

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
République Algérienne Démocratique et Populaire
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique
جامعة سعيدة الدكتور مولاي الطاهر
Université de Saida-MOULAY Tahar



كلية العلوم
Faculté des Sciences
قسم البيولوجيا
Département de Biologie
N° d'Ordre

Mémoire pour l'obtention du diplôme de Master
En Biotechnologie
Spécialité : Biotechnologie Végétale
Thème

Essai d'interprétation des statistiques de diffusion du coronavirus en fonction des zones géographiques

Présenté par :

- Mr : Touam Kacem Sid Ahmed

Soutenu le : 29 JUIN 2022

Devant le jury composé de :

Présidente	Mme. Alioui Latifa	MCB Université de saïda
Encadrante	Mme. Boukabene Fouzia Kheira	MCB Université de saïda
Examineur	Mr. Ammam Abdelkader	MCA Université de saïda

Année universitaire 2021/2022

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

République Algérienne Démocratique et Populaire

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

جامعة سعيدة الدكتور مولاي الطاهر

Université de Saida-MOULAY Tahar



N° d'Ordre

كلية العلوم

Faculté des Sciences

قسم البيولوجيا

Département de Biologie

Mémoire pour l'obtention du diplôme de Master

En Biotechnologie

Spécialité : Biotechnologie Végétale

Thème

Essai d'interprétation des statistiques de diffusion du coronavirus en fonction des zones géographiques

Présenté par :

- Mr : Touam Kacem Sid Ahmed

Soutenu le : 29 JUIN 2022

Devant le jury composé de :

Présidente	Mme. Alioui Latifa	MCB Université de saïda
Encadrant	Mme. Boukabene Fouzia Kheira	MCB Université de saïda
Examineur	Mr. Ammam Abdelkader	MCA Université de saïda

Année universitaire 2021/2022

Dédicaces

Je dédie mes très chers parents qui m'ont tant soutenu tous au long de mes études par leurs sacrifices et leurs encouragements, qui ont toujours aimé me voir dans des hauts grades scientifiques. Je ne pourrai jamais assez-vous dire merci pour les conseils, le soutien et pour les prières qui m'ont accompagnés tout au long de mes études. Ce travail est le fruit de tous vos sacrifices, que mieux que des mots, ils traduisent tout l'amour que je ressens pour vous, Que Dieu vous garde longtemps près de nous.

A mes sœurs qui ne cessent pas de m'encourager.

A mes chères grands-mères et grands-pères, pour l'amour qu'ils m'apportent et leur soutien.

A tous mes amis.

A toutes ma famille.

A toute personne qui lire ce mémoire.

A tous ceux qui m'aiment et me connaissent de près ou de loin.

A tout les morts de COVID-19 au monde.

A toutes les familles qui ont souffert de cette épidémie

Remerciements

En premier lieu, je remercie Dieu le tout puissant de m'avoir donné la volonté, le courage et la patience pour réaliser ce travail.

Je tiens à remercier dans un premier temps, toute l'équipe pédagogique de l'université de Dr Moulay Tahar responsables du département de biologie.

Je remercie tout particulièrement mon encadrante de mémoire Mme Boukabene F. K. Je voudrais également lui témoigner ma gratitude pour sa patience, son suivi.

Je suis très honorés que le Dr. Alioui Latifa de ait accepté de présider notre jury.

Je remercie également Mr. Ammam Abdelkader d'avoir bien voulu me faire l'honneur d'examiner ce travail.

Et enfin, je remercie tous ceux qui ont contribué de loin ou de près à la réalisation de ce travail.

Liste des abréviations

ACE2 : Enzyme de conversion de l'angiotensine 2.

ARN :Acideribonucléique.

S :spike

COVID-19 :Corona Virus Infected Disease 19

CoV : Corona Virus

ELISA : La technique de dosage d'immuno absorption par enzyme liée (en anglais Enzyme-LinkedImmunoAssay).

hACE2 : l'enzyme de conversion de l'angiotensine humaine-2.

HCSP : haut conseil de santé public

CD4 : cluster de différenciation 4

HCoV : Corona virus humains.

ICTV : Comité international de taxonomie des virus.

IFA : Fluorescence immunitaire directe dosage.

MERS-CoV : Middle-East Respiratory Syndrome coronavirus.

OMS : Organisation mondiale de la santé.

PCR : polymerase Chain reaction.

RT-PCR : Réaction en chaîne par polymérase en temps réel.

SARS : Syndrome respiratoire aigu sévère.

SARS-CoV : Coronavirus du Syndrome Respiratoire Aigu Sévère

VOC : Les variantes préoccupantes de covid 19.

VOI : Les variantes à suivre ou variants of interest on anglais.

Western blots : méthode de référence utilisée dans la confirmation de l'infection ou infirmer le résultat, parfois faussement positif.

WHO : world health organisation

Liste des tableaux

TABLEAUN° 01 : LES DANGEREUSES MUTATIONS DE COVID-19.....	15
TABLEAU N° 02 : STATISTIQUES MONDIALES DES PAYS LES PLUS TOUCHES (13 MAI 2022) (OMS,2022)....	31
TABLEAU N°03: NOMBRE DE CAS DU COVID-19 EN ALGERIE PAR WILAYA(COVID19.CDTA.DZ) DERNIER MISE AJOUR 08-03-2021 CONSULTE05-06-2022)	39
TABLEAU N° 04 : LES STATISTIQUES DE QUELLEQUE PAYS D'ORIGINE DES VARIANTES COVID 19 ET L'ALGERIE , FRANCE (OURWOURLD IN DATA, 2022).....	48
TABLEAU N°05 : STATISTIQUES MONDIALES ET PAYS LES PLUS ADMINISTREES DE DOSES DE VACCINS.(OMS, 2022)	53
TABLEAU N° 06 :STATISTIQUES DES CONTINENTS DES PERSONNES VACCINEES CONTRE LE COVID-19, 24 MAI 2022 (OMS, 2022).....	54
TABLEAU N°07 : LES STATISTIQUES DE VACCINATION POUR QUELLE QUE PAYE D'ORIGINE DES VARIANTES COVID 19 ET L'ALGERIE , FRANCE . (OMS, 2022).....	54

Liste des figures

FIGURE 1: UNE IMAGE MICROSCOPIQUE AMELIOREE NUMERIQUEMENT MONTRE UNE INFECTION AU CORONAVIRUS EN BLEU DU PREMIER CAS DECOUVERT AUX ÉTATS-UNIS (SITE DE NATIONAL UNIS).-----	5
FIGURE 2: SCHEMA DU SARS-COV-2 (KANNAN ET AL., 2020)-----	7
FIGURE 3 :PRELEVEMENT NASOPHARYNGE DANS LA PARTIE HAUTE DU NEZ A L'AIDE D'UN LONG COTON-TIGE (JEAN-LUC ET AL, 2020) -----	10
FIGURE 4: CARTE DES SEQUENCES DU SARS-COV-2 QUI SONT LA VARIANTE (DELTA), 11 MAI 2022(OURWOURLD IN DATA, 2022) -----	19
FIGURE 5 : CARTE DES SEQUENCES DU COVID-19 QUI SONT LA VARIANTE (OMICRON) 11 MAI 2022. (OURWOURLD IN DATA, 2022)-----	21
FIGURE 6:ARBRE DE VRAISEMBLANCE MAXIMALE DES 1424 GENOMES DU SRAS-COV-2 SIGNALES AU PEROU JUIN 2021, EN METTANT EN EVIDENCE LES VARIANTES ALPHA (N = 5), GAMMA (N = 26) ET LAMBDA (N = 239).-----	26
FIGURE 7: FREQUENCES RELATIVES DES LIGNEES PREDOMINANTES DE SRAS-COV-2 EN ARGENTINE, AU CHILI, ET AU PEROU DE NOVEMBRE 2020 A MAI 2021. -----	28
FIGURE 8: CAS CONFIRMES QUOTIDIENS DE COVID-19 ET DECES PAR MILLION DE PERSONNES (OUR WOURLD IN DATA ,2022)-----	34
FIGURE 9: CAS CONFIRMES DU CORONAVIRUS EN ALGERIE (COVID19.CDTA.DZ) -----	42
FIGURE 10 : CAS CONFIRMES CUMULES DE COVID-19 PAR MILLION PERSONNE DES PAYS PLUS TOUCHES.(13 MAI 2022)(OURWOURLD IN DATA, 2022)-----	48
FIGURE 11 : CAS CONFIRMES CUMULS DE COVID-19 POUR LES CONTINENTS (LINEAIRE) (OURWOURLD IN DATA, 2022)-----	48
FIGURE 13: CAS CUMULATIF DE COVID 19 PAR PAYS -----	50
FIGURE 14: CARTE DE L'ECLOSION DE CORONAVIRUS AU 1ER FEVRIER 2020 (OURWOURLD IN DATA, 2022)-----	50
FIGURE 15: CARTE DES DECES DE COVID 19 PAR PAYS -----	51

FIGURE 16: CARTE DE PERSONNE AYANT COMPLETE LE PROTOCOLE INITIAL DE VACCINATION CONTRE LA COVID – 19 AU MONDE 11 MAI 2022 (OURWORLD IN DATA, 2022).	52
FIGURE 17: CARTE DE PERSONNE AYANT REÇU AU MOIN UNE DOSE DE VACCINATION CONTRE LA COVID – 19 AU MONDE 11 MAI 2022 (OURWORLD IN DATA, 2022)	52
FIGURE 18: CARTE DE CUMULATIVE COVID – 19 TESTS AU MONDE . 11 MAI 2022 (OURWORLD IN DATA, 2022).	53
FIGURE 19:TRANSPORT AERIEN, NOMBRE DE VOLS DE TRANSPORTEURS ENREGISTRES DANS LE MONDE	58
FIGURE 20: TRANSPORT AERIEN, FRET (MILLIONS DE TONNES - KM)	58
FIGURE 21:TRANSPORT AERIEN, PASSAGERS TRANSPORTES	59
FIGURE 22:TRANSPORT DANS LES PORTS DE CONTENEURS (UNITES EQUIVALANT A 20 PIEDS)	59
FIGURE 23: INDICE DE COUPLAGE ENTRE LES PORTS D’ÉTAT ET LES PORTS DU MONDE (VALEUR MAXIMALE EN 2004 = 100)	60

Résumé

Cette étude vise à retracer l'essai d'interprétation de la maladie respiratoire infectieuse du coronavirus en zones géographiques d'Algérie et dans le monde, ainsi qu'à étudier les caractéristiques de son évolution. Cette étude s'appuie sur les statistiques d'organismes fiables tels que l'Organisation mondiale de la santé et un certain nombre de recherches chinoises en tant que virus en amont chinois.

D'après l'étude, nous avons noté que le développement du sars-cov-2 en Algérie était faible par rapport aux pays étrangers et occidentaux. Cela est dû à un certain nombre de raisons, dont la plus importante est l'obligation religieuse imposée aux musulmans d'une hygiène adéquate, qui est une exigence pour la prévention du COVID-19. Néanmoins, pendant la pandémie, le virus a connu une large propagation au début et pendant certaines périodes, en raison d'un manque de sensibilisation ou de la nature des mutants.

Mots clés : l'essai d'interprétation de la maladie respiratoire, zones géographiques, COVID-19, recherches chinoises, l'Organisation mondiale de la santé, le virus, la nature des mutants.

Abstract

The purpose of this study is to trace the interpretive trial of infectious coronavirus respiratory disease in geographical areas of Algeria and around the world, as well as to study the characteristics of its evolution. This study is based on statistics from reliable organizations such as the World Health Organization and a number of Chinese research as an upstream Chinese virus. According to the study, we noted that the development of sars-cov-2 in Algeria was weak compared to foreign and western countries. This is due to a number of reasons, the most important of which is the religious obligation imposed on Muslims of adequate hygiene, which is a requirement for the prevention of COVID-19. Nevertheless, during the pandemic, the virus spread widely at the beginning and during certain periods, due to a lack of awareness or the nature of the mutants..

Keywords: the respiratory disease interpretation essay, geographies, COVID-19, Chinese research, the World Health Organization, the virus, the nature of mutants.

ملخص

الغرض من هذه الدراسة هو محاولة تفسير المرض التنفسي المعدى لفيروس كورونا في المناطق الجغرافية الجزائرية وحول العالم، وكذلك دراسة خصائص تطوره.

تستند هذه الدراسة إلى إحصاءات منظمات موثوقة مثل منظمة الصحة العالمية وعدد من الأبحاث الصينية كونه فيروس صيني المنبع. وبحسب الدراسة، لاحظنا أن تطور سارس كوف 2 في الجزائر كان ضعيفاً مقارنة بالدول الأجنبية والغربية. ويرجع ذلك إلى عدد من الأسباب، أهمها الالتزام الديني المفروض على المسلمين بالنظافة الصحية الكافية، وهو شرط للوقاية من COVID-19. ومع ذلك، خلال الجائحة، انتشر الفيروس على نطاق واسع في البداية وخلال فترات معينة، بسبب نقص الوعي أو طبيعة الطفرات.

الكلمات المفتاحية: مرض تنفسي معدى ، فيروس كورونا ، إحصاءات ، محاولة تفسير ، المناطق الجغرافية.

Table des matières

Dedicaces	I
Remerciements	II
Liste Des Abreviations	iii
Liste Des Tableaux	V
Liste Des Figures	VI
Resume	VIII
Abstract	IX
ملخص	VIII
Table Des Matieres	VIII
Partie I: Introduction	1
Partie II :Generalites Sur Le Covid-19	4
1. LES VIRUS :	5
2. LES CORONAVIRUS :	5
3. LA COVID-19	7
3.1. Caracteristiques	7
3.2. Les personnes plus à risque de Covid-19	8
3.3. Virologie-Pathogenèse	8
3.4. Manifestations cliniques	9
3.5. Diagnostic de la maladie	10
3.6. Traitements proposés	11
3.7. Développement du vaccin COVID-19	11
4. GÉRER LA COVID-19 :	12
4.1. Les mesures de santé individuelles et sociales	12
4.2. Les mesures barrières	12
4.3. Les mesures de distanciation physique	13
4.4. Le Confinement	13
5. LES MUTANTS DE CORONAVIRUS :	14
5.1. Alpha coronavirus (B.1.1.7)	14
5.2 Bêta coronavirus (B.1.351 ou 20H/501Y.V2)	16
5.3 Gamma coronavirus (P.1 ou B.1.1.28.1)	17
5.4 Delta coronavirus (B.1.617.2)	18
5.5 Omicron (B.1.1.529)	19
5.6 Eta coronavirus (B.1.525)	21

5.7 Iota coronavirus (B.1.526)-----	22
5.8 CAPA coronavirus (B.1.617.1)-----	23
5.9 Lambda coronavirus (C.37)-----	24
5.10. Mu coronavirus (B.1.621)-----	27
Partie III :pandemie de covid-19-----	29
1. PANDEMIE DU COVID-19 DANS LE MONDE -----	30
2. PANDEMIE EN CHINE-----	31
3. PROPAGATION DE LA PANDEMIE AUX PAYS VOISINS -----	34
4. PREMIER CAS DE TRANSMISSION LOCALE EUROPEENNE (ALLEMAGNE)-----	35
5. L'ITALIE L'IMPORTANTE ZONE EPIDEMIQUE EN EUROPE -----	35
6. L'EPIDEMIE EN ESPAGNE -----	36
7. EN FRANCE -----	37
8. LES ETATS-UNIS -----	37
9. PANDEMIE DU COVID -19 EN ALGERIE-----	38
9.1. Localisation des cas du Covid-19 -----	38
9.2 Chronologie du covid-19 par mois à partir de février-----	42
Partie IV :interpretation des donnees statistiques recoltes.-----	45
1. PALMARES DES MEILLEURS SYSTEMES DE SANTE EN EUROPE -----	56
2. PERFORMANCE DES MEILLEURS SYSTEMES DE SANTE DANS LE MONDE -----	56
TRANSPORT AERIEN, NOMBRE DE VOLS DE TRANSPORTEURS ENREGISTRES DANS LE MONDE -----	57
4. TRANSPORT AERIEN, FRET (MILLIONS DE TONNES - KM)-----	58
5. TRANSPORT AERIEN, PASSAGERS TRANSPORTES -----	58
6. TRANSPORT DANS LES PORTS DE CONTENEURS (UNITES EQUIVALANT A 20 PIEDS)-----	59
7. INDICE DE COUPLAGE ENTRE LES PORTS D'ÉTAT ET LES PORTS DU MONDE (VALEUR MAXIMALE EN 2004 = 100)	
-----	60
Partie V :conclusion et perspectives -----	61
Partie VI. References bibliographiques-----	65

Partie I

Introduction

Les virus ne sont pas des êtres figés. Ils évoluent continuellement et rapidement. Cette évolution les rend particulièrement difficiles à contrôler du fait des mutations adaptatives. Mais elle permet aussi de suivre leur propagation à la trace dans leur génome par le biais de la phylodynamique. D'où l'intérêt à combiner microbiologie, évolution et épidémiologie. Les coronavirus forment un grand groupe infectant les mammifères et les oiseaux ; cinq d'entre eux infectent l'homme : HCoV 229E et OC43, connus depuis les années 1960, SARS-CoV identifié en mars 2003 lors de l'épidémie de syndrome de détresse respiratoire aigu sévère, NL63 et HKU1, identifiés respectivement en 2004 et 2005. Ce sont des virus enveloppés dont le génome est une molécule d'ARN de polarité positive de très grande taille. Leur mode évolutif fait intervenir plusieurs paramètres : la génération de nombreux mutants lors de la réplication, responsable d'une distribution en quasi-espèces de la population virale, la capacité à établir des infections persistantes, la possibilité de délétions importantes, la grande flexibilité du génome due à un fort taux de recombinaisons homologues et hétérologues, la capacité à franchir les barrières d'espèces et à s'adapter au nouvel environnement. Les coronavirus (hors SARS-CoV) sont ubiquitaires et circulent sous forme épidémique. Les différents HCoV circulent avec une distribution entre les types qui est variable selon les années et les régions géographiques. (Vabret et al, 2008 ; Suttle, 2005).

Dès le 31 décembre 2019, le bureau de l'OMS en Chine a été informé de cas de pneumonie d'origine inconnue, détectés dans la ville de Wuhan, province du Hubei. Un nouveau coronavirus, « SARS-CoV-2 », responsable de cette maladie respiratoire, a été identifié le 7 janvier 2020. La maladie a été dénommée Covid-19 le 11 février 2020 par l'OMS. Elle s'est rapidement propagée, d'abord dans toute la Chine, puis à l'étranger provoquant une épidémie. (<https://www.who.int>)

Cette épidémie n'a cessé de prendre de l'ampleur, avec un nombre de personnes atteintes en constante augmentation, la plupart des cas étant associés à des voyages en provenance de Chine. Le 30 janvier 2020 et sur recommandation de l'OMS, par le biais de son Directeur Général, a déclaré

l'épidémie de coronavirus COVID-19 comme étant une « Urgence de Santé Publique de portée internationale ».(<https://www.who.int>)

La propagation de cette pandémie est tel un feu de forêt, et le nombre de cas positifs a rapidement dépassé les 3,685.129 dans 187 pays/régions. Selon l'OMS statistiques, il y a 500,878,952 (13 avril 2022) cas confirmés et 6 185 040 Décès dans le Monde entier en raison de la forte capacité de transmission SARS-CoV-2. Par conséquent, pour caractériser l'infection aiguë chez l'homme. A la suite du SRAS-CoV-2, les scientifiques et les gouvernements ont pris d'urgence des mesures décisives pour surveiller sa flambée et recherche étiologique. Depuis le rapport initial de la Chine, la maladie s'est propagée rapidement, et le nombre de cas a augmenté de façon exponentielle.(WHO,2022).

L'Algérie n'a pas échappée de ce virus rapidement transmissible. La pandémie s'y propage à partir du 25 février 2020 lorsqu'un ressortissant italien est testé positif au SARSCoV-2 alors que le premier foyer détecté et qui a fait propager le virus se trouvait dans la wilaya de Blida le 1er mars 2020. Depuis, l'Algérie enregistre une évolution constamment progressive de la pandémie où le nombre de cas confirmés a atteint 265 814 et le nombre de décès est de 6 875 au 13Mai 2022. Ce qui prouve que des petites variations du génome sont apparus au fur et à mesure que le virus s'est multiplié. La diversité génétique des formes de l'infection et le pouvoir mutationnel du SRAS-CoV-2 ont rendu difficile de découvrir ou mettre en place un vaccin spécifique pour la lutte contre cette épidémie.(<https://fr.wikipedia.org>)

En vertu du Règlement Sanitaire International (RSI), (2005), l'OMS recommande aux Etats Membres d'intensifier les efforts de préparation à la riposte à ce nouveau virus, y compris le renforcement de la surveillance, de la détection précoce et de la prévention de la propagation de l'infection. Dans ce cadre, le Ministère de la Santé, de la population et de Réforme Hospitalière, ont mis en place un plan national de protection pour lutter contre cette nouvelle menace. Ce dispositif s'appuie sur des mesures de sécurité élaborées par l'OMS, accompagné des ajustements nécessaires liés aux caractéristiques de ce nouvel agent. A cet effet, l'objectif de cette étude est de faire un essai d'interprétation des statistiques de diffusion du coronavirus en fonction des zones géographiques.

Partie II.

Generalites

Sur le covid-19

1. Les virus :

Les virus sont des agents infectieux qui nécessitent le plus souvent une cellule pour se multiplier. Les virus sont rarement mortels et ils sont définis par leur taille et leur biotope (chez les animaux, les végétaux y compris les algues et les champignons). Il existe deux cents espèces pathogènes pour l'homme. La majorité des maladies virales sont bénignes c'est le cas des rhinites, tandis que d'autres présentent une gravité certaine conduisant à la mort de l'hôte, c'est l'exemple des hépatites et des fièvres hémorragiques (Suttle, 2005).

2. Les coronavirus :

Le "coronavirus" tire son nom de l'apparence que lui confère la couronne (corona: couronne en latin) entourant son enveloppe qui est observable uniquement au microscope électronique. Selon l'OMS, "les coronavirus forment une vaste famille de virus qui peuvent être pathogènes chez l'homme et chez l'animal. On sait que, chez l'être humain, plusieurs coronavirus peuvent entraîner des infections respiratoires dont les manifestations vont du simple rhume à des maladies plus graves (OMS, 2020).

