERRA Teaching and Research Centre, ULiège

Laurence Lins, Maître de Recherches FNRS, Laboratoire de Biophysique moléculaire aux interfaces, ULiège

Magali Deleu, Maître de Recherches FNRS, Laboratoire de Biophysique moléculaire aux interfaces, ULiège

Mutien Garigliani, Département de Pathologie, FARAH Research Center, Faculté de Médecine vétérinaire, ULiège





Sciences humaines et sociales

Comprendre le rôle des chauves-souris et d'autres animaux dans les zoonoses

Dans le contexte de la pandémie de SARS-CoV-2, ce projet a pour objectif de comprendre comment des humains en Asie et en Occident vivent auprès d'animaux souvent impliqués dans les zoonoses, ces maladies qui franchissent la frontière des espèces et affectent les humains. Le projet comporte plusieurs volets. Il étudie, entre autres, le rôle des chauves-souris, des pangolins et des civettes dans la transmission des maladies zoonotiques mais aussi les marchés d'animaux. Cette première année a été consacrée au cas des chiroptères (ou chauves-souris). Une première conclusion est que les hominidés entretiennent des rapports de compagnonnage avec les chauves-souris depuis très longtemps. Le rôle des chauves-souris dans la crise de la COVID-19 reste obscur mais les humains devraient faire de ces animaux des alliés plutôt que des « vilains épidémiques ». Insectivores et frugivores, les chiroptères jouent un rôle clé dans la préservation de la biodiversité, et donc dans la réduction des zoonoses, d'autant plus qu'ils consomment un grand nombre d'insectes très dangereux pour les humains.

« Sur la piste des chauves-souris, des civettes et des pangolins. Savoirs locaux, marchés d'animaux et perceptions en Asie et Occident »

 **Frédéric Laugrand**, Laboratoire d'Anthropologie prospective, UCLouvain
 **Lionel Simon**, Laboratoire d'Anthropologie prospective, UCLouvain
Olivier Servais, Laboratoire d'Anthropologie prospective, UCLouvain
Emmanuel Luce, Département d'Anthropologie, Université Laval, membre du CIÉRA (Canada)
Guy Tremblay, anthropologue, membre du CIÉRA (Canada)

Sciences humaines et sociales

La répression des infractions COVID-19

La gestion de la COVID-19 se caractérise en Belgique par la mise en place de pouvoirs spéciaux confiés à l'exécutif. Un train important de mesures a été adopté en vue de lutter contre la pandémie, emportant des interdictions et limitations assorties de sanctions en cas de non-respect. La répression de ces nouvelles infractions présente un caractère hybride : elle est confiée tantôt aux administrations communales, à travers le mécanisme des sanctions administratives communales (SAC), tantôt au parquet, dans le cadre de transactions et de poursuites pénales (sanctions mixtes). Le projet vise à interroger les enjeux de cette nouvelle pénalité et à questionner son impact sur le respect effectif des droits fondamentaux et des garanties procédurales. Le projet présente un intérêt sociétal important vu l'actualité et l'étendue du recours aux sanctions mixtes dans le cadre de la lutte contre la propagation de la COVID-19.

« Les sanctions administratives communales dans le cadre des mesures antiCovid : administrativisation de la justice pénale et respect des droits fondamentaux »



Christine Guillain, Groupe de Recherche en matière pénale et criminelle (GREPEC), USL-B

Diletta Tatti, Groupe de Recherche en matière pénale et criminelle (GREPEC), USL-B

Alexia Jonckheere, DO Criminologie, Institut national de criminalistique et de criminologie (INCC)