

# CORD19 Publications Dashboard

Le CORD19 Publication Dashboard est un outil cartographique de visualisation géographique et temporelle de l'ensemble des publications relatives au COVID-19 développé par le Service pour la Science et la Technologie de l'Ambassade de France aux Etats-Unis en s'appuyant sur la base de données CORD-19 disponible en accès libre sur la plateforme Kaggle et mise à disposition par l'Office for Science and Technology Policy de la Maison Blanche, en collaboration le NIH et l'AAI.

Le COVID19 Publication Dashboard est constitué d'un ensemble de figures, graphes, et fenêtres cartographiques générés dynamiquement en fonction des paramètres de recherche choisis par l'utilisateur. Il est accessible [ici](#).

## Menu de filtrage :

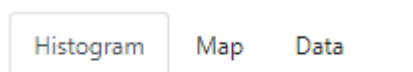


Un menu présenté en haut de l'écran permet de modifier trois paramètres de la recherche pour filtrer temporellement ou spatialement la base de donnée :

1. Le bouton « Show All/Only Post-COVID19 » permet de limiter les résultats des recherches uniquement aux articles parus après le 15 novembre 2019, et donc a priori pouvant être en lien direct avec le SARS-CoV-2 et le COVID-19, ou au contraire d'inclure toute la base de donnée, qui comprend des articles remontant aux années 60 et qui traitent de questions liées aux coronavirus.

2. La barre de sélection bleue dans la partie supérieure du menu permet de choisir une fenêtre temporelle spécifique pour opérer une recherche.
3. Le menu de sélection à droite permet de choisir le ou les pays duquel (respectivement desquels) on souhaite voir les publications, c'est-à-dire les articles impliquant au moins un scientifique affilié à un organisme de recherche de ce pays comme co-auteur.

## Onglets de navigation :



La navigation entre les différentes pages de l'application est possible sous la forme de trois onglets cliquables dont le contenu est détaillé ci-après. Ces applications présentent sous différentes formes graphiques ou tableaux les informations issues des filtres temporelles et nationaux précédemment sélectionnés par l'utilisateur.

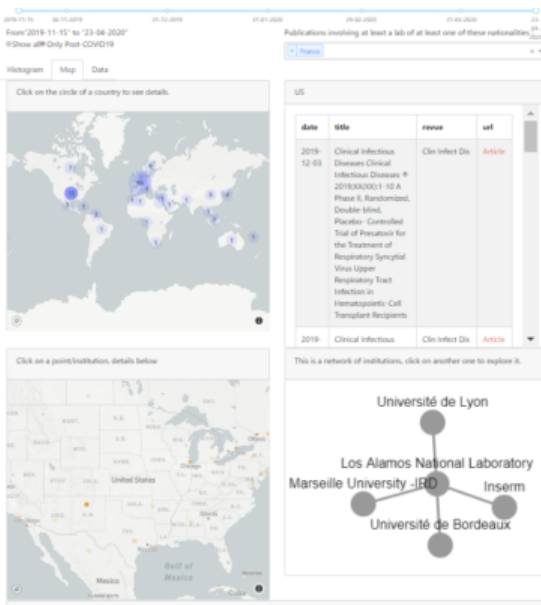
## Histogramme :



L'histogramme permet de voir la répartition temporelle des publications pour chacun des pays sélectionnés dans le menu. Un code couleur permet de différencier les pays correspondants.

Par ailleurs, la page contient un paragraphe explicatif du fonctionnement de l'application en anglais.

## Carte :



L'onglet carte permet d'explorer la répartition géographique des publications ainsi que des mettre en évidence les collaborations avec le pays sélectionné dans le menu. La carte montre les institutions à travers le monde ayant participé à des publications avec le pays sélectionné.

La première carte à apparaître à gauche permet de sélectionner le pays pour lequel on souhaite explorer l'ensemble des publications. Il est possible de zoomer et de déplacer la vue dans la fenêtre de manière à mieux voir chaque pays. Le nombre apparaissant dans le disque indique le nombre de publications dans lequel au moins un auteur (ou co-auteur) de ce pays est impliqué.

Par exemple, si l'on sélectionne la France dans le menu des pays, la base est filtrée pour que seules les publications impliquant la France apparaissent. En conséquence, sur la carte, le disque positionné sur la France indiquera le nombre de toutes les publications impliquant un auteur Français. Les disques positionnés sur les autres pays indiqueront alors uniquement le nombre de co-publications impliquant au moins un auteur français et un auteur de ce pays.

**Pour voir l'ensemble des auteurs Français, il suffira donc de cliquer sur le disque de la France.**

**En revanche pour voir les institutions américaines impliquées dans des collaborations internationales avec la France, il faudra cliquer sur le disque**

## **figurant sur le territoire correspondant aux Etats-Unis.**

Une fois un disque sélectionné, plusieurs informations apparaissent alors :

- Sur la droite de la carte générale un tableau listant l'ensemble des publications ainsi filtrées
- Une seconde carte apparaît en dessous qui détaille l'ensemble des institutions impliquées dans les travaux sélectionnés (il est possible de zoomer, ce qui est important dans les grandes villes où il peut y avoir plusieurs organismes impliqués). Il est alors possible d'avoir plus d'information sur l'une d'entre elles en cliquant dessus.

Une fois ce clic effectué sur une institution donnée, deux nouveaux éléments apparaissent :

- Sur la droite apparaît une représentation du réseau de cette institution (il ne présente que d'autres institutions collaborant avec le ou les pays sélectionnés dans le menu), ce réseau est navigable en cliquant sur les institutions présentées et les autres éléments du Dashboard seront dynamiquement mis à jour pour correspondre. En faisant un "cliquer/déposer" sur un noeud de ce réseau, il est possible de modifier sa configuration pour voir apparaître les noms des noeuds plus clairement.
- En dessous apparaît le détail des co-publications entre cette institution et des chercheurs du pays sélectionné initialement. Cette section présente alors, sous la carte, les articles avec leurs titres, auteurs, date de publication, revue, résumé et lien vers la publication.