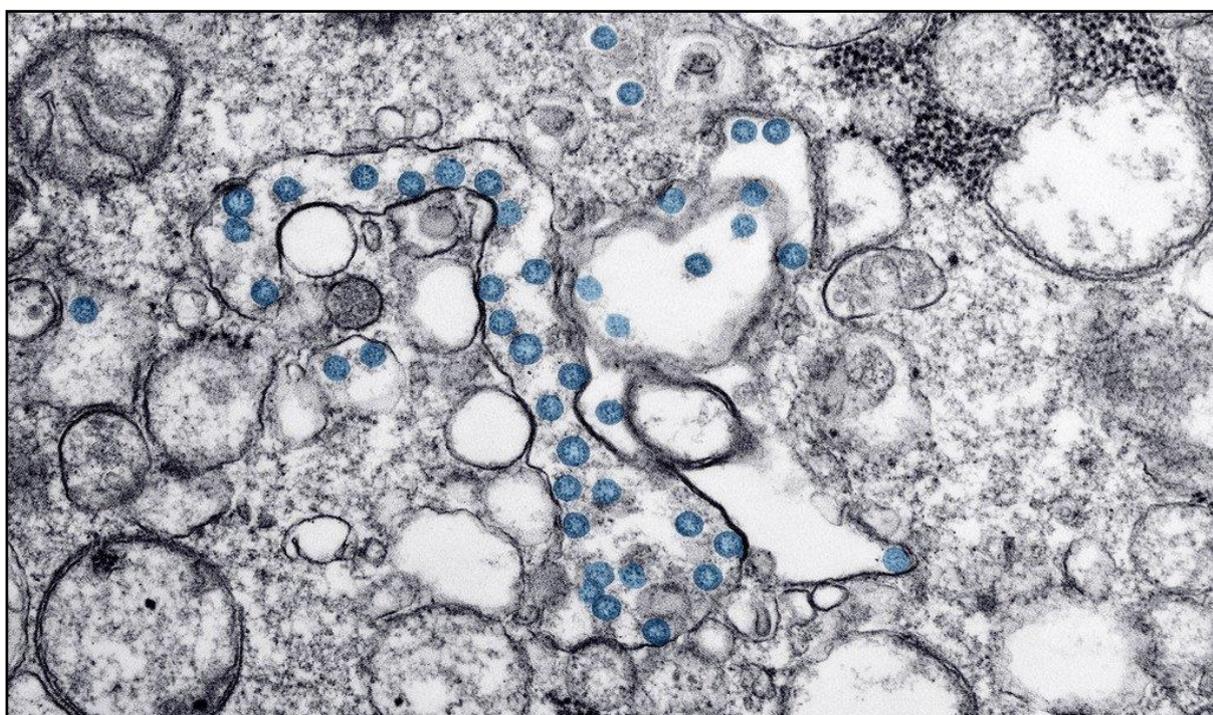


Figure 1: Une image microscopique améliorée numériquement montre une infection au coronavirus en bleu du premier cas découvert aux États-Unis (site de National Unis).

Les coronavirus (CoV) appartiennent à la famille des Coronaviridae, sous-famille des Orthocoronavirinae et ordre des Nidovirales. Le génome CoV est un ARN simple brin de 27 à 32 kb. En règle générale, les deux tiers de l'ARN génomique codent pour deux grandes poly protéines qui se chevauchent (ORF1a et ORF1b) et qui sont transformées en virus polymérase avec d'autres protéines non structurales impliquées dans la synthèse d'ARN et la modulation de la réponse de l'hôte. L'autre tiers du génome code pour quatre protéines structurales (pointe (S), enveloppe (E), membrane (M), et nucléocapside (N)) et d'autres protéines accessoires. Alors que l'ORF1a / ORF1b et les quatre protéines structurelles sont relativement cohérentes, la longueur du génome CoV dépend en grande partie du nombre et la taille des protéines accessoires (Fan et al., 2019).

Tout cela pour expliquer que la taxonomie CoV est en constante évolution. Selon la dernière classification du Comité International de Taxonomie des Virus (ICTV), il existe quatre genres du CoV : le genre Alpha coronavirus, le genre Beta coronavirus, le genre Gamma coronavirus et le genre Delta coronavirus constitués de trente-huit espèces uniques dans la sous-famille (Fan et al., 2019). Le nombre d'espèces continuera d'augmenter, car il existe encore de nombreux CoV non classés (Ge et al, 2016 ; Wu et al, 2016).

Le coronavirus peut infecter les humains et de nombreuses espèces animales différentes, notamment les bovins, les chevaux, les chameaux, les chats, les chiens, les rongeurs, les oiseaux, les chauves-souris, les lapins, les furets, les visons, les serpents et d'autres animaux sauvages (Ge et al, 2016 ; Zaki et al, 2012).

Le SRAS-CoV et le MERS-CoV appartiennent au genre Beta coronavirus et sont des agents pathogènes zoonotiques qui peuvent provoquer des maladies respiratoires graves chez l'homme (Ge et al., 2016). Les virus et les maladies qu'ils provoquent portent souvent des noms différents, c'est le cas de la grippe dont le virus responsable est l'influenza (Suttle, 2005). Concernant l'épidémie actuelle, la pathologie se nomme maladie à coronavirus 2019 ou COVID-19, « CO »

pour corona, « VI » pour virus, « D » pour disease (maladie en anglais) et 19 pour l'année de son apparition (2019) (OMS, 2020).

3. La COVID-19

La COVID-19 est une maladie causée par le virus SARS-CoV-2 qui infecte préférentiellement les cellules exprimant l'enzyme de conversion de l'angiotensine 2 (ACE 2, en anglais) à leur surface (Letko et al., 2020 ; Zhou et al., 2020). Ces cellules sont majoritairement présentes dans le tractus respiratoire, mais également au niveau du tube digestif, des reins et du cœur (Zou et al., 2020 ; Li et al., 2003). Une fois le virus entré à l'intérieur de la cellule, la machinerie cellulaire et le matériel protéique et génomique sont détournés en faveur de la production de protéines virales puis de la réplication de l'ARN, qui sont nécessaires à la fabrication de nouvelles copies du virus (Fehr et Perlman, 2015).

3.1. Caractéristiques

Le nouveau coronavirus 2019 (2019-nCoV), officiellement nommé le Syndrome Respiratoire Aigu Sévère Corona Virus-2 (SARS-CoV-2) par la ICTV, appartient au genre Beta coronavirus. Ce virus possède une enveloppe, de forme ronde ou elliptique et souvent pléomorphe, avec un diamètre de 60 à 140 nm. Les pléomorphes sont des particules sphériques de 150 à 160 nm, associé à un ARN monocaténaire positif non segmentée, a des nucléoprotéine, capsid, matrice et protéines S (figure 2) (Kannan et al., 2020).

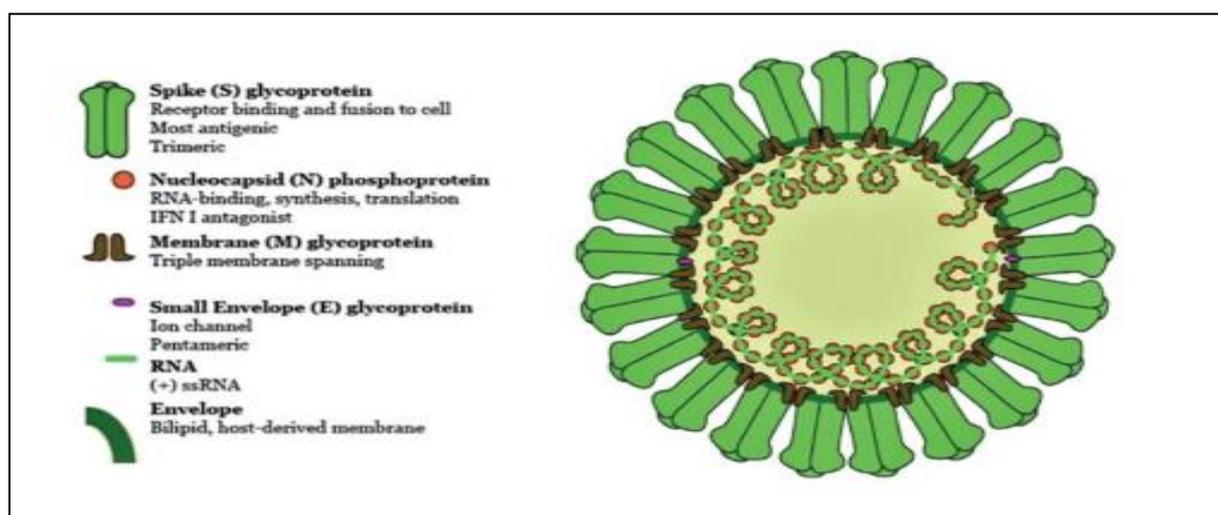


Figure 2: Schéma du SARS-CoV-2 (Kannan et al., 2020)

Ce virus diffère génétiquement de ceux du SARS-CoV et du MERS-CoV. Les études actuelles ont montré que l'homologie entre le 2019-nCoV et le coronavirus de type chauvesouris SRAS (bat-SL-CoVZC45) est supérieure à 85% (Editorial board, 2020).

3.2. Les personnes plus à risque de Covid-19

Selon le Haut Conseil de Santé Publique (HCSP), les patients à risque de formes sévères sont:

- Les personnes âgées de 65 ans et plus.
- Les patients aux antécédents cardiovasculaires : hypertension artérielle compliquée, antécédents d'accident vasculaire cérébral ou de coronaropathie, chirurgie cardiaque, insuffisance cardiaque.
- Les diabétiques insulino-dépendants non équilibrés ou présentant des complications secondaires à leur pathologie.
- Les personnes présentant une pathologie chronique respiratoire susceptible de décompenser lors d'une infection virale.
- Les patients présentant une insuffisance rénale chronique dialysée.
- Les malades atteints de cancer sous traitement.
- Les personnes avec une immunodépression congénitale ou acquise : Médicamenteuse (chimiothérapie anticancéreuse, immunosuppresseur, biothérapie et/ou une corticothérapie à dose immunosuppressive), infection à VIH non contrôlé ou avec des CD4 <200/mm³, consécutive à une greffe d'organe solide ou de cellules souches hématopoïétiques, liée à une hémopathie maligne en cours de traitement.
- Les malades atteints de cirrhose au stade B ou C de la classification de Child-Pugh.
- Les personnes présentant une obésité (indice de masse corporelle > 30 kg/m²) (Valentine Poignon, 2020).

3.3. Virologie-Pathogénèse

La première étape de l'infection virale est l'interaction des cellules humaines sensibles avec la protéine Spike. Le codage du génome se produit après l'entrée dans la cellule et facilite l'expression des gènes, qui codent pour

des protéines accessoires utiles et qui font progresser l'adaptation des CoV à leur hôte humain (Lambeir et al, 2003). Une fois dans la cellule, l'ARN viral se manifeste dans le cytoplasme. L'ARN génomique est encapsulé et code pour divers polypeptides structuraux et non structuraux qui sont divisés par des protéases (Lambeir et al., 2003 ; Sahin et al., 2020).

Le complexe résultant stimule (-) la production d'ARN par la réplication et transcription. Pendant la réplication, des copies d'ARN complètes (-) du génome sont produites et utilisées comme modèle pour génomes d'ARN pleine longueur (+) (Luk et al, 2019 ; Sahin et al., 2020). Pendant la transcription, un sous-ensemble de 7 à 9 ARN sousgénomiques, y compris ceux codant pour toutes les protéines structurales, sont produites par transcription discontinue. Les nucléocapsides virales sont combinées à partir des ARN génomiques et protéine R dans le cytoplasme puis bourgeonnés dans la lumière du réticulum endoplasmique. Les virions sont ensuite libérés de la cellule infectée par exocytose. Les virus libérés peuvent infecter les cellules rénales, hépatiques, les intestins et les lymphocytes T, ainsi que les voies respiratoires inférieures, où ils forment les principaux symptômes et signes (Lambeir et al., 2003).

Les lymphocytes T sont également une cible pour ce virus. La réponse antivirale des lymphocytes T vis-à-vis de l'agent infectieux devient irrégulière en raison de la stimulation de l'apoptose des lymphocytes T, provoquant ainsi un effondrement du système immunitaire (Chu et al., 2014 ; Zhou et al., 2014).

3.4. Manifestations cliniques

Sur la base des enquêtes épidémiologiques actuelles, la période d'incubation de SARSCoV-2 est généralement entre 3 et 7 jours, parfois de 1 et 14 jours. La transmission interhumaine, c'est-à-dire de personne à personne, a rapidement été confirmée. La maladie se transmet par les voies respiratoires et plus précisément par les postillons (éternuements, toux) (elsevier, 2020). La fièvre, la fatigue et la toux sèche sont considérées comme les principales manifestations cliniques de la maladie. Les symptômes tels que nez bouché, nez qui coule, pharyngalgie, myalgie et diarrhée sont relativement moins courants. Dans les cas graves, la dyspnée et / ou l'hypoxémie surviennent généralement après une

semaine d'apparition de la maladie, qui peut rapidement évoluer vers un syndrome de détresse respiratoire aiguë, un choc septique, une acidose métabolique difficile à corriger, une hémorragie et un dysfonctionnement de la coagulation, une défaillance de plusieurs organes (elsevier , 2020).

Les personnes âgées et les personnes atteintes de maladies sous-jacentes chroniques ont généralement un mauvais pronostic tandis que les cas présentant des symptômes relativement bénins sont fréquents chez les enfants (Editorial board, 2020).

3.5. Diagnostic de la maladie

Pour détecter ce nouveau coronavirus, les approches moléculaires sont la première ligne de méthodes pour confirmer les cas suspects. Le test d'acide nucléique est la principale technique de diagnostic en laboratoire. D'autres méthodes telles que l'antigène viral ou les tests sérologiques d'anticorps sont également des tests précieux avec un court délai d'exécution pour la détection d'une nouvelle infection à coronavirus (Meyer et al., 2014 ; Chen et al., 2015). En cas de suspicion d'infection au coronavirus, un test diagnostique du coronavirus est réalisé dans un hôpital ou un laboratoire d'analyse. Il consiste en un prélèvement nasopharyngé dans la partie haute du nez à l'aide d'un long coton-tige (Figure.3). Les sécrétions nasales, le sang, les expectorations et le lavage broncho-alvéolaire prélevés chez les patients suspects sont utilisés comme échantillons cliniques.

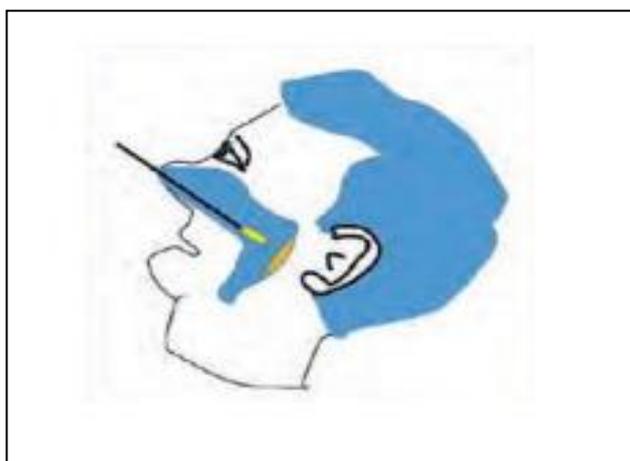


Figure 3 :Prélèvement nasopharyngé dans la partie haute du nez à l'aide d'un long coton-tige (Jean-luc et al, 2020)

Les échantillons sont soumis à des tests sérologiques et moléculaires spécifiques au SARS-CoV-2 pour un diagnostic en laboratoire. Les tests sérologiques utilisent un dosage immuno-enzymatique (ELISA) ou Western blots qui détecte des protéines SARS-CoV-2 spécifiques. Les approches moléculaires sont basées sur la PCR en temps réel (RT-PCR) ou l'hybridation Northern blot ciblant des gènes SARS-CoV-2 spécifiques. Les antigènes viraux présents dans les échantillons cliniques sont détectés en utilisant le dosage immuno-fluorescent direct (IFA) (Kannan et al., 2020).

3.6. Traitements proposés

Pendant l'épidémie de COVID-19, certains médicaments antiviraux potentiels sont administrés en urgence aux patients atteints de COVID-19 (Ahn et al., 2020). Parmi ces médicaments : le Chloroquine, la Dexaméthasone, les Analogues de nucléosides, le Favipiravir, le Remdesivir.

3.7. Développement du vaccin COVID-19

Les vaccins sont la stratégie la plus efficace pour prévenir les maladies infectieuses car ils sont plus rentables que le traitement et réduisent la morbidité et la mortalité sans effets durables (Zhang et al., 2019 ; Andre, 2001). Les vaccins préventifs et thérapeutiques seront d'une valeur fondamentale en tant que moyen le plus évident de préserver la santé mondiale (Pronker et al., 2013). Au cours des deux dernières décennies, trois coronavirus humains (SARS-CoV, MERS-CoV et SARS-CoV-2) ont fait leur apparition dans le monde, entraînant une menace considérable pour la santé mondiale (Guarner, 2020).

Cependant, il n'existe toujours pas de vaccin approuvé contre les coronavirus humains. Des groupes de recherche du monde entier accélèrent le développement de vaccins COVID-19 en utilisant différentes approches. Des mécanismes de reconnaissance précis entre les protéines de surface du virus et les récepteurs de l'hôte sont importants pour comprendre la transmission entre espèces et le tropisme de l'hôte. La protéine spike (S) des coronavirus est une cible importante pour le développement de vaccins car elle assure la médiation

du mécanisme d'infection par la liaison aux récepteurs des cellules hôtes, cette protéine reconnaît divers hôtes (Du et al., 2009 ; Li, 2016).

Pour mettre au point un vaccin, il faut reproduire ces protéines S seules, dans une version non pathogène. Une fois injectées, ces protéines seront identifiées par le système immunitaire comme un corps étranger contre lequel il faut développer des anticorps spécifiques. De sorte que si une infection réelle survient, l'immunité disposera déjà de ces anticorps adaptés, capables d'éliminer les virions dès qu'ils entrent en contact avec l'organisme (Ahn et al., 2020).

4. GÉRER La COVID-19 :

4.1. Les mesures de santé individuelles et sociales

La Covid 19 est dangereux vue qu'il est très contagieux (chaque personne infectée va contaminer au moins 3 personnes en l'absence de mesures de protection) et une personne contaminée mais qui ne ressent pas encore de symptômes peut contaminer d'autres personnes. Pour se prémunir d'une contamination, l'OMS insiste sur l'importance des mesures barrières et les mesures de distanciation physique (OMS,2020).

4.2. Les mesures barrières

L'OMS recommande de se couvrir la bouche et le nez avec le pli du coude ou avec un mouchoir en cas de toux ou d'éternuement, et jeter le mouchoir immédiatement après l'utilisation. Elle conseille également de se laver fréquemment les mains avec une solution hydroalcoolique ou à l'eau et au savon, d'éviter les contacts proches, et maintenir une distance d'au moins 1 mètre avec les autres personnes (en particulier si elles toussent, éternuent ou ont de la fièvre, afin d'éviter d'inhaler le virus) et éviter de se toucher les yeux, le nez et la bouche. Les mains sont en contact avec de nombreuses surfaces qui peuvent être contaminées par le virus (le fait de toucher les yeux, le nez ou la bouche augmente le risque d'être en contact avec le virus présent sur ces surfaces). Le Port de masque de protection est devenu obligatoire dans la majorité des pays (OMS, 2020).

4.3. Les mesures de distanciation physique

La distanciation physique, distanciation sociale ou éloignement sanitaire est une mesure visant à éloigner les individus les uns des autres, notamment à l'extérieur. C'est l'une des mesures non pharmaceutiques de contrôle des infections prises par les responsables de la santé publique pour arrêter ou ralentir la propagation d'une maladie très contagieuse comme le cas du Covid 19. L'objectif de la distanciation sociale est de réduire la probabilité de contacts entre les personnes porteuses d'une infection et d'autres personnes non infectées, de manière à réduire la transmission de la maladie, la morbidité et la mortalité. C'est un des comportements-barrière qui participe à la réduction des risques sanitaires. L'éloignement physique est la mesure la plus efficace lorsque l'infection peut être transmise par contacts de gouttelettes (toux ou éternuements).(Sohrabi et al, 2020)

4.4. Le Confinement

Le confinement est une stratégie de réduction des risques sanitaires qui oblige, sous peine de sanctions économiques ou pénales, une population à rester dans son logement ou dans un lieu spécifique. Le confinement sanitaire est parfois utilisé en cas d'épidémie de maladie infectieuse pour limiter les contacts entre personnes et donc la propagation d'une contagion (Altena et al., 2020). Lors de la pandémie de Covid-19 de 2020, le terme est massivement employé pour désigner l'ensemble des mesures d'hygiène et de distanciation sociale, présentées comme des mesures distinctes du concept de confinement, définies au niveau international, national et local dans les différents territoires concernés par la crise sanitaire. L'objectif majeur du confinement est de préserver la capacité de prise en charge des patients par les hôpitaux en diminuant la vitesse de propagation d'un agent pathogène au sein de la population. Ces mesures permettent ainsi d'aplanir la courbe exponentielle observée au début d'une épidémie pour maintenir son évolution à un niveau absorbable par les services de santé en général et les unités de soins intensifs en particulier. Selon l'OMS, la chine a réussi à

minimiser l'épidémie Covid 19 grâce au confinement. À la fin de la période du confinement s'ouvre celle du déconfinement (Altena et al., 2020).

5. Les mutants de coronavirus :

Le coronavirus a évolué en plusieurs mutations, nous prendre les plus dangereuses mutations dans le tableau suivant :

5.1. Alpha coronavirus (B.1.1.7)

La variante B.1.1.7 (Alpha) a été présentée le 14 décembre 2020 par les autorités du Royaume-Uni (UK). (Shen et al, 2021) Le robuste caractérisation de cette variante dont la plus grande transmission, accompagnant une augmentation de l'incidence, des hospitalisations et des pression sur le système de santé.](shen et al, 2021; Rees-Spear, 2021) Rapports épidémiologiques et la modélisation suggèrent qu'il se propage 56 % plus rapidement que les autres lignées. Des études ont estimé un risque accru de 35 % (12 à 64 %) de mort associée à la variante Alpha. Cependant, il y avait aucun rapport scientifique de maladies plus graves chez les enfants et jeunes.(Altmann et al,2021; Hu et al, 2021)

TableauN° 01 : les dangereuses mutations de covid-19

Mutation	Détermination primitive	Première origine	Mutation	Gravité de l'infection	Problème possible Transmission	Efficacité de neutralisation des sérums Vaccinés
Alpha B.1.1.7	septembre 2020	Royaume Uni	7 Mutation protéique S	Augmentation	Augmentation	réduction modeste
Bêta B.1.351 60	Octobre 2020	Afrique du Sud	9 Mutation protéique S	Augmentation	Augmentation	réduction significative
Gamma B.1.1.28.1	janvier 2021	Brésil / Japon	12 Mutation protéique S	Augmentation	Augmentation	réduction significative
Delta B.1.617.2	octobre 2020	Inde	17 Mutation protéique S	Augmentation	Augmentation	réduction significative
Omicron B.1.1.529	novembre 2021	Botswana / Afrique du Sud	32 Mutation protéique S	Augmentation	Augmentation	réduction significative
Eta B.1.525	septembre 2020	Royaume Uni /Nigéria	mutation E484K / mutation F888L	Augmentation	Augmentation	réduction significative
Iota B.1.526	septembre 2020	États Unis	2 mutations Spike E484K, S477N	Augmentation	Augmentation	réduction modeste
CAPA B.1.617,	septembre 2020	Inde / sud afric et brésil	15 mutations(protéine s en inde / mutation E484K des variants sud-africains et brésiliens.)	Augmentation	Augmentation	réduction significative
Lambda C.37	septembre 2020	Argentine	5 Mutprt N / 9 Mut prt ORF1a /1 Mut prt ORF1b /1 Mut prt ORF9b / 14 Mut prt S	Augmentation	Augmentation	réduction significative
Mu B.1.621	septembre 2020	Colombie	21 Mutation protéique S	Augmentation	Augmentation	réduction modeste

Source : Les mutants de coronavirus ; les pages de 15 à 29

En comparaison avec des virus ancestraux contenant le Mutation D614G, la variante Alpha a accumulé 23 mutations. Parmi ces mutations, 14 sont non synonymes : [T1001I, A1708D et I2230T] dans le cadre de lecture ouvert ORF1ab ; [N501Y, A570D, P681H, T716I, S982A et D1118H] dans la version Stein; [Q27stop, R52I et Y73C] dans ORF8 ; et [D3L et S235F] dans la protéine de la nucléocapside (N) ; six sont synonymes : [C913T, C5986T, C14676T, C15279T et T16176C] dans ORF1ab ; et [T26801C] dans le gène M (membrane); et trois sont des suppressions : [SGF 3675-3677del] dans ORF1ab ; et [H69-V70del et Y144del] dans la protéine S(Shen et al, 2021 ; Hu et al,2021 ; Gupta et al,2021)(tableau 1).

Quarante-sept pour cent des changements signalés dans la variante Alpha se produisent dans le gène codant pour la protéine S, y compris le RBD. Ces mutations peuvent jouer un rôle dans (i) la modification de l'interaction avec l'enzyme de conversion de l'angiotensine humaine-2 (hACE2) récepteur, augmentant le taux d'infection; (ii) compromettre l'efficacité des anticorps neutralisants et des lymphocytes T spécifiques ont suscité soit lors d'une infection naturelle ou par vaccination; ou (iii) modifier sensibilité à la neutralisation par des anticorps monoclonaux ou des sérums de patients convalescents, compromettant l'efficacité du traitement. (Shen et al, 2021 ; Hu et al,2021 ; Gupta et al,2021).

Les trois mutations de la variante Alpha avec le plus potentiel important d'influencer les caractéristiques biologiques du virus sont H69-V70del, N501Y et P681H. Comment fonctionne La distribution alpha a un impact sur l'efficacité des vaccins et des traitements. Qui sont administrés à l'échelle mondiale? A ce jour, le La variante ALPHA semble avoir un impact faible ou nul sur l'efficacité du vaccin. (Mahase et al 2021 ;Shen et al, 2021 ; Hu et al,2021 ; Mallm et al,2021)

5.2 Bêta coronavirus (B.1.351 ou 20H/501Y.V2)

La variante B.1.351 (Volz et al, 2021)également connue sous le nom de 20H/501Y.V2, a été la première rapporté le 18 décembre 2020 par la République du Sud Afrique.(Hoffmann et al, 2021)La caractéristique importante de cette variante est la plus élevée Taux de transmission.(Moyo-Gwete et al,2021 ; Wang et al,2021) La variante bêta a 12 mutations non synchronisées et une délétion par

rapport à Wuhan souche de référence. Environ 77% de ces mutations sont situées dans la protéine S [L18F, D80A, D215G, LAL 242 244 del, R246I, K417N, E484K, N501Y, D614G et A701V].

Les autres se trouvent dans ORF1a [K1655N], enveloppe (E) [P71L], et N [T205I] protéines virales.(Rees-Spear et al, 2021;Wang et al, 2021; Koyama et al, 2020; Slavov et al, 2021; Zhou et al, 2021; Shen et al,2021)La plupart des mutations sont dans deux des régions les plus immun dominantes, domaines NTD et RBD. Ce problème suggère que Beta mutations de la variante pourrait échapper aux anticorps neutralisants et compromettre l'efficacité du vaccin(Rees-Spear et al, 2021;Wang et al, 2021; Koyama et al, 2020; Slavov et al, 2021; Zhou et al, 2021;Rees-Spear et al,2021; Shen et al,2021) (tableau 1).

Diverses études ont déterminé qu'une combinaison de RBD et Les mutations NTD dans la protéine Beta spike influencent considérablement l'activité de neutralisation chez les patients vaccinés. Vaccin l'efficacité est plus compromise contre la variante bêta que contre la varinat B.1.1.7.(Wang et al, 2021; Planas et al, 2021; Hoffmann et al,2021; Moyo-Gwete et al, 2021; Zhou et al,2021;Shen et al, 2021; Shinde et al, 2021; Wibmer et al, 2021; Hoffmann et al, 2021b)

5.3 Gamma coronavirus (P.1 ou B.1.1.28.1)

La variante B.1.1.28.1. (Gamma ou P.1) a d'abord été détectée par Institut national japonais des maladies infectieuses le 6 janvier, 2021 et a été isolé de quatre voyageurs qui sont arrivés dans Tokyo en provenance d'Amazonas, au Brésil, le 2 janvier 2021 à contrôle d'aéroport.(Rees-Spear et al, 2021b; Hoffmann et al, 2021; Rees-Spear et al, 2021) L'augmentation rapide du nombre de Les admissions à l'hôpital étaient un problème important avec cette variante. Cette variante contient 17 mutations non synchronisées : [L18F, T20N, P26S, D138Y, R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y, T1027I et V1176F] dans la protéine S, [S1188L, K1795Q, etE5665D] en ORF1ab, [E92K] en ORF8 et [P80K] en protéine N; 1 suppression : [SGF 3675-3677del] dans ORF1ab; et quatre synonymes Gamma est la variante du SRAS-CoV-2 qui accumule le plus grand nombre de mutations dans la protéine S (12 mutations). (Altmann et al,2021; Singh et al,2021;

Koyama et al,2020; Gupta et al,2021;Hoffmann et al, 2021; Rees-Spear et al, 2021b; Focosi et al, 2021; Fontanet et al,2021) (Tableau 1).

La mutation N501Y est présente dans les trois variantes, alors que Les mutations L18F, K417T, E484K et D614G sont présentes dans les Bêta variantes. Ce groupe de mutations S a des implications importantes pour l'évasion de l'immunité à médiation d'anticorps. L'efficacité de la neutralisation sérique contre le virus La mutation E484K a diminué dans les sérums vaccinaux et convalescents.(Altmann et al,2021; Singh et al,2021; Koyama et al,2020; Gupta et al,2021;Hoffmann et al, 2021; Rees-Spear et al, 2021b; Focosi et al, 2021; Fontanet et al,2021)

5.4 Delta coronavirus (B.1.617.2)

Le variant SARS-CoV-2 B.1.617.2 (Delta) a été signalé pour la première fois dans l'état du Maharashtra en octobre 2020 avec dissémination ultérieure dans toute l'Inde. Le virus séquences extraites en Inde avaient deux acides aminés critiques substitutions (L452R et E484Q) dans le RDB de la glycoprotéine S. Ce « double mutant » a trois sous-lignées (B.1.617.1, B.1.617.2 et B.1.617.3) caractérisés par la mutation transitoire L452R, alors qu'E484Q est présent dans B.1.617.1 et B.1.617.3, mais pas dans B.1.617.2. Le B.1.617.2 est maintenant le variante majeure au Royaume-Uni. Les lignées ont des mutations dans le gène codant la protéine SARS-CoV-2 S. Le Delta génome a 17 mutations dont quatre sont de particulier Dans le D614G, la substitution à la position 614, un substitution de l'acide aspartique à la glycine, est partagé avec d'autres variantes hautement transmissibles comme Alpha, Beta, et Gamma. T478K est un échange à la position 478. Le L452R est une substitution à la position 452, confère une affinité plus forte de la protéine S pour le récepteur ACE2 et la diminution de la capacité de reconnaissance du système immunitaire. Le P681R est un substitution à la position 681, peut augmenter l'infectivité au niveau cellulaire de la variante (Davis et al, 2021; Lazarevic et al, 2021; Lustig et al,2021; Kupferschmidt et al, 2021)

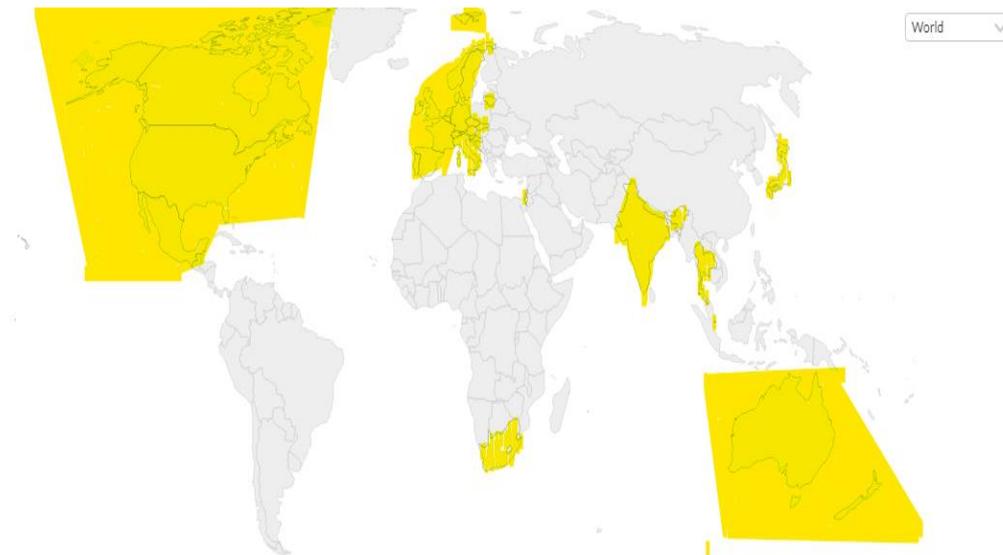


Figure 4: Carte des séquences du SARS-CoV-2 qui sont la variante (delta), 11 mai 2022(ourwourld in data, 2022)

5.5 Omicron (B.1.1.529)

Le 26 novembre 2021, l'Organisation mondiale de la Santé (OMS) a annoncé un nouveau variant préoccupant du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2) Omicron (B.1.1.529). Cette variante porte un nombre anormalement élevé de mutations, 32, sur la protéine de pointe (S), la principale cible antigénique des anticorps générés par les infections ou la vaccination. En comparaison, le variant Delta dévastateur n'a que cinq mutations de protéines S, qui posent un risque mondial potentiel élevé et se sont propagées à l'échelle internationale. Par conséquent, le « bouton de panique » a été enfoncé dans plusieurs cas dans le monde, et de nombreux pays ont imposé des restrictions de voyage pour empêcher la propagation rapide de la variante d'Omicron.

Les mutations de la variante d'Omicron sont largement distribuées sur plusieurs protéines du SRAS-CoV-2 telles que NSP3, NSP4, NSP5, NSP6, NSP12, NSP14, protéine S, protéine enveloppe, protéine membranaire, et protéine nucléocapsique. L'accent est mis sur les mutations du domaine de liaison des récepteurs de la protéine S (RBD) pour l'impact potentiel sur l'infectivité et la résistance aux anticorps causée par cette nouvelle variante. Cela est dû au fait

que la RBD située sur la protéine S facilite la liaison entre la protéine S et l'enzyme de conversion de l'angiotensine-hôte 2 (ACE2). Cette liaison S-ACE2 aide le SRAS-CoV-2 à pénétrer dans la cellule hôte et initie le processus d'infection virale. Plusieurs études ont montré que l'énergie libre de liaison (EFB) entre la RBD S et l'ACE2 est proportionnelle à l'infectivité virale¹⁵. Ainsi, un anticorps qui se lie fortement à la RBD neutraliserait directement le virus.^{6 8} En effet, de nombreux anticorps liant la RBD sont générés par la réponse immunitaire humaine à l'infection ou à la vaccination. Les anticorps monoclonaux (mAbs) ciblant la protéine S, en particulier la RBD, sont conçus pour traiter l'infection virale. Par conséquent, toute mutation sur la protéine S RBD susciterait des préoccupations immédiates quant à l'efficacité des vaccins existants, des mAbs et du potentiel de réinfection.

L'omicron peut être plus de 10 fois plus contagieux que le SRAS-CoV-2 original, plus infectieux que tous les autres variants nommés, et plus de deux fois plus infectieux que le variant Delta, principalement en raison de ses mutations RBD N440K, T478K et N501Y. De plus, Omicron a un fort potentiel pour perturber la liaison de la plupart des 185 anticorps avec la protéine S, principalement en raison de ses mutations RBD K417N, E484A et Y505H, ce qui indique sa capacité de percée vaccinale plus forte que le Delta ou tout autre variant nommé. Nous avons également dévoilé qu'Omicron pourrait sérieusement réduire l'efficacité du cocktail Eli Lilly mAb en raison des mutations Omicron RBD K417N, E484A et Q493R. Le cocktail Regeneron mAb peut être altéré par les mutations Omicron RBD K417N et E484A, et G446S. L'efficacité du tixagevimab et du cilgavimab du cocktail mAb AstraZeneca peut être modérément réduite par la mutation Omicron RBD Q498R. Anticorps Celltrion Regdanvimab peut être perturbé par les mutations Omicron RBD E484A, Q493R et Q498R. La mutation Omicron RBD E484A peut également perturber les mAbs de l'Université Rockefeller. Cependant, les impacts d'Omicron sur le mAb de GlaxoSmithKline devraient être faibles.

Nous prévoyons qu'en tant que voie de transmission complémentaire, les mutations révolutionnaires ou résistantes aux anticorps, comme celles

d'Omicron, deviendront un mécanisme dominant de l'évolution du SRAS-CoV-2 lorsque la plupart de la population mondiale sera vaccinée ou infectée. » 17 Notre conclusion actuelle montre qu'il est grand temps de développer une nouvelle génération de vaccins et de mAbs qui ne seront pas sujets aux mutations virales.

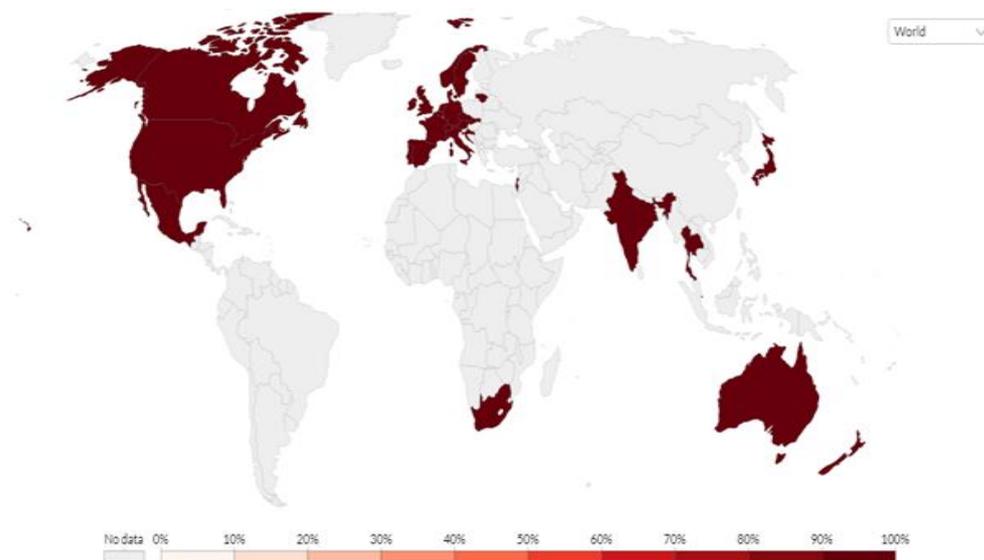


Figure 5 : Carte des séquences du COVID-19 qui sont la variante (OMICRON) 11 mai 2022. (ourworldin data, 2022)

5.6 Eta coronavirus (B.1.525)

Le variant Eta est un variant du SARS-CoV-2, le virus qui cause la COVID-19. Le variant Eta ou lignée B.1.525, également appelé VUI -21FEB-03 (anciennement VUI-202102/03) par la Public HealthEngland (PHE), et anciennement connu sous le nom de UK1188, 21D ou 20A/S:484K, ne porte pas la même mutation N501Y que celle trouvée dans les variant Alpha, Beta et Gamma, mais porte la même mutation E484K que celle trouvée dans les variantes Gamma, Zeta et Beta, et porte également la même délétion $\Delta H69/\Delta V70$ (une délétion des acides aminés histidine et valine en positions 69 et 70) que dans Alpha, variant N439K (B.1.141 et B.1.258) et variant Y453F (cluster 5). (SSI,2021)

Le variant Eta diffère de tous les autres variant en ayant à la fois la mutation E484K et une nouvelle mutation F888L (une substitution de la phénylalanine (F) par la leucine (L) dans le domaine S2 de la protéine de pointe).

Au 5 mars 2021, il avait été détecté dans 23 pays.(Gsaid,2021; SSI, 2021;

PANGO,2021) Il a également été rapporté à Mayotte2.(Gsaid,2021) Les premiers cas ont été détectés en décembre 2020 au Royaume-Uni et au Nigéria, et au 15 février, il était majoritaire parmi les échantillons de ce pays.(SSI, 2021) Au 24 février, 56 cas avaient été identifiés au Royaume-Uni. Le Danemark, qui séquence tous ses cas de COVID-19, a trouvé 113 cas de ce variant du 14 janvier au 21 février 2021, dont sept étaient directement liés à des voyages à l'étranger au Nigéria. (PANGO,2021)

Dans le cadre du schéma de nommage simplifié proposé par l'Organisation mondiale de la santé, la lignée B.1.525 a été dénommée variant Eta.

5.7 Iota coronavirus (B.1.526)

Le variant Iota(who,2021), également connu sous le nom de lignée B.1.526, est l'un des variants du SARS-CoV-2, le virus qui cause la COVID-19. Il a été détecté pour la première fois à New York en novembre 2020. Le variante est apparue avec deux mutations notables : la mutation Spike E484K, qui peut aider le virus à échapper aux anticorps, et la mutation S477N, qui peut aider le virus à se lier plus étroitement aux cellules humaines.

En février 2021, il s'était propagé rapidement dans la région de New York et représentait environ une séquence virale sur quatre. (Rosa-Aquino et al,2021; Mandavilli, Apoorva et al, 2021) Au 11 avril 2021, le variant avait été détecté dans au moins 48 États américains et 18 pays. (*outbreak, 2021 ; PANGO, 2021*)

Dans le cadre du schéma de dénomination simplifié proposé par l'Organisation mondiale de la santé, B.1.526 a été étiqueté variant Iota et est considéré comme un variant d'intérêt (VOI), mais pas comme un variant préoccupant. (*who,2021*)

Le génome d'Iota (B.1.526) contient les mutations d'acides aminés suivantes, toutes présentes dans le code de la protéine Spike du virus : L5F, T95I, D253G, E484K, D614G et A701V6.(*CDC,2021*)

La propagation du variant Iota a été détectée par des chercheurs du California Institute of Technology en recherchant des mutations dans une base de données connue sous le nom de GISAID, une initiative scientifique mondiale

qui a documenté plus de 700 000 séquences génomiques du SRAS-CoV-2.(Corum, 2021 ; West et al, 2021)

La proportion de cas américains représentés par le variant Iota avait fortement diminué fin juillet 2021, le variant Delta devenant dominant.(Our World in Data,2021

5.8 CAPA coronavirus (B.1.617.1)

Les variants B.1.617, nommés aussi G / 452R. V32 et fréquemment surnommés « variant indien », sont des variants du SARS-CoV-2. Ils sont identifiés pour la première fois dans le Maharashtra, en Inde le 5 octobre 2020. Ils sont identifiés dans le clade 20A sous le système de classification phylogénétique Nextstrain. La sous-lignée B.1.617.1 est nommée variant Kappa par l'OMS, et la sous-lignée B.1.617.2, variant Delta.

Détecté le 5 octobre 2020 près de Nagpur en Inde, le variant B.1.617 présente 15 mutations dont deux affectent le domaine de liaison de la protéine spiculaire :

L452R, détectée chez les variants B.1.427/B.1.429 (Californie) ;

E484Q, affectant le même acide aminé que la mutation E484K des variants sud-africains et brésiliens.

Ces deux dernières mutations sont préoccupantes car elles pourraient lui permettre d'échapper aux anticorps (post-infection ou vaccinaux). Elles lui valent le qualificatif de « double mutant ».

Le 10 mai 2021, ce variant B.1.617 a été classé comme « préoccupant » par l'OMS¹¹. Le 11 mai 2021, l'OMS note qu'il « pourrait y avoir des différences importantes entre les trois sous-lignées » mais que « les données actuellement disponibles sont trop limitées » pour pouvoir les différencier.