A SARS-CoV-2-Human Protein-Protein Interaction Map Reveals Drug Targets and Potential Drug-Repurposing Abbreviations: HC-PPi: High confidence protein-protein interactions PPi: protein-protein interaction AP-MS: affinity purification-mass spectrometry

[Link to the article](#)

**Publication date :**

2020-03-22

**Journal :**

bioRxiv

**Authors :**

**Quantitative Biosciences Institute (QBI):**

David Gordon, Gwendolyn Jang, Mehdi Bouhaddou, Jianwei Xu, Kirsten Obenauer, Jeffrey Guo, Danielle Swaney, Tia Lummuto, Ruth Huettnerlein, Robyn Kasko, Alicia Richards, Benil Tutuncuoğlu, Helene Foussard, Jyoti Batra, Kelsey Haas, Maya Modak, Minhyu Kim, Benjamin Polacco, Hannes Braberg, Jacqueline Fabius, Manon Eckhardt, Margaret Soucherey, Melanie Bernmet, Merve Cakir, Michael Mcgregor, Zun Zai, Chi Niang, Yuan Zhou, Shiming Peng, Ilsa Kirby, Christopher Mathy, Tina Perica, Kala Pilla, Sai Ganeshan, Daniel Saltzberg, Rakesh Ramachandran, Xi Liu, Kliment Verba, Jack Taunton, James Fraser, John Gross, Andriy Salii, Tarja Kortemaa, Brian Shoichet, Navan Krogan,

**University of Michigan:**

Matthew D'Sapota, mwana,

**University of California, San Francisco:**

James Melnyk, John Chorba, Kevin Lou, Shizhong Dai, Wenzhi Shen, Ziyang Zhang, Inigo Barrio-Hernandez, Phillip Sharp, Chen Rosenberg, Davide Ruggiero, Natalia Jura, Mark Von Zastrow, Danica Fujimori, Kevan Shokat,

**Wellcome Genome Campus:**

Danesh Memon, Claudia Hernandez-Armenta, Pedro Beltrao,

**University of California:**

Sara Rosenthal, Stephanie Wankowicz, Mericus Bohm, Alan Ashworth, Matt Jacobson, Inry Ideker, Charles Craik, Stephen Floor,

**Institut Pasteur:**

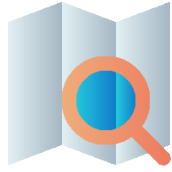
Ferdinand Reusch, Thomas Wallet, Björn Meyer, Marco Vignuzzi, Christophe D'Sapota, et al.

An outbreak of the novel coronavirus SARS-CoV-2, the causative agent of COVID-19 respiratory disease, has infected over 250,000 people since the end of 2019, killed over 12,000, and caused worldwide social and economic disruption 1,2 . There are currently no antiviral drugs with proven efficacy nor are there vaccines for its prevention. Unfortunately, the scientific community has little knowledge of the molecular details of SARS-CoV-2 infection. To illuminate this, we cloned, tagged and expressed 26 of the 29 viral proteins in human cells and identified the human proteins physically associated with each using affinity-purification mass spectrometry (AP-MS), which identified 332 high confidence SARS-CoV-2-human protein-protein interactions (PPi). Among these, we identify 67 druggable human proteins or host factors targeted by 69 existing FDA-approved drugs, drugs in clinical trials and/or preclinical compounds, that we are currently evaluating for efficacy in live SARS-CoV-2 infection assays. The identification of host dependency factors mediating virus infection may provide key insights into effective molecular targets for developing broadly acting antiviral therapeutics against SARS-CoV-2 and other deadly coronavirus strains.

## Data :

date	title	review	url
2019-11-21	The dynamics and interactions of respiratory pathogen carriage among French pilgrims during the 2018 Hajj	Emerg Microbes Infect	Article
2019-11-30	REPROGRAMMED PTERIDUS BAT STEM CELLS PRESENT DISTINCT IMMUNE SIGNATURE AND ARE HIGHLY PERMISSIVE FOR 2 HENIPAVIRUSES 1 4 5 Summary sentence: Somatic reprogramming provides new bat stem cells with unique immune	bioRxiv	Article
2019-11-30	Epidemiological survey in a day care center following toddler sudden death due to human metapneumovirus infection	Archives de Pédiatrie	Article
2019-12-03	Clinical Infectious Diseases Clinical Infectious Diseases # 2019;XX(XX):1-10 A Phase I, Randomized, Double-blind, Placebo- Controlled Trial of Prevacid for the Treatment of Respiratory Syncytial Virus Upper Respiratory Tract Infection in Hematopoietic-Cell Transplant Recipients	Clin Infect Dis	Article
2019-12-03	Clinical Infectious Diseases Clinical Infectious Diseases # 2019;XX(XX):1-9 A Phase 2b, Randomized, Double-blind, Placebo-Controlled Multicenter Study Evaluating Antiviral Effects, Pharmacokinetics, Safety, and Tolerability of Prevacid in Hematopoietic Cell Transplant Recipients with Respiratory Syncytial Virus (RSV) Infection of the Lower Respiratory Tract	Clin Infect Dis	Article
2019-12-06	X-ray Structures of the Post-fusion 6-Helix Bundle of the Human Syncrioxin and their Functional Implications	Journal of Molecular Biology	Article

L'onglet « Data » propose une table qui résume l'ensemble des articles impliquant le pays sélectionné dans le menu avec la date, le titre, la revue et un lien vers l'article.



Accès à la carte