Des cas de mucormycose^{Note 2} sont signalés en Inde chez des patients guéris de la Covid-19¹³. Il semblerait toutefois que ce soit la conjonction d'un diabète de type 2¹⁴ et d'un traitement à base de corticoïdes affaiblissant le système immunitaire qui favorise l'infection mucorale et non le virus SARS-CoV-2

lui-même. Le 31 mai 2021, l'OMS adopte des lettres grecques pour nommer les variants les plus importants, en remplacement de leur origine géographique, potentiellement stigmatisante :

la lignée B.1.617.1 devient le variant Kappa et est déclassé variant d'intérêt; la lignée B.1.617.2, la plus dynamique, devient le variant Delta, classé variant préoccupant ; la troisième lignée s'est peu répandue hors de l'Inde.

Le variant Delta se déploie en Europe (4^e vague) au détriment du variant Alpha. Il se caractérise par :

2 substitutions dans le domaine de liaison aux récepteurs cellulaires (L452R et T478K), facilitant la liaison au récepteur ACE2 ; 1 substitution près du site de clivage S1/S2 par la furine (P681R), facilitant la fusion avec la membrane cellulaire; 1 substitution (T19R) et 1 double délétion (157-158del) dans le domaine antigénique NTD, contribuant à l'échappement aux anticorps neutralisants.

Depuis août 2021, les variants Delta ont été subdivisés dans le système de désignation de la lignée Pango en variantes AY.1 à AY.28. Cependant, il n'existe aucune information permettant de savoir si cette classification est corrélée avec des changements dans les caractéristiques biologiques du virus.

À partir d'août 2021, AY.4 à AY.11 sont prédominants au Royaume-Uni, AY.12 en Israël, AY.2, AY.3, AY.13, AY.14, AY. 25 aux États-Unis, AY 20 aux États-Unis et au Mexique, AY 15 au Canada, AY 16 au Kenya, AY 17 en Irlande et en Irlande du Nord, AY 19 en Afrique du Sud, AY 21 en Italie et en Suisse, AY.22 au Portugal, AY.24 en Indonésie et AY.23 en Indonésie, à Singapour, au Japon et en Corée du Sud.

5.9 Lambda coronavirus (C.37)

L'évolution des variantes du SRAS-CoV-2 avec une transmissibilité potentiellement accrue, virulence, et la résistance à la neutralisation des anticorps pose de nouveaux défis pour la lutte contre la COVID-19 (Grubaugh, 2021) en particulier dans les pays à revenu faible et intermédiaire (PMI) où la transmission reste élevée et la progression de la vaccination est encore amorcée. Le Pérou a été durement touché par la pandémie de COVID-19 : en date du 31 mai

2021, il avait le taux le plus élevé de décès liés à la COVID-19 à l'échelle mondiale par rapport à sa population (180764 sur 33,38 million : ~0,54 % de la population du pays)(Gop, 2021). D'ici juin 2021, 1424 séquences génomiques du Pérou étaient disponibles sur GISAID, comprenant 64 lignées PANGO circulantes (Romero, 2021). Routine La surveillance génomique au début de 2021 a révélé un sous-palan à ramification profonde de B.1.1.1, maintenant C.37 (figure 4). Elle a été signalée pour la première fois à Lima en décembre 2020 (1 sur 192). Génomes, 0,5%), passant à 20,5%, 36,4%, 79,2% et 96,6% en janvier, février, Mars et avril 2021, respectivement. En revanche, les variants préoccupants étaient détecté moins fréquemment au cours de ces quatre mois au Pérou : Alpha, n=7, 0,5%; Gamma, n=17, 1,2 % (figure 04). C.37 contient une nouvelle suppression (S:Δ247-253, située dans le domaine N-terminal) et six mutations non synonymes dans le gène Spike (G75V, T76I, D614G, L452Q, F490S, T859N). Les mutations L452Q et F490S correspondent toutes deux à la liaison des récepteurs de la protéine Spike domaine (RBD). Alors que L452Q est presque exclusif à C.37, L452R est présent dans VOC Delta (B.1.617.2) et variantes d'intérêt (VOI) Epsilon (B.1.427/B.1.429) et Kappa (B.1.617.1) et est associée à une affinité accrue pour le récepteur ACE2. (Chen, 2020)F490S a été associée à une sensibilité réduite à la neutralisation des anticorps in vitro(Weisblum, 2020 ; Liu, 2021).C.37 également affiche la suppression ORF1a:Δ3675–3677, trouvée dans les COV Alpha, Beta et Gamma.(Vogels, 2021)

Le premier enregistrement de C.37 sur GISAID provient de l'Argentine en novembre 2020. D'ici le 19 juin, En 2021, il y a eu 1771 séquences C.37 provenant de 25 pays, y compris le Chili (n=670), les États-Unis. (n=510), Pérou (n=222), Argentine (n=86), Allemagne (n=79), Mexique (n=55), Espagne (n=40), l'Équateur (n=39). Au-delà du Pérou, le C.37 s'est rapidement développé au Chili et en Argentine. Atteindre 33 % et 12 % de tous les génomes séquencés sur GISAID d'ici avril 2021, respectivement. L'émergence de cette lignée au Pérou et son exportation vers d'autres pays est l'hypothèse actuelle, compte tenu de sa détection précoce et de l'augmentation de près de 100% des séquences publiques par Avril. Nous séquençons d'autres échantillons péruviens d'octobre

à décembre 2020. Confirmer et dater l'origine de l'article C.37. L'expansion de C.37 s'est produite en Amérique du Sud en présence de centaines de personnes lignées et COV alpha et gamma (figure4), ce qui suggère une transmissibilité accrue des cette lignée. Cependant, des données et des analyses

épidémiologiques supplémentaires sont nécessaires pour la transmission, la virulence et les propriétés immunitaires. Le 15 juin 2021, l'Organisation mondiale de la Santé a désigné C.37 comme VOI. (WHO, 2021b)

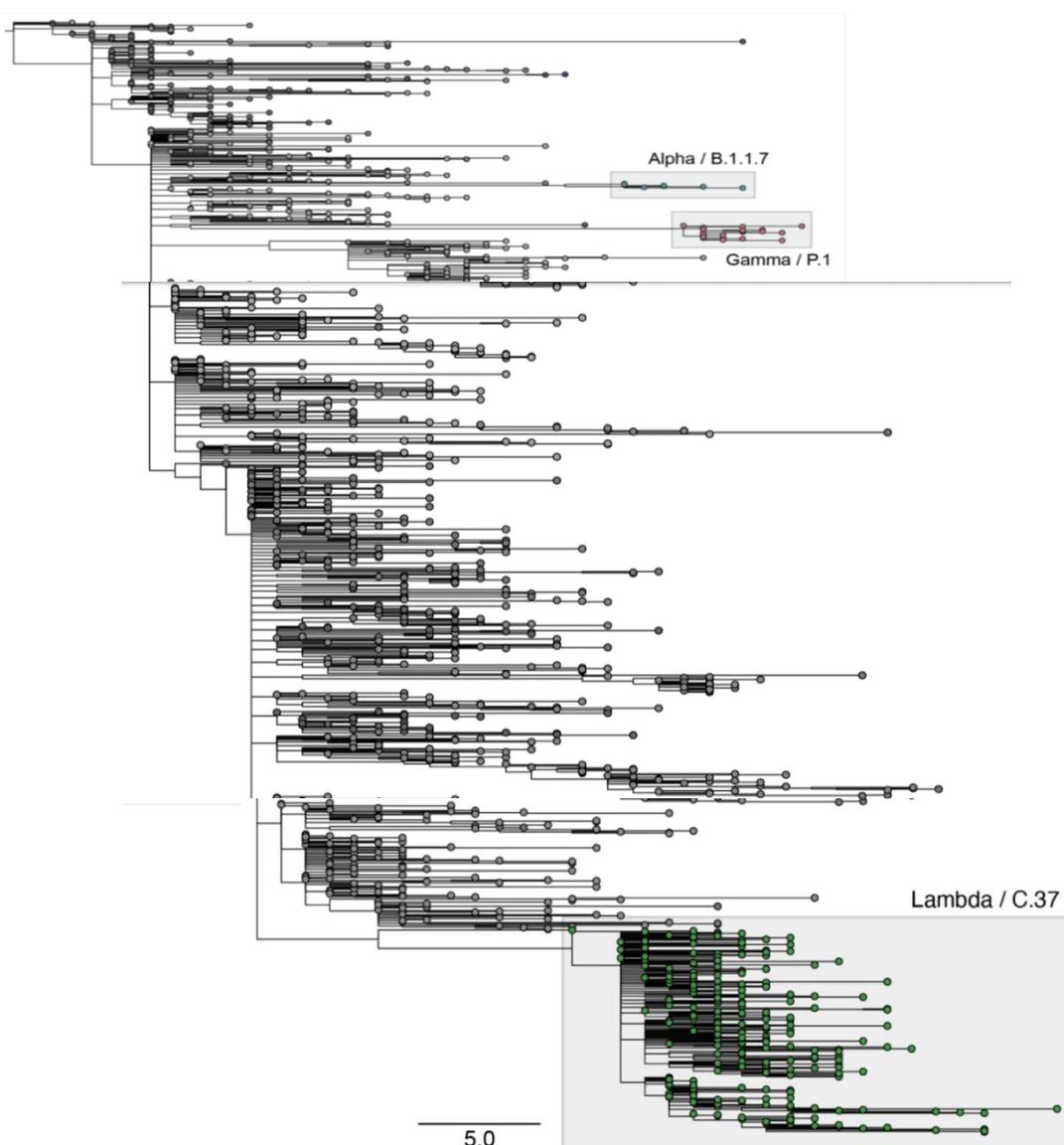


Figure 6:Arbre de vraisemblance maximale des 1424 génomes du SRAS-CoV-2 signalés au Pérou Juin 2021, en mettant en évidence les variantes Alpha (n = 5), Gamma (n = 26) et Lambda (n = 239).

5.10. Mu coronavirus (B.1.621)

Aussi connu sous le nom de variant B.1.621, le variant Mu de la COVID-19 a été détecté pour la première fois en Colombie en janvier et il est maintenant inscrit comme l'un des cinq variantes d'intérêt par l'OMS. Cela signifie que même si l'OMS estime qu'il vaut la peine d'effectuer une surveillance spéciale, il s'agit d'un problème moins potentiel que les souches Delta ou Alpha du virus du SRAS-CoV-2, qui ont été désignées variantes préoccupants en raison de leur virulence accrue. C'est la première variante d'intérêt à être ajoutée à la liste depuis juin, lorsque la variante Lambda a été incluse dans la liste. Selon le dernier rapport épidémiologique de l'OMS, Mu a été répertorié comme "d'intérêt" parce qu'il a une "constellation de mutations qui indiquent les propriétés potentielles de l'évasion immunitaire" qui doivent être étudiées plus avant.

Paul Griffin, un expert en maladies infectieuses de Mater Health Services et de l'Université du Queensland, a déclaré que les experts de la santé étaient constamment à la recherche de "variantes d'évasion" qui pourraient trouver plus facile d'infecter les personnes vaccinées par des mutations sur la protéine de pointe du virus.

"Si cette protéine de pointe devait changer de manière significative, alors il y a certainement le potentiel que nos vaccins peuvent fonctionner moins bien," dit-il. (Paul Griffin,)

""Nous pensons qu'il y aura un moment où cela deviendra très probable, mais nous ne l'avons pas encore vu."(Paul Griffin,)

L'OMS a souligné que davantage de recherches étaient nécessaires pour comprendre les effets de la variante de Mu, mais le Dr Griffin a déclaré qu'il n'y avait pas encore de preuve suggérant que Mu correspondait au projet de loi comme variante d'évasion. Selon l'OMS, la prévalence de Mu dans les infections mondiales à la COVID-19 a en fait diminué depuis qu'elle a été détectée, mais « la prévalence en Colombie (39 %) et en Équateur (13 %) a constamment augmenté ». Elle représente moins de 0,1 % de toutes les infections mondiales par la COVID-19,

mais des éclosions de B.1.621 ont également été signalées dans certaines régions des États-Unis et d'Europe.

Les fréquences relatives de prédominant linkages de sars-cov-2 en argentine, chile et peru a partir de novembre 2020 jusqu'à mai 2021 sont illustré dans

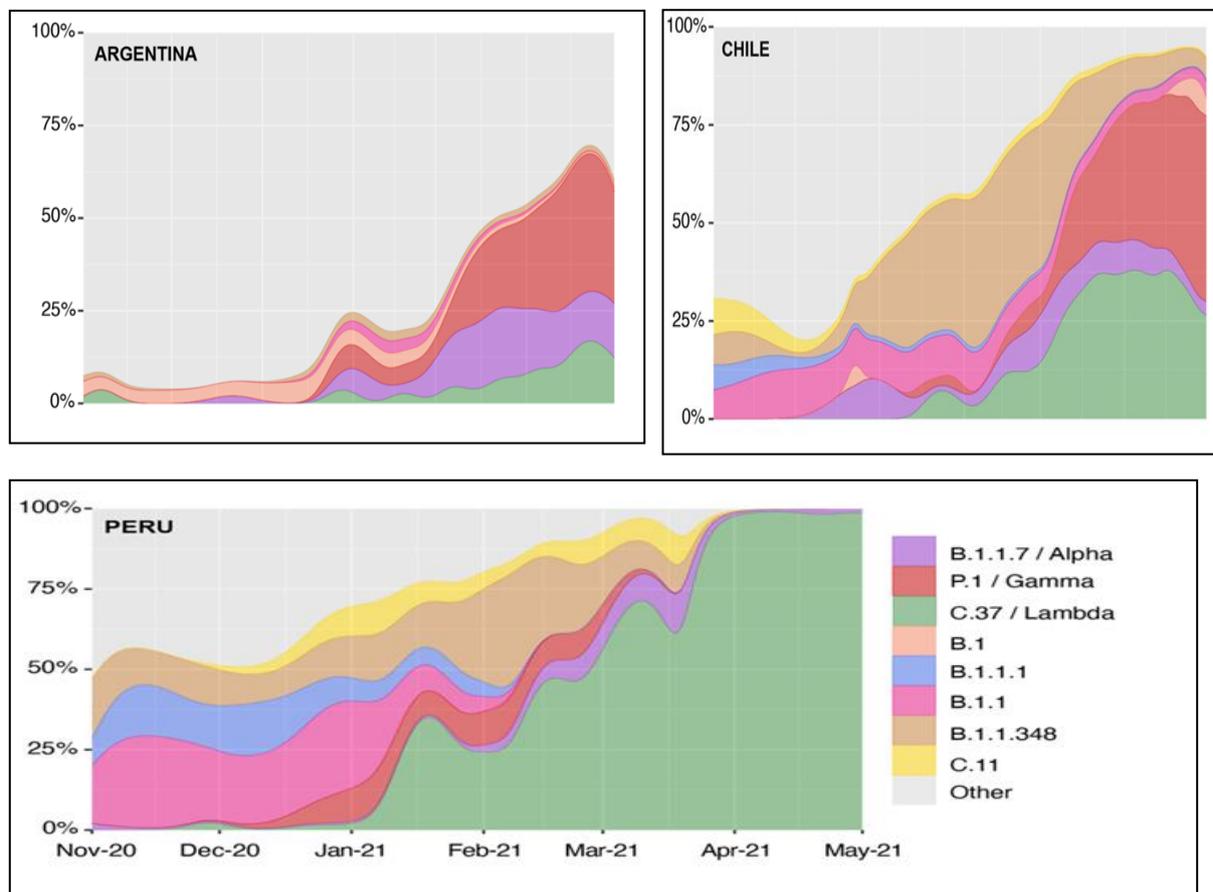


Figure 7: Fréquences relatives des lignées prédominantes de SRAS-CoV-2 enArgentine, au Chili, et au Pérou de novembre 2020 à mai 2021.

Partie III.

Pandémie de covid-19

1. Pandémie du COVID-19 dans le monde

Le SARS-Cov-2 a été détecté pour la première fois en Chine, dans la ville de Wuhan située dans la province de Hubei. Les conditions dans lesquelles ce virus est apparu restent encore floues, une enquête menée par les autorités chinoises a conclu que les personnes contaminées par ce coronavirus l'auraient contracté en consommant des produits d'origine animale issus d'un grand marché de ville, « le HuananSeafoodWhole sale Market » qui a été fermé le 1er janvier 2020.

La covid19 était initialement une épidémie géographiquement restreinte s'est graduellement transformé en pandémie en touchant plusieurs personnes, non seulement dans toute la Chine mais aussi à travers le monde. Le virus est maintenant présent dans plus de 187 pays sur cinq continents.

En date du 23 janvier 2020, 581 cas avaient été confirmés. Ils étaient tous localisés en Asie ou aux États-Unis. Dans l'ensemble, 17 personnes étaient décédées à cause du virus. Les autorités chinoises avaient émis des restrictions de déplacement à Wuhan.

Le 15 février 2020, un rapport de l'OMS rapportait que la barre des 50 000 cas de COVID-19 avait été franchie en Chine. Plus de 500 cas d'infection avaient été rapportées en dehors du pays, quelques jours après que les premiers morts hors Chine aient été constatés (Maude et al., 2020).

Le 11 mars 2020, avec plus de 121 000 cas rapportés, l'OMS a officiellement déclaré que l'épidémie de la COVID-19 était maintenant considérée comme une pandémie mondiale.

Au 23 juillet 2020, on dénombrait 15,2 millions de cas de COVID-19 dans le monde, dont 85.906 en Chine qui était, jusqu'à la fin du mois de mars, le pays le plus impacté. Il est désormais dépassé par les États-Unis, qui comptent quatre millions de contaminations au coronavirus et 143.190 victimes (Maude et al., 2020).

Le nombre de cas a en effet augmenté dans de nombreuses régions du monde, et tous les pays d'Europe ont été concernés. L'Italie, l'Espagne et le

Royaume-Uni font partie des pays les plus durement touchés du Vieux continent. La France, elle aussi, a fait partie des principaux foyers mondiaux avec 215.605 cas recensés et 30.175 décès. Un pays en Europe semble se démarquer dans cette crise sanitaire : l'Allemagne. Bien qu'il compte plus de 204.480 personnes infectées, le taux de mortalité du COVID-19 y est de 4,5 %. Le nombre de morts dans la République fédérale est en effet de 9.108, soit environ trois fois moins que la France. (L'OMS, 2022)

À ce jour, alors que le monde a déconfinement, l'épidémie est loin d'avoir faibli et grandir au-delà du regard du monde, qui est plus préoccupé par la guerre en Ukraine et les crises économiques mondiales que par la situation épidémiologique.

Au 13 mai 2022, 519 481 513 cas de COVID-19 confirmés avec 6 258 356 décès (66 807 Cas pour 1 million de personnes) ont été rapportés par l'OMS dans plus de 185 pays du monde (tableau 02). (Who, 2022).

Tableau N° 02 : Statistiques mondiales des pays les plus touchés (13 mai 2022) (OMS, 2022)

lieu	Nombre total de cas	Nouveaux cas (1 j*)	Cas pour 1 million de personnes	Décès	Population
Monde entier	519 481 513	694 009	66 807	6 258 356	7 953 953 000
États-Unis	82 145 395	161 535	249 261	997 481	334 805 000
Inde	43 113 413	2 827	31 689	524 181	1 406 632 000
Brésil	30 617 786	23 398	144 877	664 750	215 354 000
France	28 269 887	40 299	421 461	143 868	65 585 000
Allemagne	25 592 839	40 299	307 794	137 184	83 884 000
Royaume-Uni	22 158 820	88 961	333 539	176 915	68 498 000
Russie	17 975 243	8 120	122 493	369 644	145 806 000
Corée du Sud	17 694 677	4 036	341 724	23 554	51 330 000
Italie	16 915 301	35 883	280 783	164 846	60 263 000
Turquie	15 048 449	42 683	180 969	98 870	85 562 000
Espagne	12 058 888	1 670	256 025	105 123	46 719 000
Vietnam	10 683 972	/	111 050	43 060	98 954 000

2. Pandémie en Chine

Les premiers cas de cette pandémie sont signalés le 31 décembre 2019. Les premiers symptômes apparaissent un peu plus de trois semaines plus tôt et les personnes présentant les symptômes sont isolées (L'OMS, 2020).

Afin de juguler l'épidémie, le gouvernement chinois a mis en quarantaine plus de 50 millions de personnes au cours des mois de janvier et de février 2020. Plus de 700 personnes, dont plus de 400 travailleurs de la santé, qui sont entrées en contact étroit avec des cas suspects sont par la suite surveillées. Grâce au développement du test PCR spécifique qui confirme la présence de SARS-CoV-2 chez les 41 personnes du quartier d'affaires de Wuhan, dont deux sont plus tard décrites comme étant un couple marié, et trois autres qui sont membres de la même famille travaillant aux états de fruits de mer du marché. Le 9 janvier 2020, le premier décès survient chez un patient de 61 ans à Wuhan. Le 16 janvier 2020, les autorités chinoises annoncent qu'un autre homme de 69 ans, dont la maladie est confirmée, est décédé la veille à Wuhan (Clark et al, 2020).

Le 22 janvier, le gouvernement chinois met en quarantaine trois villes de la province de Hubei très impactées par le virus: Wuhan, Hwang-gang et Ezhou, soit plus de vingt millions d'habitants. Tout trafic aérien, ferroviaire, routier et fluvial à destination et en provenance de ces trois agglomérations, dont les transports publics (autobus, métro) sont suspendus. Les lieux publics de divertissement (salles de cinéma, de spectacle, cybercafés...) sont fermés. Personne ne peut quitter la ville sans autorisation mais le maire de Wuhan, Zhou Xianwang a estimé que cinq millions d'habitants avaient déjà quitté la ville avant sa mise en quarantaine.

L'autorité sanitaire de Wuhan rend obligatoire le port d'un masque facial dans les lieux publics sous peine d'amende. Et la ville lance le 23 janvier la construction de deux hôpitaux de campagne, dont l'hôpital Huoshenshan, qui sur 25 000 m² peut accueillir jusqu'à mille patients et l'hôpital Leishenshan pouvant accueillir mille six cents patients, ces hôpitaux sont placés sous la direction de l'Armée populaire de libération.

Le 25 janvier, la zone de quarantaine est élargie à presque toute la province de Hubei (environ 56 millions d'habitants). La république populaire de Chine, déclare que la situation est grave et que l'épidémie s'accélère (Le Monde.fr, 2020). Le 26 janvier, Pr Neil Ferguson, expert en santé publique de l'Imperial Collège de Londres, estime qu'environ 100 000 personnes seraient

déjà infectées par le virus, tandis que la Faculté de médecine de Hong-Kong évalue le nombre de malades à 43 000 au 27 janvier. Le même jour, la Commission nationale de la santé de la république populaire de Chine déclare que 30 453 personnes sont sous observation sans préciser quels sont les moyens utilisés pour les surveiller. (Sarah et Rowena, 2020).

Le 13 février, la république populaire de Chine change ses critères de diagnostic de la maladie, ce qui conduit à une importante augmentation du nombre de cas. En effet, débordés, les hôpitaux du Hubei se contentent d'une radio des poumons au lieu d'une analyse de prélèvements. Les autorités justifient leur position en arguant que cela permet de soigner et d'isoler plus tôt les malades diagnostiqués ; en effet, les résultats des analyses ne sont connus qu'au bout de 48 heures alors qu'ils sont immédiats dans le cas d'une radio. Seules les dépenses des personnes reconnues porteuses du virus sont prises en charge par la pandémie de maladie à coronavirus. De nombreuses personnes hésitent à se soumettre au test. Cependant, la population chinoise est moins âgée (1,8 % ont plus de 80 ans, 42 contre 6,2 % en France 43ans), présente moins de comorbidités (6 % d'obésité contre 25 % en France), et le confinement a été plus strict (interdiction totale de sortir). Le confinement, intervenu plus rapidement, pourrait avoir préservé le reste de la Chine du virus, tandis qu'au Hubei, le taux de mortalité rapporté à la population (4512/59 170 000) est comparable à celui de l'Allemagne. Le débat reste donc ouvert mais il est certain que la Chine a fait des efforts considérables par rapport à 2003. (Le Monde, 2020).

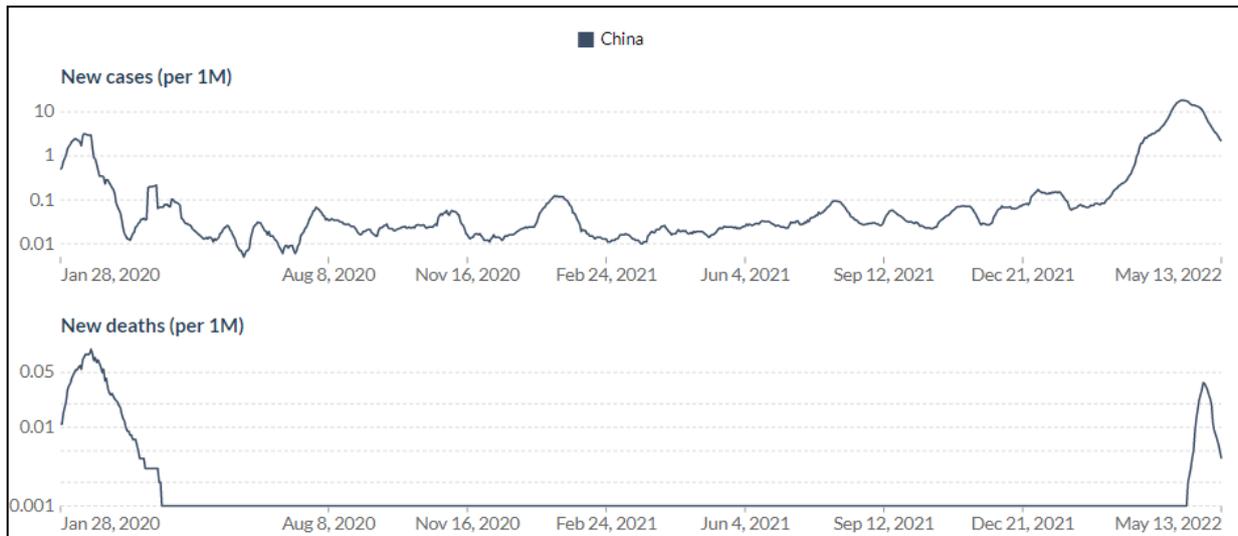


Figure 8: Cas confirmés quotidiens de COVID-19 et décès par million de personnes (Our world in data, 2022)

3. Propagation de la pandémie aux pays voisins

La première apparition de symptômes à l'extérieur de la Chine a eu lieu en Thaïlande le 13 janvier 2020, soit moins de deux semaines après le début de l'épidémie. C'est une voyageuse chinoise qui a transporté le virus. Le pays de l'Asie de l'Est a toutefois bien contenu la maladie.

Deuxième apparition de l'épidémie en Asie, la Corée du Sud est le pays le plus touché par la COVID-19 sur le continent asiatique. Près de 17 694 677 cas ont été confirmés et 23 554 décès causés par le virus ont été signalés en mai 2022. Selon les autorités sud-coréennes, une femme de nationalité chinoise résidant à Wuhan aurait importé le virus en Corée du Sud le 19 janvier 2020. Le nombre de personnes atteintes de la COVID-19 s'est multiplié au cours des dernières semaines en Corée du Sud. L'écllosion proviendrait de membres de l'Église Shincheonji de Jésus. La majorité des 334 nouveaux cas déclarés le 27 février seraient des membres de la secte religieuse. Le 26 février, le gouvernement a commencé le contrôle des plus de 200 000 fidèles de Shincheonji afin de limiter la propagation de l'épidémie. Néanmoins, la Corée du Sud a été le principal foyer de l'épidémie en Asie après la diminution de la propagation en Chine.

4. Premier cas de transmission locale européenne (Allemagne)

Le premier cas de COVID-19 en Allemagne a été décelé le 27 janvier. Il s'agissait d'un employé d'une compagnie d'équipements automobiles qui a été en contact avec une collègue venue de la Chine pour une formation. C'était le premier cas de transmission locale en Europe. L'Allemagne est l'un des pays qui a le taux de mortalité le plus bas en comparaison avec son taux de contamination. Afin de contrôler l'épidémie, le pays a fermé ses frontières avec la France, la Suisse et l'Autriche le 16 mars 2020. Les voyages sont également interdits en Allemagne, comme dans l'ensemble de l'Union européenne, jusqu'à la mi-avril 2020.

Le 19 mars 2020, l'Allemagne dénombre officiellement 8 604 cas ainsi que 30 décès et plus de 46 personnes rétablies. L'Allemagne est le sixième foyer de contagion de la Covid19. À la différence de la France, l'Allemagne n'a pas été confinée mais a pris des mesures de distanciations sociales (pas de regroupement de plus de deux personnes, fermeture de la plupart des commerces non indispensables). Ainsi, les allemands peuvent sortir librement, il n'y a pas d'attestation à remplir, il est possible de se déplacer et de sortir de son domicile autant de fois que désiré et dans la plupart des Länder, les parcs et jardins urbains sont restés accessibles. Le 13 mai 2022, l'Allemagne compte 25 592 839 cas et 137 184 décès, avec un taux de contagion qui repart à la hausse, faisant de l'Allemagne le deuxième pays le plus touché d'Europe.

5. L'Italie L'importante zone épidémique en Europe

Après la première contamination en sol italien le 31 janvier 2020, qui a été causée par deux touristes chinois qui sont touchés par le SARS-cov-2 à Rome. Un groupe de cas de Covid-19 est ensuite détecté, à commencer par 16 cas confirmés en Lombardie le 21 février, 60 autres cas le 22 février et les premiers décès en Italie sont signalés le même jour. Au 28 février 2020, il y avait 21 décès et 888 cas confirmés dans le pays. (La Provence., 2020)

Plusieurs municipalités de l'Italie du Nord sont placées en quarantaine dès fin février 2020. Fin février et début mars, ce pays est plus durement touché que

partout ailleurs dans l'Union européenne (UE) par la Covid-19. Pourtant c'était l'un des deux seuls pays d'Europe à suspendre tout vol direct à destination et en provenance de la république populaire de Chine et le premier à l'avoir fait, mais l'Union européenne a fait pression pour que les avions en provenance de Chine faisant escale à Francfort ou Roissy puissent pénétrer en Italie dès le 25 février, rendant inopérante la décision italienne.(La Provence., 2020)

Au 9 mars 2020, le nombre de personnes recensées positives à la maladie dans le pays s'élève à 9 172, parmi lesquelles 463 morts (dont 333 morts en Lombardie) et 724 guérisons. Il est établi que 10 % des contaminés en Lombardie font partie du corps médical.(La Provence., 2020)

Le 10 mars 2020, tout le pays est placé en confinement : les déplacements sont limités dans le pays pour le travail, pour des soins de santé ou pour acheter de la nourriture et tout rassemblement est interdit sous peine d'amende ou de trois mois de prison. La barre des 10 000 cas est dépassée avec 10 149 personnes infectées, dont 631 morts. La Lombardie compte 5791 cas et 468 morts.(La Provence., 2020)

Le 12 mars 2020, la quarantaine nationale s'installe progressivement, avec 15 113 cas confirmés ainsi que 1 016 décès. Alors que le nombre réel de personnes infectées est beaucoup plus élevé, et ne peut être connu précisément. Le nombre de morts en Italie (3 405 morts) dépasse le 19 mars 2020 celui enregistré en Chine (3 245 morts) (La Provence., 2020).

Le 13 mai 2022, L'Italie a enregistré Nombre total de 16 915 301 cas et 164 846 décès, ce qui en fait le quatrième pays européen touché par la COVID-19 dans les pays plus touché en Europe . (who,2022)

6. L'épidémie en Espagne

L'épidémie apparaît officiellement le 31 janvier 2020, lorsqu'un touriste allemand est testé positif au SARS-CoV-2 sur l'île de La Gomera, dans l'archipel des Canaries. Le même jour, 21 rapatriés espagnols arrivent à la base aérienne de Torrejón de Ardoz, dans la périphérie de Madrid, après une escale sur la base britannique de Brize Norton en Angleterre. Les citoyens espagnols ont été placés

en quarantaine à Madrid. Les cas explosent le 13 mars 2020 : l'Espagne compte 4 209 cas et 91 morts selon les autorités et, le lendemain, 5 753 cas et 121 morts.

La pandémie de Covid-19 en Espagne infecte 5,2 % de la population espagnole – soit environ 2,4 millions de personnes - et tue quelques dizaines de milliers de personnes. (Mourad Belhadj, 2020)

Le 13 mai 2022, L'Espagne a enregistré un nombre total de 12 058 888 cas et 105 123 décès, ce qui en fait le sixième pays européen touché par la COVID-19 dans les pays les plus touchés en Europe. (who, 2022)

7. En France

En France, elle est associée à une surmortalité journalière de 33 % entre le 1er mars et le 30 avril 2020 comparée aux valeurs moyennes des années 2000 à 2019 : « 2 120 décès ont été recensés en moyenne chaque jour par l'état civil, contre 1 590 en moyenne entre 2000 et 2019.

Le 24 janvier 2020, trois premiers cas sont recensés sur le territoire métropolitain. L'épidémie passe au stade 3 le 14 mars 2020 et tous les lieux recevant du public non indispensables à la vie du pays sont fermés. À partir du 17 mars 2020, afin de stopper la diffusion exponentielle du coronavirus et pour réduire le plus possible le nombre de personnes atteintes et donc de morts, la population est confinée à domicile. Depuis le 11 mai 2020, les mesures de confinement sont levées progressivement. (Pierre Breteau et Maxime Ferrer, 2020).

Au 12 août 2020, le bilan s'élève à un état de cumul de 30 354 morts et 204 172 cas positifs ont été confirmés par réaction de PCR.

Le 13 mai 2022, La France a enregistré un nombre total de 28 269 887 cas et 143 868 décès, ce qui en fait le premier pays européen touché par la COVID-19 dans les pays les plus touchés en Europe (Tableau 02). (who, 2022)

8. Les États-Unis

La pandémie de Covid-19 aux États-Unis a émergé depuis la confirmation du premier cas annoncé en janvier 2020. De mai 2020 à août 2020, le pays est

devenu l'épicentre de la pandémie, et selon l'OMS c'est le pays où la pandémie de Covid-19 a le plus rapidement progressé.

Le pays a déploré, mardi 28 juillet 2020, 1 592 décès supplémentaires liés au coronavirus en 24 heures, selon les chiffres à 20 h 30 locales (2 h 30 mercredi à Paris) de l'université Johns Hopkins. Puis un bilan de décès sur 24 heures plus lourd que celui de 28 juillet 2020. (1 680 morts le 15 mai). Le pays a, par ailleurs, de nouveau recensé plus de 60 000 cas d'infection au coronavirus en une journée. Le nombre total de cas de Covid-19 diagnostiqués aux États-Unis dépasse désormais les 4,34 millions, et le pays déplore plus de 149 000 morts depuis le début de la pandémie, ce qui en fait de loin le plus endeuillé au monde. Après avoir connu une amélioration vers la fin du printemps, les États-Unis voient depuis fin juin l'épidémie repartir à la hausse, notamment dans le sud et l'ouest du pays. Les nouvelles infections diagnostiquées chaque 24 heures ont dépassé les 60 000 durant douze jours consécutifs (dont trois jours à plus de 70 000) (Chandan, 2020).

Aux États-Unis, le nombre de nouveaux cas quotidien explose toujours. Il s'élève pour que le pays compte 82 145 395 cas le 13 mai 2022. Le nombre de décès est de 997 481 morts au total ce qui en fait le premier pays au monde touché par la COVID-19 dans le classement général des pays plus touchés. (Tableau 02)(WHO, 2022).

9. Pandémie du Covid -19 en Algérie

9.1. Localisation des cas du Covid-19

En Algérie, la pandémie due au Covid19 se propage à partir du 25 février 2020 lorsqu'un ressortissant italien est testé positif au SARS-CoV-2. À partir du 1er mars 2020, un foyer de contagion se forme dans la wilaya de Blida, seize membres d'une même famille ont été contaminés par le coronavirus lors d'une fête de mariage à la suite de contacts avec des ressortissants algériens en France. Progressivement, l'épidémie se propage au niveau de l'ensemble du territoire national. En effet, depuis le 1er mai 2020, la pandémie du Covid-19 est présente dans les 48 wilayas algériennes. Les wilayas de Tindouf, Saida, Illizi a

longtemps résisté, avant d'enregistrer ses premiers cas. De ce fait, il ne reste plus de wilaya épargnée par le virus.

Tableau N°03: Nombre de cas du Covid-19 en Algérie par wilaya(covid19.cdta.dz) dernier mise a jour 08-03-2021 consulté05-06-2022)

LIEU	Nombre totale des cas	décés
Alger	6506	145
Blida	4435	131
Oran	4248	22
Sétif	3408	61
Batna	2183	17
Béjaya	2139	28
Constantine	1765	25
Annaba	1530	10
Tipaza	1505	37
Tizi ousou	1497	16
Jijel	1467	8
M'sila	1423	29
Tlemcen	1405	8
Bouira	1394	13
5Ouargla	1361	26
Biskra	1352	12

Djelfa	1213	11
Boumerdés	1206	10
El oued	116	23
Tébessa	1058	24
Tiaret	959	22
Médéa	826	19
Mostaganem	795	4
Ain defla	777	9
Oum el bouaghi	773	10
Ain témouchent	714	5
Laghouat	701	9
Skikda	698	8
Adrar	667	8
Khenchela	623	5
Guelma	567	1
Souk ahras	487	7
Mila	475	11
Ghardaia	440	10
Tissemsilt	435	5
Sidi bel abbes	427	16

Bordj bouarreridj	422	30
El tarf	356	1
Béchar	348	3
Mascara	337	12
Naama	264	1
Chlef	248	3
El bayadh	232	6
Relizane	229	3
Tindouf	205	1
Tamanrasset	202	4
Illizi	140	0
Saida	72	0

Les wilayas les plus touchées par la pandémie sont les grands wilayas sachant que la capital et les grands wilayas d'est et d'ouest et la wilaya au le premier cas est vue qui été au blida en même temps les autres wilayas qui ont une population diminue par rapport à les grands wilayas y ont un nombre des cas moins ça qui défini que cette pandémie est relié à le contact direct. Le dénombrement des gens qui augmente le potentiel d'infection ainsi que la température moyenne est un agent important pour la pandémie qui été observé entre les zones arides et saharienne qui ont le moins nombre de cas par rapport à les zones semi arides et au tour de méditerranée.

En général les cas dans l'Algérie par rapport au d'autre pays est très moins qui signifié le rôle qui été joué par plusieurs facteurs qui la sont la culture populaire et la température générale de pays qui été élevé par rapport au pays européen et. Le plus important le rôle

de religion comme un facteur de nettoyage quotidienne et protection de corps tout le temps, Cette protection été conseillé tout le temps par les grandes associations de santés seulement les musulmans qui prends spontanément.

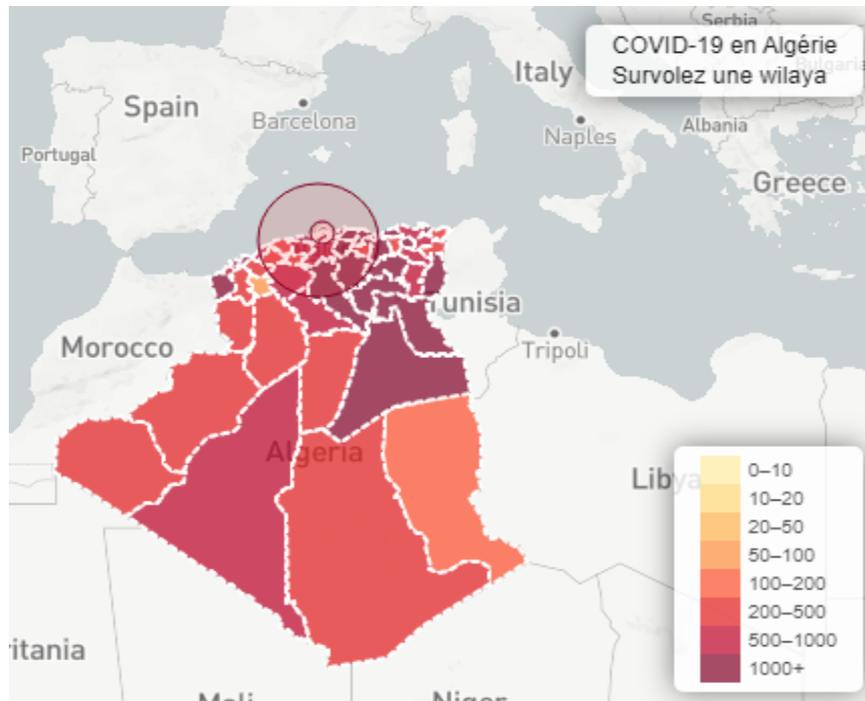


Figure 9: Cas confirmés du coronavirus en Algérie (covid19.cdta.dz)

9.2 Chronologie du covid-19 par mois à partir de février

En application des instructions données par le Président de la République « Abdelmadjid Taboune » limitant la diffusion de toutes statistiques sur la crise du covid-19 au seul Ministère de la Santé, en citer la Chronologie des principaux événements à partir du février jusqu'à aout :

- 03 février 2020: Les autorités algériennes rapatrient 31 algériens ainsi que 17 tunisiens, libyens et mauritaniens à partir de la ville de Wuhan (Chine). Les personnes évacuées sont d'abord mises en quarantaine. Après des résultats négatifs aux tests de dépistage, ces personnes ont recouvert leur liberté de mouvement.
- 25 février 2020: Le premier cas de covid-19 est confirmé en Algérie. L'individu est un ressortissant italien qui travaille dans la base de vie du champ gazier Menzel Ledjmet-Est (MLE) dans la wilaya d'Ouargla, au sud-est du pays. Le

patient est rapatrié en Italie et la base de vie est placée en quarantaine. Aucun cas lié à cet individu n'a été enregistré.

- 01 mars 2020: Un ressortissant algérien résidant en France est testé positif au covid19 lors d'une visite à sa famille dans la wilaya de Blida, au nord du pays.

- 03 mars 2020: D'autres cas liés au patient de Blida commencent à émerger suite aux examens de dépistage réalisés auprès des individus qui ont été en contact avec cette personne.

- 08 mars 2020: Les autorités débloquent environ 30mn USD pour l'acquisition de médicaments et d'autres éléments nécessaires pour combattre la propagation du covid19.

- 12 mars 2020: Le premier décès d'un patient atteint du covid-19 est enregistré dans la wilaya de Blida

- 13 mars 2020: Le premier cas de covid-19 est confirmé dans la capitale, à Alger, et dans d'autres régions du pays

- 17 mars 2020: Le Président Tebboune fait un discours à la nation dans lequel il donne un exposé des mesures prises par les autorités algérienne afin de lutter contre la propagation du covid-19. Outre les mesures restées inchangées, certaines dispositions ont été élargies tandis que d'autres décisions clés ont été annoncées.

- 19 mars 2020: Les autorités annoncent de nouvelles mesures de confinement après une réunion au plus haut niveau dédiée à la crise.

- 22 mars 2020: Le Ministre de la Santé annonce que l'Algérie est passé au niveau trois de l'épidémie.

- 23 mars 2020: Les autorités annoncent de nouvelles mesures de confinement après une réunion du Haut Conseil de Sécurité.

- 18 avril 2020: Les autorités annoncent que l'ensemble des mesures de lutte contre la pandémie du covid-19 ont été reconduits jusqu'au 29 avril 2020.

- 23 avril 2020: Les autorités annoncent l'assouplissement des horaires de confinement

- 27 avril 2020: Les autorités annoncent que l'ensemble des mesures de lutte contre la pandémie du covid-19 ont été reconduits jusqu'au 14 mai 2020.
- 11 mai 2020: Le Ministre de la Santé annonce que la question du déconfinement sera abordée lorsque le nombre des nouveaux cas positifs sera réduit à un seuil moins inquiétant et lorsqu'on s'approchera de zéro décès.
- 12 mai 2020: Les autorités annoncent que le dispositif de confinement a été prolongé au 29 mai 2020.
- 28 mai 2020: Les autorités annoncent que le dispositif de confinement a été prolongé au 13 juin 2020 à l'exception des wilayas de Tindouf, Saida, Ilizi et Tamanrasset où le confinement est totalement levé.
- 4 juin 2020: Un plan de déconfinement a été soumis au gouvernement par le comité scientifique chargé du suivi de l'évolution du covid-19 en Algérie.
- 7 juin 2020: Certaines activités commerciales sont réautorisées.
- 14 juin 2020: Les autorités annoncent l'assouplissement des horaires de confinement et la reprise de certaines activités commerciales.
- 29 juin 2020: Les autorités annoncent que le dispositif de confinement a été prolongé au 13 juillet 2020.
- 07 juillet 2020: Les autorités annoncent les premières mesures de confinement locales.
- 09 juillet 2020: Les autorités annoncent de nouvelles mesures concernant les déplacements entre certaines wilayas.
- 26 juillet 2020: Les autorités annoncent la reconduction des mesures concernant les déplacements entre certaines wilayas.
- 03 août 2020: Le Président a instruit le Premier Ministre programmer la 'réouverture graduelle' des lieux de culte, des plages, des lieux de récréation et de détente.
- 08 août 2020: Le gouvernement décide d'alléger le confinement partiel et de lever l'interdiction de circuler de et vers 29 wilayas.

Partie IV.

Interpretation des données statistiques récoltés.

Le monde connaît une hausse marquée des cas de COVID-19 et donc une terrifiante propagation du virus SRAS-Cov-2. De toute évidence, il y a des raisons objectives à cette hausse, dont la plus grande responsabilité est le manque de sensibilisation des gens à la gravité du virus et leur manque de respect pour les mesures préventives comme la distanciation physique, le port du masque et le mépris. etc. En plus du rôle du facteur humain, il semble y avoir des raisons au-delà de la volonté de l'activité humaine en raison de la nature des mutations formées dans le génome du virus en évolution. (<https://www.ledevoir.com>)

Le coronavirus réussit très bien à se déguiser en grippe régulière, assurant ainsi une transmissibilité maximale en se cachant à la vue de tous. Il faut environ cinq jours pour que le virus du SRAS-CoV-2 s'établisse dans le corps humain, période pendant laquelle une personne ne présentera aucun symptôme et peut même ne pas tomber malade pendant une période étonnamment longue : l'Organisation mondiale de la Santé (OMS) a déclaré que la période d'incubation peut durer jusqu'à 14 jours. (<https://www.ledevoir.com>)

Le SARS-COV-2 vivant à l'intérieur de ses hôtes inconnus, cette petite boule astucieuse d'acides aminés et de protéines, peut être transportée à travers le monde totalement inaperçu. (<https://www.ledevoir.com>)

Environ 80 pour cent des patients présentent des symptômes bénins comme une fièvre ou une toux persistante, initialement sèche. Certains signalent un mal de gorge, des maux de tête, de la fatigue et de la diarrhée, alors qu'il existe des preuves anecdotiques d'une perte d'odorat et de goût. Ce stade dure environ une semaine, après quoi le système immunitaire de la plupart des corps récupère après le repos et le soulagement de la douleur, comme le paracétamol. Il y a aussi de nombreuses personnes infectées qui sont considérées comme enceintes, mais qui ne présentent pas de symptômes, mais cela ne les empêche pas de transmettre le virus aux personnes qui ne sont pas infectées. (<https://www.lexpress.fr>)

Il est également probable que de nombreuses personnes dans le monde aient acquis une immunité contre le COVID-19 parce qu'elles ont été infectées sans avoir besoin de se faire vacciner, ce qui semble perdre de son efficacité au fil du temps en raison de l'émergence de nouvelles mutations. (<https://www.has-sante.fr>)

Pour les cas plus graves (environ 14 %), un traitement hospitalier est nécessaire lorsqu'un patient développe des complications telles que des difficultés respiratoires parce que le virus s'attaque principalement aux poumons. Des contrôles seront effectués et de l'oxygène peut être donné. (<https://www.has-sante.fr>)

Environ six pour cent des cas de coronavirus deviennent critiques, car le virus devient incontrôlable et cause une pneumonie et une défaillance de plusieurs organes. Cela nécessite des soins intensifs immédiats. Les patients seront mis sous respirateurs, où l'oxygène est poussé dans les poumons par un tube dans la bouche, le nez ou par une petite coupure dans la gorge pour garder le corps en vie. Bien que les chiffres changent constamment, les patients atteints de la COVID-19 sous respirateur semblent avoir 50 % de chances de survie : une étude du NHS au Royaume-Uni a signalé un taux de mortalité de 66 %. (<https://www.has-sante.fr>)

La majorité des patients qui meurent de la maladie sont décrits comme ayant des problèmes de santé sous-jacents, mais cela peut inclure l'hypertension artérielle, l'obésité et le diabète – des affections qui sont courantes dans de nombreuses populations. (<https://ised-isde.canada.ca>)

Selon nos estimations, l'émergence du mutant Alpha dans le Sud-Est de l'Angleterre et sa transmission à de nombreux pays d'Europe constituent la troisième vague de COVID-19 sur le continent européen et le mutant Beta a causé la deuxième vague pour l'Afrique du Sud. Les deux mutants ont une grande capacité à se propager rapidement et ont été trouvés pour être en mesure d'infecter les jeunes plus efficacement. (<https://www.afro.who.int>)

Ces mutants est maintenant décrit par les entités officielles britanniques comme « Variant of Concern, year 2020, month 12, variant 01 » ou « Mutatedalarming _ 2020, month 12, variable 01' », Rappelons que le mutant prédominant qui a précédé l'émergence des alpha et Beta est également muté et connu sous le nom de Delta ou variant D614G mutant qui a résulté après la transmission virale, ou la référence originale du virus SARS-CoV-2, de la ville de Wuhan à l'extérieur de la Chine. Le mutant Delta est caractérisé par une propagation et une infection rapides et si elle est moins rapide que le sujet d'intérêt

dans cette publication. En revanche, le mutant Delta présentait une faible charge virale et n'était pas connu pour infecter les jeunes de manière significative. (Rambaut A, Loman N, Pybus O, et al., on behalf of COVID-19 Genomics Consortium UK (COG-UK). Preliminary genomic characterisation of an emergent SARS-CoV-2 lineage in the UK defined by a novel set of spike mutations. (19th December 2020)

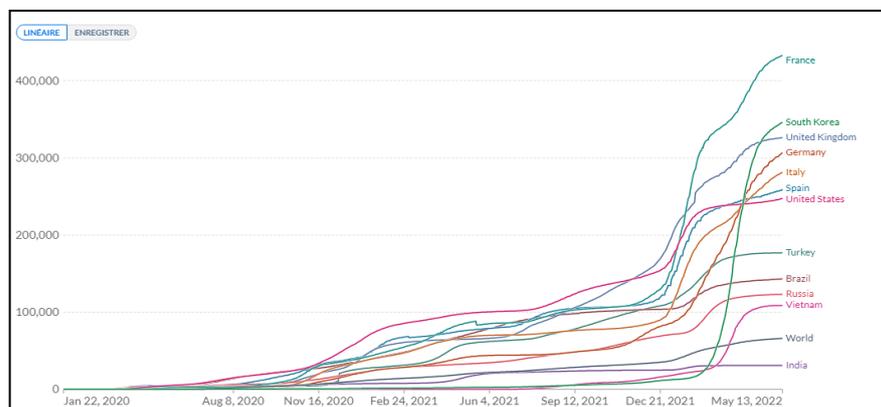


Figure 10 : cas confirmés cumulés de covid-19 par million personne des payés plus touchés.(13 mai 2022)(ourwourld in data, 2022)

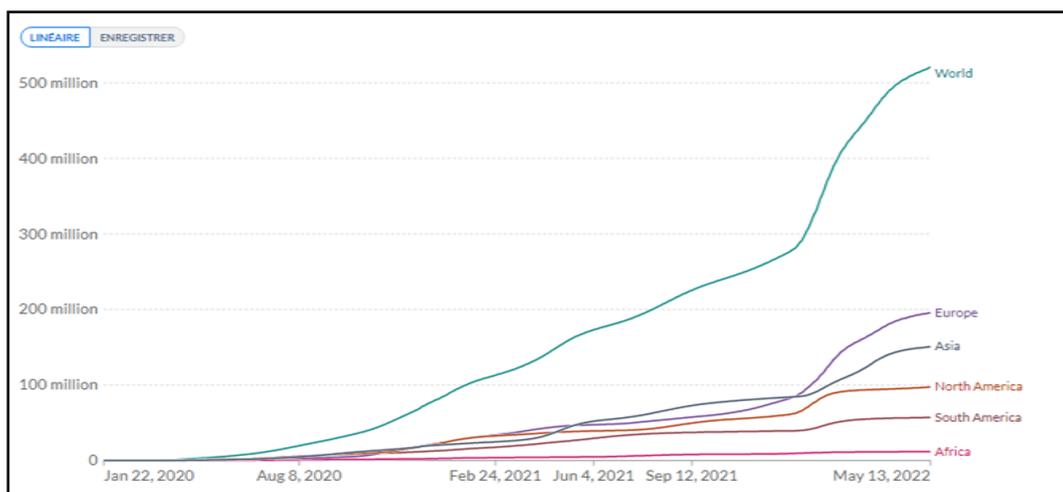


Figure 11 : cas confirmés cumulés de covid-19 pour les continents (Linéaire) (ourwourld in data, 2022)

Tableau N° 04 : les statistiques de quelque pays d'origine des variantes covid 19 et l'algerie , France (ourwourld in data, 2022)

lieu	Nombre total de cas	Nouveaux cas (1 j*)	Cas pour 1 million de personnes	Décès	Population
Monde entier	519 481 513	694 009	66 807	6 258 356	7 953 953 000

Partie IV. Interprétation des données statistiques récoltés.

Algérie	265 814	6	6 182	6 875	44 487 616
France	28 269 887	40 299	421 461	143 868	65 585 000
Colombie	6 095 316	0	123 398	139 821	51 795 655
Pérou	3 571 516	355	111 153	213 013	33 035 304
Nigeria	255 836	0	1 241	3 143	206.139.587
Inde	43 113 413	2 827	31 689	524 181	1 406 632 000
japan	8 295 529	39 570	65 864	30 006	126 314 051
Brésil	30 617 786	23 398	144 877	664 750	215 354 000
États-Unis	82 145 395	161 535	249 261	997 481	334 805 000
sudafric	3 879 434	8 349	66 005	100 744	57 725 606
Royaume-Uni	22 158 820	88 961	333 539	176 915	68 498 000
Chine continentale	1 137 454	7 044	811	5 206	1 448 471 000

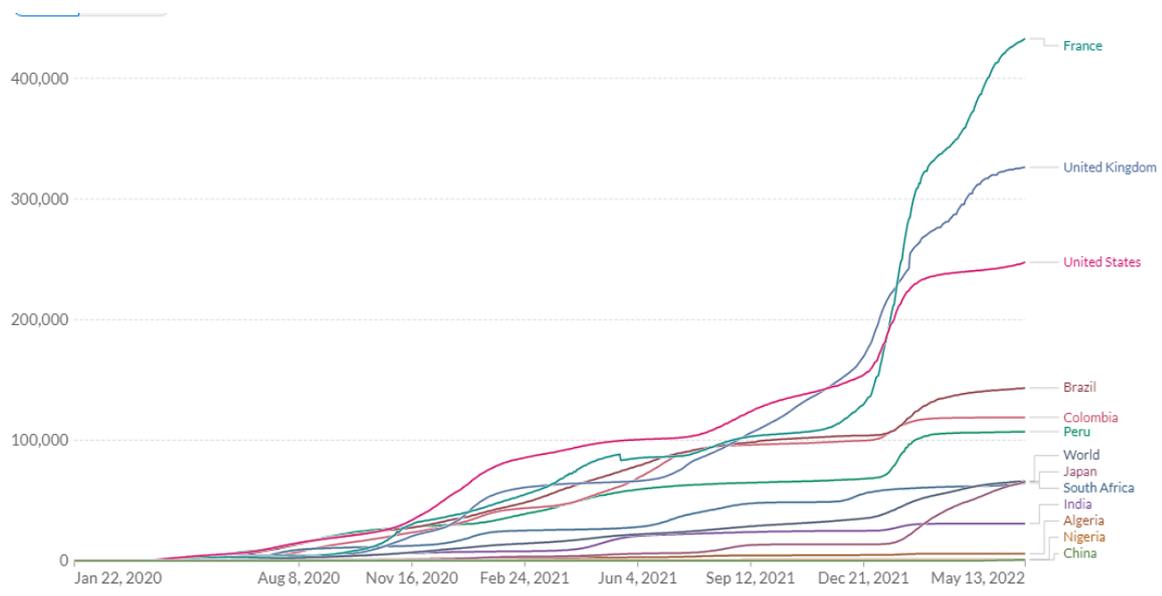


Figure 12 : cas confirmés cumulés de covid-19 par million personne des pays d'origine des variantes covid 19 et l'algerie , France.(13 mai 2022)(ourwourld in data, 2022)

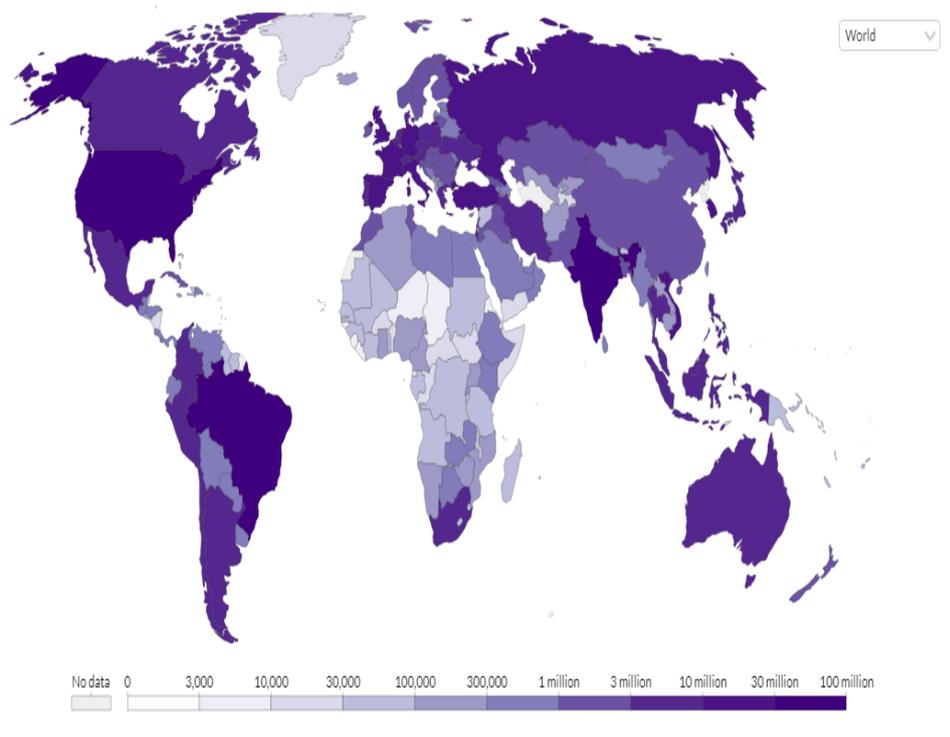


Figure 13: cas cumulatif de covid 19 par pays

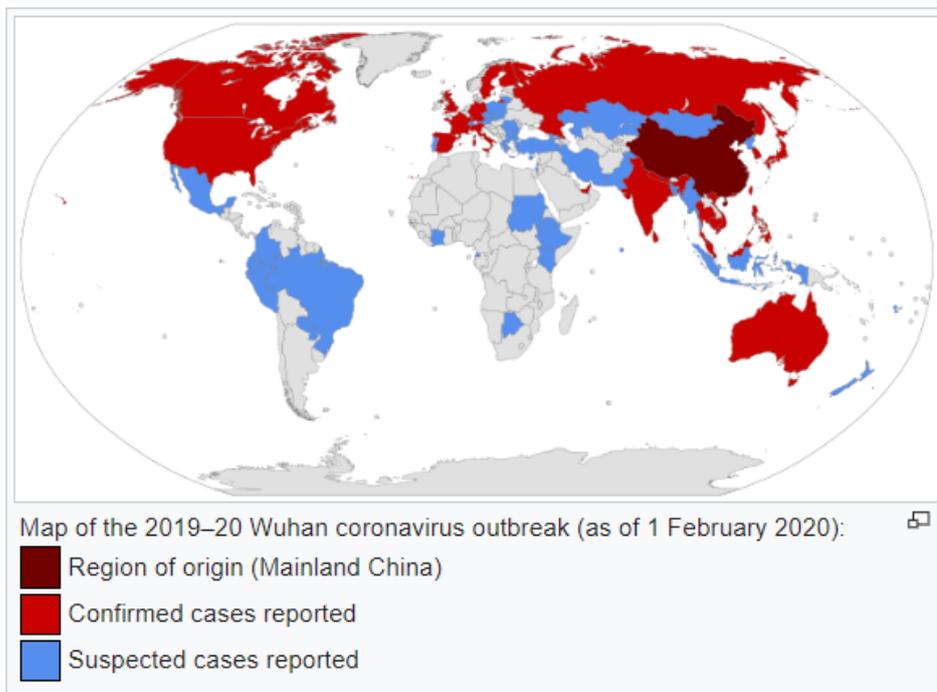


Figure 14: carte de l'écllosion de coronavirus au 1er février 2020 (ourworld in data, 2022)

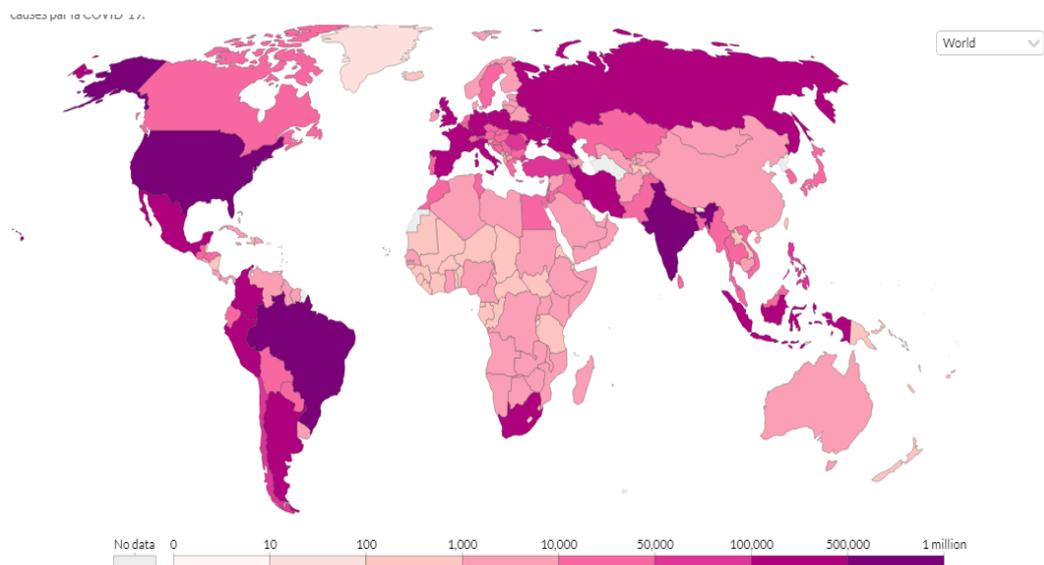


Figure 15: Carte des décès de covid 19 par payés

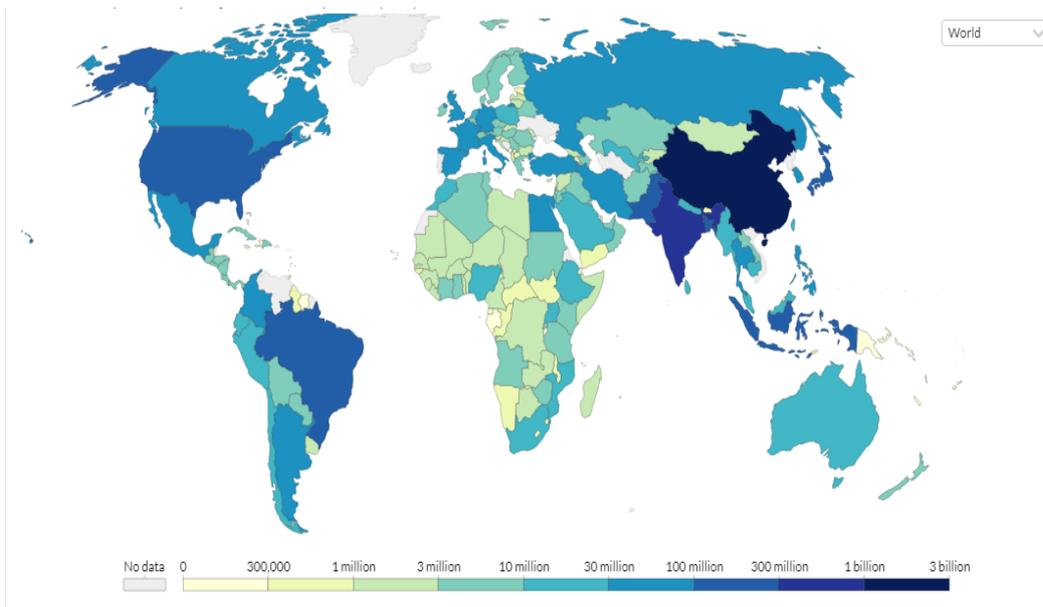


Figure 16: Carte de personne ayant complété le protocole initial de vaccination contre la covid – 19 au monde 11 mai 2022 (ourworld in data, 2022).

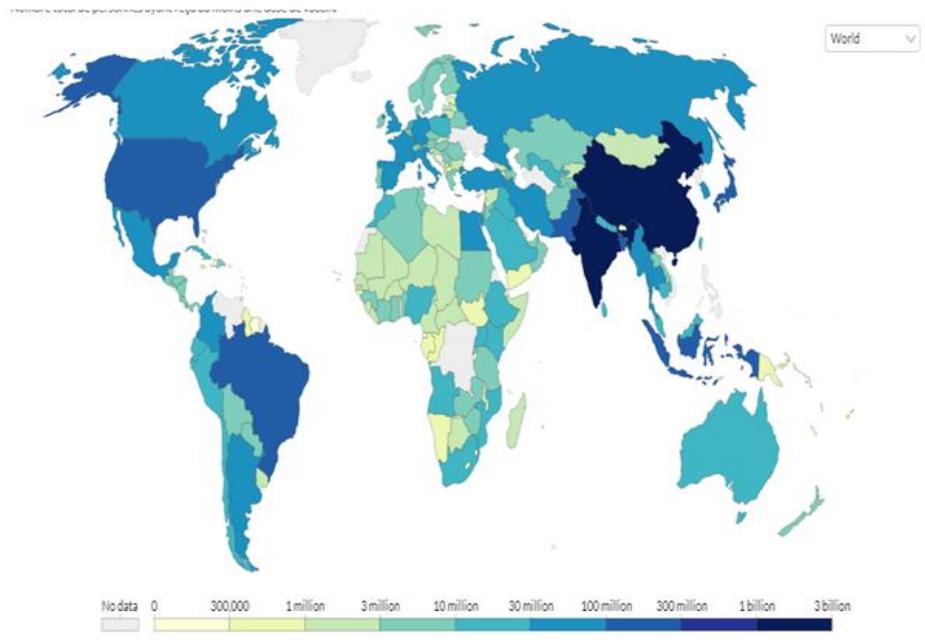


Figure 17: Carte de personne ayant reçu au moins une dose de vaccination contre la covid – 19 au monde 11 mai 2022 (ourworld in data, 2022)

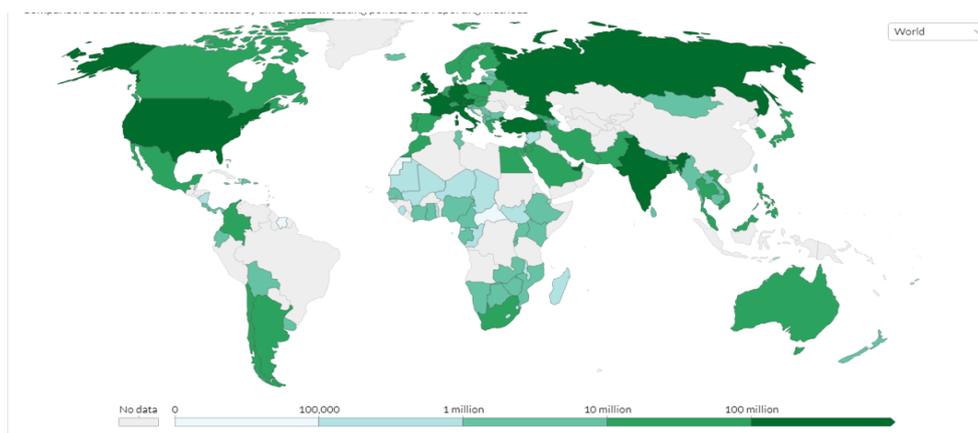


Figure 18: Carte de cumulative covid – 19 tests au monde . 11 mai 2022 (ourworldin data, 2022).

Tableau N°05 : Statistiques mondiales et pays les plus administrées de doses de vaccins.(OMS, 2022)

lieu	Nombre total de doses administrées	Nouvelles doses administrées (1 j*)	Personnes complètement vaccinées	% de la pop. complètement vaccinée
Monde entier	11 695 152 478	4 411 319	4 693 062 496	60,4 %
Chine continentale	3 357 120 000	Aucune donnée	1 251 042 000	89,2 %
Inde	1 909 303 657	1 573 641	872 953 369	64,2 %
États-Unis	580 915 871	30 195	220 502 022	66,9 %
Brésil	435 185 477	168 203	165 160 304	78,2 %
Indonésie	403 052 889	174 274	166 080 531	62,2 %
Japon	275 201 140	278 142	101 730 582	80,8 %
Bangladesh	258 521 352	Aucune donnée	116 692 702	69,3 %
Pakistan	247 400 115	168 254	122 498 034	55,9 %

Tableau N° 06 : Statistiques des continents des personnes vaccinées contre le COVID-19, 24 mai 2022 (OMS, 2022)

lieu	part des personnes avec un protocole initial complet	part des personnes partiellement vaccinées	total	Population
Monde entier	60%	5,90%	66%	7 953 953 000
Europe	66%	2,90%	69%	750 844 406
Asie	70%	5,80%	75%	4 739 616 590
Amérique du nord	64%	8,80%	72%	374 647 375
Amérique du sud	75%	9,50%	84%	668 400 107
Afrique	17%	5,30%	23%	1 406 386 170

Tableau N°07 : les statistiques de vaccination pour quelle que payé d'origine des variantes covid 19 et l'algerie , France . (OMS, 2022)

lieu	Nombre total de doses administrées	Nouvelles doses administrées (1 j*)	Personnes complètement vaccinées	% de la pop. complètement vaccinée	Population
Monde entier	11 791 615 574	4 384 622	4 717 280 262	66%	7 953 953 000
Algérie	15 205 854	Aucune donnée	6 481 186	15,1 %	44 487 616
France	144 310 617	27 736	52 801 578	78,7 %	65 585 000
Colombie	83 585 958	Aucune donnée	35 778 117	72,4 %	51 795 655
Pérou	74 362 871	Aucune donnée	27 221 908	84,7 %	33 035 304
Nigeria	45 161 969	Aucune donnée	16 817 979	8,2 %	206.139.587
Inde	1 924 562 314	1 483 164	882 839 026	64,9 %	1 406 632 000
japan	278 763 261	462 291	101 958 798	81 %	126 314 051
Brésil	437 142 038	Aucune donnée	165 518 807	78,3 %	215 354 000
États-Unis	585 029 684	25 761	221 001 614	67,1 %	334 805 000
sudafric	35 794 074	49 546	18 668 965	31,8 %	57 725 606
Royaume-Uni	142 879 403	Aucune donnée	49 895 254	75,1 %	68 498 000
Chine continentale	3 370 162 000	Aucune donnée	1 252 592 000	89,3 %	1 448 471 000

Grâce à notre suivi des mutations les plus dangereuses, nous avons constaté qu'elles émanaient des pays les plus touchés et continuaient de s'y propager; Par exemple, la variante d'Omicron a décollé du Botswana et a effectué plusieurs mutations en Afrique du Sud qui l'ont transporté en Europe, les États-Unis, l'Inde et d'autres pays les plus touchés. Pour revenir à ce que nous avons mentionné dans le tableau 01 et aux statistiques que nous avons publiées aux étapes précédentes de notre recherche, nous constatons que les pays les plus touchés sont soit les pays d'origine des baby-boomers, soit les pays d'incubation. Les pays les moins touchés, principalement l'Afrique, à l'exception de l'Afrique du Sud, sont des pays qui ont connu la propagation de mutations faibles ou dont les citoyens ont obtenu l'immunité contre le coronavirus en raison de leur longue histoire de pandémies, y compris le paludisme, Ebola et d'autres. Nous sommes également susceptibles d'être des pays isolés qui ne connaissent pas de contacts importants avec les États touchés. De nombreuses personnes vivant dans des régions moins touchées sont également susceptibles d'avoir acquis une immunité contre la COVID-19 parce qu'elles ont été infectées par ce qu'on appelle l'immunité collective. Sans la nécessité de la vaccination qui semble perdre de son efficacité au fil du temps en raison de l'émergence de nouvelles mutations.(<https://www.who.int>)

L'OMS dans son dernier rapport technique intitulé « Amélioration de l'état de préparation pour Omicron (B.1.529) Publié le 17 décembre 2021 dit que l'Omicron se répand rapidement dans les pays où le niveau d'immunité de la population est élevé et on ne sait toujours pas dans quelle mesure le taux de prévalence rapide perçu peut être attribué à l'évitement du système immunitaire, à l'augmentation substantielle de la transmissibilité ou à une combinaison des deux. Cependant, selon les données actuellement disponibles, Delta risque d'être submergé par Omicron dans les endroits où il y a une propagation intercommunale. » . L'OMS confirme également que la période de doublement d'Omicron se situe entre 1,5 et 3 jours et qu'il s'agit d'un taux de prévalence plus élevé que le variant Delta auparavant sans précédent.

La version du rapport préimprimé indique également que le nouveau variant du SRAS-CoV-2 (omicron) prolifère plus rapidement dans les tissus respiratoires humains, mais plus lentement dans les tissus pulmonaires que le variant Delta, ce qui pourrait fournir une explication prometteuse de la façon dont il se propage d'une personne à l'autre si rapidement. " La variante d'Omicron a déjà montré une certaine supériorité par rapport à la variante de Delta dans la vitesse de transmission, la capacité importante d'éviter l'immunité découlant des vaccins actuels et la capacité de causer la réinfection de cas précédemment infectés (c.-à-d. ceux qui devraient être immunisés en raison d'infections antérieures au coronavirus). Bien que les études ne représentent pas des conclusions définitives, il semble certain que la vaccination à deux doses n'est pas suffisante pour assurer une immunité suffisante contre Omicron par rapport au variant Delta.(<https://www.who.int>)

Sans oublier le grand rôle joué par les mouvements mondiaux de transport et les échanges commerciaux dans l'expansion des avant-postes du coronavirus. Il est également probable que les pays qui ont enregistré peu d'infections sont des pays qui ont pris des mesures strictes de quarantaine, de vaccination et autres... En plus de la force de son système de santé comme la Chine, ou sont des pays avec un système de santé usé comme les pays du tiers monde et surtout l'Afrique, sans oublier l'absence de données sur les infections, les cas confirmés ou les cas hospitalisés, manque des tests du coronavirus etc.(<https://unctad.org>)

1. Palmarès des meilleurs systèmes de santé en Europe

Régulièrement, le **Health Consumer Powerhouse** publie un rapport concernant les systèmes de santé en Europe : le *Euro Health Consumer Index* (EHCI). Cette étude classe 35 pays en fonction de la qualité de leur systèmes de soins, en prenant en compte 46 indicateurs. **Le top 10 des pays les mieux notés** est le suivant : Suisse, Pays-Bas, Norvège, Danemark, Belgique, Finlande, Luxembourg, Suède, Autriche, Islande.

2. Performance des meilleurs systèmes de santé dans le monde

Dans son étude 2021 intitulée *Mirror, Mirror 2021 - Reflecting Poorly: Health Care in the U.S. Compared to Other High-Income Countries*, le **Commonwealth Fund** a examiné la performance des systèmes de santé dans 11 pays à travers 5 catégories d'indicateurs. L'objectif ? Évaluer le système américain en le comparant à d'autres systèmes de soins. Les USA ressortent bons derniers du classement résultant de cette étude : Norvège, Pays-Bas, Australie, Royaume-Uni, Allemagne, Nouvelle-Zélande, Suède, France, Suisse, Canada, U.S.A.

Dans le classement **Bloomberg Most Efficient Health Care 2020** qui revient sur la pandémie de Covid-19, ce ne sont pas moins de 56 pays qui sont passés au crible. L'Asie apparaît comme le grand vainqueur de ce palmarès : Singapour, Hong Kong, Taiwan, Corée du Sud, Irlande, Australie, Nouvelle-Zélande, Thaïlande, Japon.

Quels critères pour évaluer les systèmes de santé dans le monde ?

Pour établir un classement, les études s'appuient sur un nombre d'indicateurs plus ou moins important :

- Le **rapport EHCI** note les systèmes de santé en se basant sur des critères tels que le respect du droit et information des patients, l'accès aux soins, les services proposés aux patients, la prévention, les résultats des traitements...
- Le **Commonwealth Fund** compose 5 groupes d'indicateurs : qualité, accessibilité, efficacité, égalité, résultats sur la santé. Ainsi, des données relatives à la sécurité, aux délais d'attente, à l'organisation administrative, ou encore à l'égalité d'accès aux soins sont étudiées.
- **Bloomberg** évalue les systèmes de santé dans le monde en prenant en compte le coût des soins en pourcentage du PIB, le coût des soins par habitant ainsi que l'espérance de vie.

Transport aérien, nombre de vols de transporteurs enregistrés dans le monde

Organisation de l'aviation civile internationale (OACI), ses statistiques mondiales et les estimations des experts.

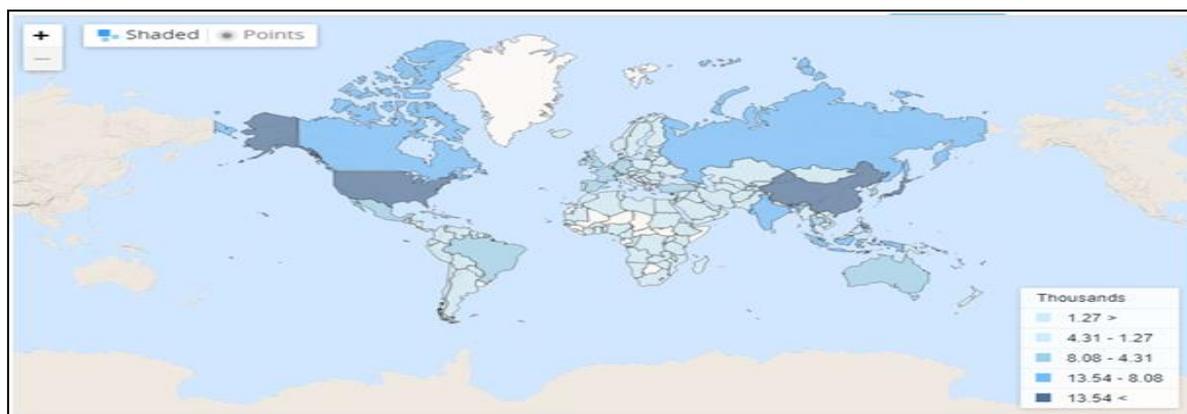


Figure 19:Transport aérien, nombre de vols de transporteurs enregistrés dans le monde
4. Transport aérien, fret (millions de tonnes - km)

Organisation de l'aviation civile internationale (OACI), ses statistiques mondiales et les estimations des experts.

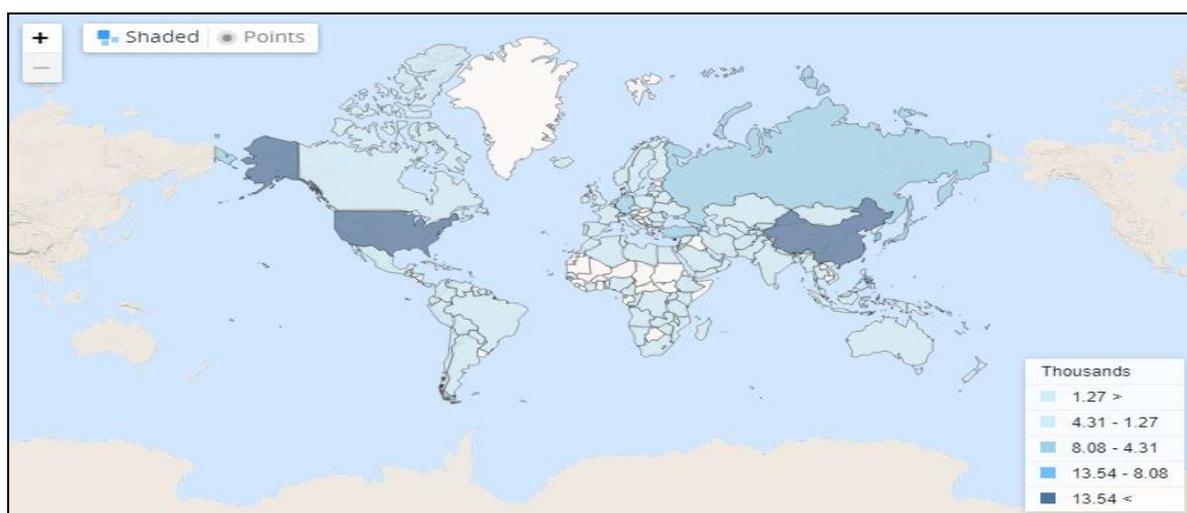


Figure 20: Transport aérien, fret (millions de tonnes - km)

5. Transport aérien, passagers transportés

Organisation de l'aviation civile internationale (OACI), ses statistiques mondiales et les estimations des experts.

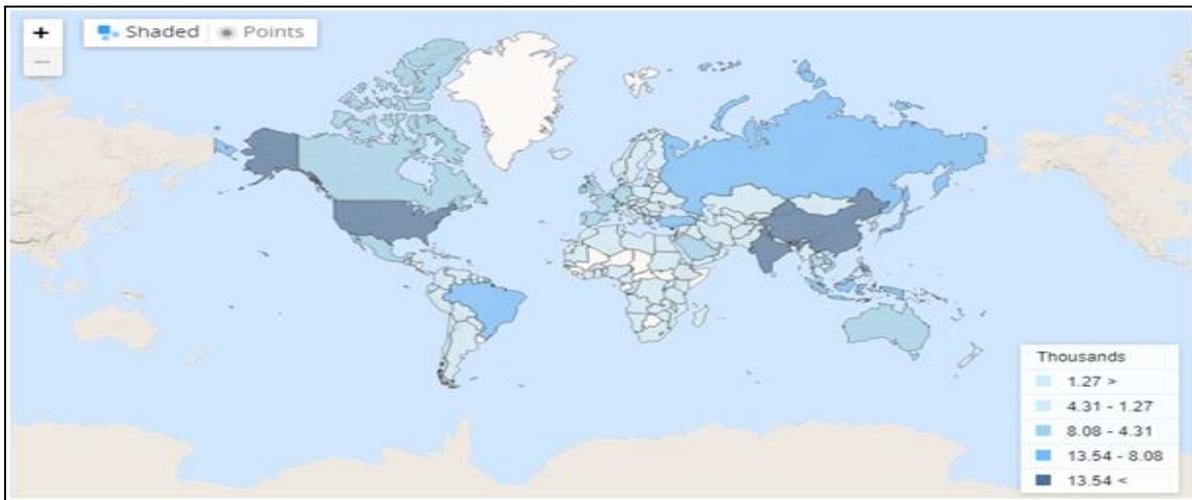


Figure 21:Transport aérien, passagers transportés

6. Transport dans les ports de conteneurs (unités équivalent à 20 pieds)

Containerization International, Annuaire Containerization International.



Figure 22:Transport dans les ports de conteneurs (unités équivalent à 20 pieds)

7. Indice de couplage entre les ports d'État et les ports du monde (valeur maximale en 2004 = 100)

Conférence des Nations Unies sur le commerce et le développement,
Journal of Maritime Transport.

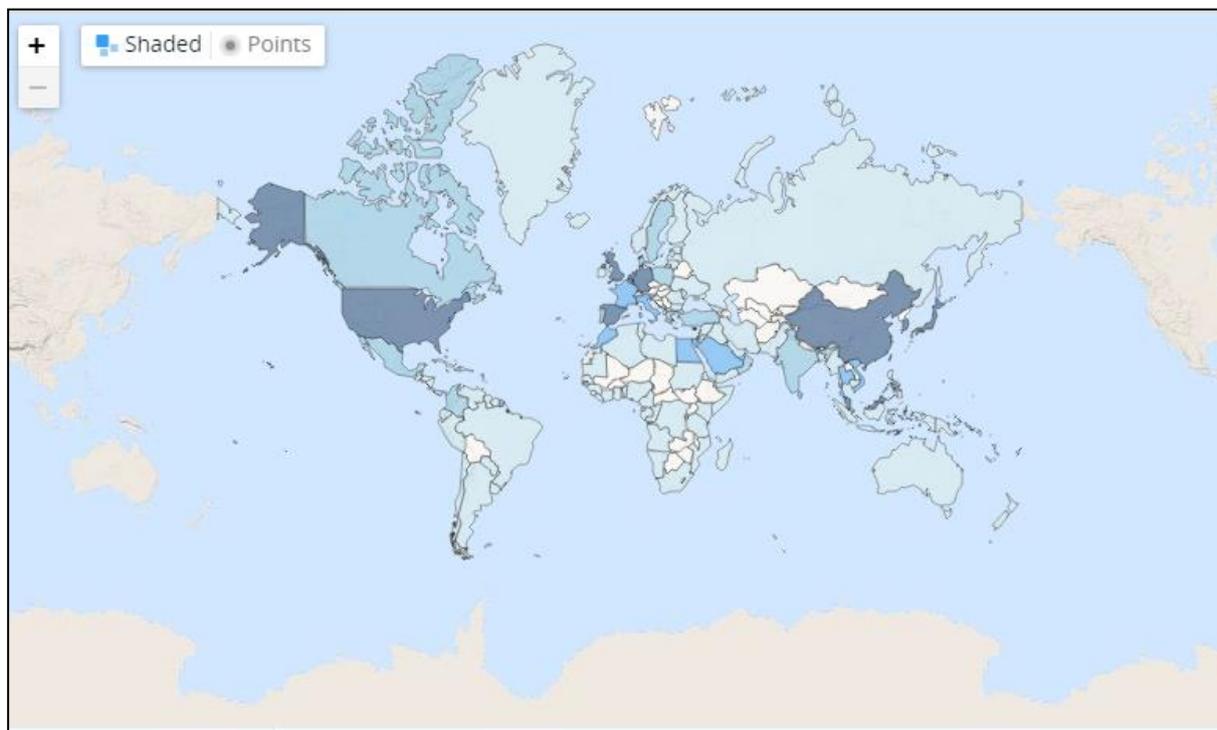


Figure 23: Indice de couplage entre les ports d'État et les ports du monde (valeur maximale en 2004 = 100)

Partie V.

Conclusion et perspectives

La COVID-19 est la maladie infectieuse causée par un coronavirus découvert à Wuhan (Chine) en décembre 2019. Le COVID-19 été pandémie et touché de nombreux pays dans le monde. Cette maladie est transmise par des personnes porteuses du virus. Elle se transmet principalement d'une personne à l'autre par le biais de gouttelettes respiratoires expulsées par le nez ou par la bouche lorsqu'une personne malade tousse, éternue ou parle. Ces gouttelettes sont relativement lourdes, ne parcourent pas de grandes distances et tombent rapidement au sol. Il est possible de contracter la COVID-19 en cas d'inhalation de ces gouttelettes. C'est pourquoi il est important de se tenir à un mètre au moins des autres personnes. Ces gouttelettes peuvent se retrouver sur des objets ou des surfaces autour de la personne malade (tables, poignées de porte et rampes, par exemple). On peut alors contracter la COVID-19 si on touche ces objets ou ces surfaces et si on se touche ensuite les yeux, le nez ou la bouche. Il est donc très important de se laver systématiquement les mains et de toujours respecter les règles d'hygiène respiratoire (les bavettes, la bonne technique de mouchage, lavage des mains...). C'est la meilleure façon de se protéger et de protéger les autres. Les mesures de distanciation sont aussi importantes, il est préférable de toujours garder une distance physique avec les autres personnes.

En Algérie, on observe une alternance de nombre des personnes atteint de COVID-19 au cours de l'infection avec la pandémie. Cette alternative issue du non-respect des règles d'hygiène et des mesures de distanciation.

Selon le ministre de la Santé, de la Population et de la Réforme hospitalière, Abderrahmane Benbouzid, 25 à 30 % du total des cas confirmés d'infection par le nouveau coronavirus en Algérie sont d'origine familiale. Les réunions familiales, notamment les fêtes de mariage et les funérailles, ont été dernièrement les causes directes de l'augmentation du nombre de cas d'infection par SARS-COV-2 à travers les wilayas du pays.

Il est impératif que les citoyens prennent conscience et fassent de l'élimination de cette pandémie une responsabilité collective, en constituant un partenaire de médecins et autres fonctionnaires du secteur de la santé engagés dans cette bataille.

Point de vue virus covid-19 :

- ✓ Il est possible de se protéger, soi-même et ses proches, de la COVID-19 de nombreuses façons. Pour réduire les risques, il faut les connaître et respecter ces précautions élémentaires
- ✓ Suivez les recommandations locales : renseignez-vous sur les conseils formulés par les autorités nationales, régionales et locales afin d'obtenir les informations les plus pertinentes pour le lieu où vous vous trouvez.
- ✓ Gardez vos distances : tenez-vous à une distance d'au moins un mètre des autres, même s'ils ne semblent pas malades, puisqu'il est possible d'être porteur du virus sans avoir de symptômes.
- ✓ Portez un masque : portez un masque à trois couches bien ajusté, en particulier lorsqu'il est impossible de respecter une distanciation physique ou si vous êtes à l'intérieur. Avant de mettre ou d'enlever votre masque, lavez-vous les mains.
- ✓ Pour plus de conseils sur les masques, lisez nos [questions-réponses](#) sur le sujet et regardez les [vidéos](#) que nous proposons sur le port et la fabrication d'un masque.
- ✓ Évitez les lieux et les événements bondés, les espaces intérieurs mal ventilés et les contacts prolongés avec d'autres personnes. Passez plus de temps à l'extérieur qu'à l'intérieur.
- ✓ Il faut aérer : lorsque vous êtes à l'intérieur, ouvrez les fenêtres afin d'augmenter le volume de la ventilation naturelle.
- ✓ Évitez de toucher les surfaces, en particulier dans les lieux publics ou les établissements de santé, car une personne atteinte de COVID-19 pourrait les avoir touchées auparavant. Nettoyez régulièrement les surfaces avec des désinfectants courants.
- ✓ Lavez-vous les mains régulièrement à l'eau et au savon ou avec une solution hydroalcoolique. Si vous le pouvez, ayez sur vous une solution hydroalcoolique et utilisez-la fréquemment.

- ✓ Toussez et éternuez dans votre coude ou dans un mouchoir. Jetez immédiatement le mouchoir usagé dans une poubelle munie d'un couvercle, puis lavez-vous les mains ou utilisez une solution hydroalcoolique.
- ✓ Faites-vous vacciner : Dès que le groupe dont vous faites partie peut être vacciné, faites-vous vacciner. Suivez les conseils et les recommandations communiqués à l'échelle locale concernant la vaccination.

Partie VI. Références bibliographiques

1. Acevedo ML, Alonso-Palomares L, Bustamante A, et al. Infectivity and immune escape of the new SARS-CoV-2 variant
2. AHN, Dae-Gyun, SHIN, Hye-Jin, KIM, Mi-Hwa, et al. Current status of epidemiology, diagnosis, the therapeutics, and vaccines for novel coronavirus disease 2019 (COVID-19), *Journal of microbiology and biotechnology*, 2020, vol : 30(3), 313-324.
3. ALTENA, Ellemarije, BAGLIONI, Chiara, ESPIE, Colin A., et al. Dealing with sleep problem during home confinement due to the COVID-19 outbreak : Practical recommendations from a task force of the European CBT-I Academy. *Journal of Sleep Research*, 2020, p. e13052.
4. Altmann DM, Boyton RJ, Beale R. Immunity to SARS-CoV-2 variants of concern. *Science*. 2021;371(6534):1103.
5. ANDRÉ, Francis E. The future of vaccines, immunisation concepts and practice, *Vaccine*, 2001, vol : 19, no 17-19, p. 2206-2209.
6. Available from
https://www.who.int/docs/defaultsource/coronaviruse/situationreports/20200315-sitrep-55-covid-19.pdf?sfvrsn=33daa5cb_8. Accessed 19 Mar. 2020b.
7. Breteau, P., Baruch, J., Dagorn, G., Ferrer, M., Dahyot, A., & Sanchez, L. (2020). Coronavirus: visualisez l'évolution de l'épidémie en France et dans le monde. *Le Monde*. fr.
8. Chandan, S., Khan, S. R., Deliwala, S., Mohan, B. P., Ramai, D., Chandan, O. C., & Facciorusso, A. (2022). Postvaccination SARS-CoV-2 infection among healthcare workers: A systematic review and meta-analysis. *Journal of Medical Virology*, 94(4), 1428-1441.
9. Chen J, Wang R, Wang M, Wei GW. 2020. Mutations Strengthened SARS-CoV-2 Infectivity. *J Mol Biol* 432:5212-5226.
10. CHEN, Yixin, CHAN, Kwok-Hung, KANG, Yahong, et al. A sensitive and specific antigen detection assay for Middle East respiratory syndrome coronavirus. *Emerging microbes & infections*, 2015, vol : 4, no 1, p. 1-5.

11. CHU, Hin, ZHOU, Jie, WONG, Bosco Ho-Yin, et al. Productive replication of Middle East respiratory syndrome coronavirus in monocyte-derived dendritic cells modulate innate immune response. *Virology*, 2014, vol : 454, p. 197-205.
12. Clark, E., Guilpain, P., Filip, I. L., Pansu, N., Le Bihan, C., Cartron, G., Tchernonog, E., Roubille, C., Morquin, D., Makinson, A., Tuillon, E., & Le Moing, V. (2020). Convalescent plasma for persisting COVID-19 following therapeutic lymphocyte depletion: a report of rapid recovery. *British journal of haematology*, 190(3), e154–e156. <https://doi.org/10.1111/bjh.16981>
13. Coronavirus 2019) -recent trends. *Eur. Rev. Med. Pharmacol. Sci*, 2020, vol : 24, no 4, p. 2006-2011.
14. Corum, Jonathan; Zimmer, Carl. "Coronavirus Variants and Mutations". *The New York Times*. ISSN 0362-4331. Retrieved April 10, 2021.
15. Davis C, Logan N, Tyson G, et al. Reduced neutralization of the Delta (B.1.617.2) SARS-CoV-2 variant of concern following vaccination. *Nature*. 2021;596:276–80.
16. Delta-PCR-testenStatensSerum Institut, 25 février 2021 (consulté le 27 février 2022)
17. DU, Lanying, HE, Yuxian, ZHOU, Yusen, et al. The spike protein of SARS-CoV—a target for vaccine and the therapeutic development, *Nature Reviews Microbiology*, 2009, vol : 7, no 3, p. 226-236.
18. Editorial board, Prevention and Treatment of Corona Virus Disease 2019, *Global Health Journal*, Volume 4, Issue 1, 2020, Page 1-5.
19. FEHR, Anthony R. et PERLMAN, Stanley. Coronaviruses: an overview of their replication and pathogenesis. In : *Coronaviruses*. Humana Press, New York, NY, 2015. p. 1-23.
20. Focosi D, Maggi F. Neutralising antibody escape of SARS-CoV-2 spike protein: risk assessment for antibody-based Covid-19 therapeutics and vaccines. *Rev Med Virol*. 2021. In press.
21. Fontanet A, Autran B, Lina B, Kieny MP, Karim SSA, Sridhar DJTL. SARS-CoV-2 variants and ending the COVID-19 pandemic. *Lancet*. 2021;397(10278):952–4.

22. GISAID hCoV19 Variants (see menu option 'G/484K.V3 (B.1.525), GISAID (consulté le 4 mars 2022) Status for udviklingaf SARS-CoV-2 Variants of Concern (VOC) iDanmark, Statens Serum Institut, 27 février 2021 (consulté le 27 février 2021) « B.1.525 » [archive], cov-lineages.org, Pango team (consulté le 22 mars 2022) Journal La provance , 2020 Grubaugh ND, Hodcroft EB, Fauver JR, Phelan AL, Cevik M. 2021. Public health actions to control new SARS-CoV-2 variants. *Cell* 184:1127-1132.
23. GUARNER, Jeannette. Three emerging coronaviruses in two decades: the story of SARS, MERS, and now COVID-19, 2020, vol : 153 : p 420-421.
24. Gupta RK. Will SARS-CoV-2 variants of concern affect the promise of vaccines? *Nat Rev Immunol.* 2021;21(6):340–1.
25. Hoffmann M, Arora P, Groß R, et al. SARS-CoV-2 variants B.1.351 and P.1 escape from neutralizing antibodies. *Cell.* 2021;184(9):2384–93. e12.
26. Hoffmann M, Arora P, Groß R, et al. SARS-CoV-2 variants B.1.351 and B.1.1.248: escape from therapeutic antibodies and antibodies induced by infection and vaccination. *bioRxiv.* 2021b.
27. Hu J, Peng P, Wang K, Fang L, Luo F-y, Jin A-s, et al. Emerging SARS-CoV-2 variants reduce neutralization sensitivity to convalescent sera and monoclonal antibodies. *Cell Mol Immunol.* 2021;18(4):1061–3.
28. Jean-Luc Gala, Omar Nyabi, Jean-François. Biologie et technologies moléculaires appliquées. Louvain Med, 2020., mai-juin ; 139 (05-06) : 228-235
29. KANNAN, S., ALI, P. Shaik Syed, SHEEZA, A., et al.COVID-19 (Novel
30. Koyama T, Platt D, Parida L. Variant analysis of SARS-CoV 2 genomes. *Bull World HealthOrgan.* 2020;98(7):495–504.
31. Kupferschmidt K, Wadman M. Delta variant triggers new phase in the pandemic. *Science.* 2021;372(6549):1375.
32. LAMBEIR, Anne-Marie, DURINX, Christine, SCHARPÉ, Simon, et al.Dipeptidyl- peptidase IV frombench to bedside: an update on structural properties, functions, and clinical aspects of the enzyme DPP IV. *Critical reviews in clinicallaboratory sciences,* 2003, vol : 40, no 3, p. 209-294.

33. Lazarevic I, Pravica V, Miljanovic D, Cupic M. Immune evasion of SARS-CoV-2 emerging variants: what have we learnt so far? *Viruses*. 2021;13(7).
34. LETKO, Michael, MARZI, Andrea, et MUNSTER, Vincent. Functional assessment of cell entry and receptor usage for SARS-CoV-2 and other lineage B beta coronaviruses. *Nature microbiology*, 2020, vol : 5, no 4, p. 562-569.
35. LI, Fang. Structure, function, and evolution of coronavirus spike proteins, *Annual review of virology*, 2016, vol : 3, p. 237-261.
36. LI, Wenhui, MOORE, Michael J., VASILIEVA, Natalya, et al. Angiotensin-converting enzyme 2 is a functional receptor for the SARS coronavirus. *Nature*, 2003, vol : 426, no 6965, p. 450-454.
37. Liu Z, VanBlargan LA, Bloyet LM, Rothlauf PW, Chen RE, Stumpf S, Zhao H, Errico JM, Theel ES, Liebeskind MJ, Alford B, Buchser WJ, Ellebedy AH, Fremont DH, Diamond MS, Whelan SPJ. 2021. Identification of SARS-CoV-2 spike mutations that attenuate monoclonal and serum antibody neutralization. *Cell Host Microbe* 29:477-488 e4.
38. LUK, Hayes KH, LI, Xin, FUNG, Joshua, et al. Molecular epidemiology, evolution and phylogeny of SARS coronavirus. *Infection, Genetics and Evolution*, 2019, vol : 71, p. 21-30.
39. Lustig Y, Zuckerman N, Nemet I, et al. Neutralizing capacity against Delta (B.1.617.2) and other variants of concern following Comirnaty (BNT162b2, BioNTech/Pfizer) vaccination in health care workers. *Israel*. 2021;26 (26):2100557.
40. Mahase E. Covid-19: novavax vaccine efficacy is 86% against UK variant and 60% against South African variant. *BMJ*. 2021;372:n296.
41. Mallm J-P, Bundschuh C, Kim H, et al. Local emergence and decline of a SARS-CoV-2 variant with mutations L452R and N501Y in the spike protein. *medRxiv*. 2021.
42. Mandavilli, Apoorva (February 24, 2021). "A New Coronavirus Variant Is Spreading in New York, Researchers Report". *The New York Times*. ISSN 0362-4331. Retrieved April 10, 2021.

-
43. Maude Faucher, Ariane Chevrier, Cédric Gagnon, Antoine Béland et Jean-Philippe Corbeil Mise à jour le 05 juillet 2020 : sites officiels du Gouvernement du Québec, Gouvernement du Canada, Organisation mondiale de la santé, Ministère de la Santé des pays concernés.
 44. MEYER, Benjamin, DROSTEN, Christian, et MÜLLER, Marcel A. Serological assays for emerging corona viruses: challenges and pitfalls. *Virus research*, 2014, vol : 194, p. 175-183.
 45. Moyo-Gwete T, Madzivhandila M, Makhado Z, et al. SARS CoV-2 501Y.V2 (B.1.351) elicits cross-reactive neutralizing antibodies. *bioRxiv*. 2021.
 46. Planas D, Bruel T, Grzelak L, et al. Sensitivity of infectious SARS-CoV-2 B.1.1.7 and B.1.351 variants to neutralizing antibodies. *Nat Med*. 2021;27(5):917–24.
 47. PRONKER, Esther S., WEENEN, Tamar C., COMMANDEUR, Harry, et al. Risk in vaccine research and development quantified, *PloS one*, 2013, vol : 8, no 3, p. e57755.
 48. Rees-Spear C, Muir L, Griffith SA, et al. The effect of spike mutations on SARS-CoV-2 neutralization. *Cell Rep*. 2021b;34 (12):108890.
 49. Rees-Spear C, Muir L, Griffith SA, et al. The impact of spike mutations on SARS-CoV-2 neutralization. *bioRxiv*. 2021.
 50. Romero PE, Davila-Barclay A, Salvatierra G, et al. The emergence of SARS-CoV-2 variant lambda (C.37) in South America. *medRxiv*. 2021.
 51. Romero PE, Tsukayama P. 2021. Genomic epidemiology of SARS-CoV-2 in Peru. *Nextstrain*. https://nextstrain.org/community/quipupe/Nextstrain_Peru
 52. Rosa-Aquino, Matt Stieb, Paola (March 21, 2021). "Everything We Know About the Coronavirus Variant Spreading in New York City". *Intelligencer*. Retrieved April 10, 2021.
 53. SAHIN, Ahmet Riza, ERDOGAN, Aysegul, AGAOGLU, Pelin Mutlu, et al. 2019 novel coronavirus (COVID-19) outbreak: a review of the current literature. *EJMO*, 2020, vol : 4, no 1, p. 1-7.
 54. Shen X, Tang H, McDanal C, Wagh K, Fischer W, Theiler J, et al. SARS-CoV-2 variant B. 1.1. 7 is susceptible to neutralizing antibodies elicited by ancestral Spike vaccines. *Cell Host Microbe*. 2021.14;29(4):529-539.

55. Shen X, Tang H, Pajon R, et al. Neutralization of SARS-CoV-2 variants B.1.429 and B.1.351. *N Engl J Med.* 2021;384(24):2352–4.
56. Shinde V, Bhikha S, Hoosain Z, et al. Efficacy of NVX-CoV2373 Covid-19 Vaccine against the B.1.351 Variant. *N Engl J Med.* 2021;1384(20):1899–909.
57. Singh J, Samal J, Kumar V, et al. Structure-function analyses of new SARS-CoV-2 variants B. 1.1. 7, B. 1.351 and B. 1.1. 28.1: clinical, diagnostic. *Therap Public Health Implic.* 2021;13(3):439.
58. Slavov SN, Leister Patane JS, Santos Bezerra Rd, et al. Genomic monitoring unveil the early detection of the SARS-CoV-2 B.1.351 lineage (20H/501Y.V2) in Brazil. *J Med Virol.* 2021;. In press.
59. SOHRABI, Catrin, ALSAFI, Zaid, O'NEILL, Niamh, et al. World Health Organization declares global emergency: A review of the 2019 novel coronavirus (COVID-19). *International Journal of Surgery*, 2020.
60. Spike Variants: Iota variant, aka B.1.526". covdb.stanford.edu. Stanford University Coronavirus Antiviral & Resistance Database. July 1, 2021. Retrieved July 5, 2021.
61. SUTTLE, Curtis A. Viruses in the sea. *Nature*, 2005, vol : 437, no 7057, p. 356-361.
62. Tada T, Zhou H, Dcosta BM, Samanovic MI, Mulligan MJ, Landau NR. SARS-CoV-2 lambda variant remains susceptible to neutralization by mRNA vaccine-elicited antibodies and convalescent serum. *bioRxiv.* 2021.
63. Valentine Poignon, Qu'est-ce qu'un coronavirus ?, 2020 journal doctissimo
64. Vogels CBF, Breban MI, Ott IM, Alpert T, Petrone ME, Watkins AE, Kalinich CC, Earnest R, Rothman JE, Goes de Jesus J, Morales Claro I, Magalhaes Ferreira G, Crispim MAE, Brazil UKCGN, Singh L, Tegally H, Anyaneji UJ, Network for Genomic Surveillance in South A, Hodcroft EB, Mason CE, Khullar G, Metti J, Dudley JT, MacKay MJ, Nash M, Wang J, Liu C, Hui P, Murphy S, Neal C, Laszlo E, Landry ML, Muyombwe A, Downing R, Razeq J, de Oliveira T, Faria NR, Sabino EC, Neher RA, Fauver JR, Grubaugh ND. 2021. Multiplex qPCR discriminates variants of concern to enhance global surveillance of SARS-CoV-2. *PLoS Biol* 19:e3001236.

65. Volz E, Hill V, McCrone JT, et al. Evaluating the effects of SARS CoV-2 spike mutation D614G on transmissibility and pathogenicity. *Cell*. 2021;184(1):64–75. e11.
66. Wang P, Nair MS, Liu L, et al. Antibody resistance of SARS-CoV-2 variants B.1.351 and B.1.1.7. *Nature*. 2021;593 (7857):130–5.
67. Weisblum Y, Schmidt F, Zhang F, DaSilva J, Poston D, Lorenzi JC, Muecksch F, Rutkowska M, Hoffmann HH, Michailidis E, Gaebler C, Agudelo M, Cho A, Wang Z, Gazumyan A, Cipolla M, Luchsinger L, Hillyer CD, Caskey M, Robbiani DF, Rice CM, Nussenzweig MC, Hatzioannou T, Bieniasz PD. 2020. Escape from neutralizing antibodies by SARS-CoV-2 spike protein variants. *Elife* 9.
68. West, Anthony P, Barnes, Christopher O.; Yang, Zhi; Bjorkman, Pamela J. (February 23, 2021). "SARS-CoV-2 lineage B.1.526 emerging in the New York region detected by software utility created to query the spike mutational landscape". *bioRxiv*: 2021.02.14.431043. doi:10.1101/2021.02.14.431043. PMC 8077570. PMID 33907745. S2CID 231981267.
69. WHO Coronavirus disease 2019 (COVID-19) Situation Report – 55 (15 Mar 2020).
70. WHO Report of the WHO-China Joint Mission on Coronavirus Disease 2019 (COVID-19). Available from <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/who-china-joint-mission-on-covid-19-final-report.pdf>. Accessed 02 Mar. 2020a.
71. Wibmer CK, Ayres F, Hermanus T, et al. SARS-CoV-2 501Y.V2 escapes neutralization by South African COVID-19 donor plasma. *Nat Med*. 2021;27(4):622–5.
72. WU, Zhiqiang, YANG, Li, REN, Xianwen, et al. Deciphering the bat virome catalog to better understand the ecological diversity of bat viruses and the bat origin of emerging infectious diseases. *The ISME journal*, 2016, vol : 10, no 3, p. 609-620.
73. ZAKI, Ali M., VAN BOHEEMEN, Sander, BESTEBROER, Theo M., et al. Isolation of a novel coronavirus from a man with pneumonia in Saudi

- Arabia. *New England Journal of Medicine*, 2012, vol : 367, no 19, p. 1814-1820.
74. ZHANG, Cuiling, MARUGGI, Giulietta, SHAN, Hu, et al. Advances in mRNA vaccines for infectious diseases. *Frontiers in Immunology*, 2019, vol : 10, p. 594.
75. Zhou D, Dejnirattisai W, Supasa P, et al. Evidence of escape of SARS-CoV-2 variant B.1.351 from natural and vaccine-induced sera. *Cell*. 2021;184(9):2348–61. e6.
76. ZHOU, Jie, CHU, Hin, LI, Cun, et al. Active replication of Middle East respiratory syndrome coronavirus and aberrant induction of inflammatory cytokines and chemokines in human macrophages : implications for pathogenesis. *The Journal of infectious diseases*, 2014, vol : 209, no 9, p. 1331-1342.
77. ZHOU, Peng, YANG, Xing-Lou, WANG, Xian-Guang, et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*, 2020, vol : 579, no 7798, p. 270-273.
78. ZOU, Xin, CHEN, Ke, ZOU, Jiawei, et al. Single-cell RNA-seq data analysis on the receptor ACE2 expression reveals the potential risk of different human organs vulnerable to 2019-nCoV infection. *Frontiers of medicine*, 2020, p. 1-8.

Les sites web :

1. <https://news.un.org/fr/story/2020/03/1063991>
2. SARS-CoV-2 sequences by variant, Jul 26, 2021, USA Our World in Data
3. "SARS-CoV-2 Variant Classifications and Definitions". CDC.gov. Centers for Disease Control and Prevention. February 11, 2020. Retrieved July 5, 2021.
4. "Tracking SARS-CoV-2 variants". www.who.int. Retrieved June 1, 2021.
5. "PANGO lineages Lineage B.1.526". cov-lineages.org. April 22, 2021. Retrieved April 22, 2021.
6. "outbreak.info". outbreak.info. Retrieved April 10, 2021.

7. https://bioinformaticstools.org/jsbb/blog-single.php?ar=December_2021/The_Omicron_wave-Why_high_transmissibility_and_vaccine_Booster_Dose_necessity_Ar
8. https://bioinformaticstools.org/jsbb/blog-single.php?ar=December_2021LOLPossible_Molecular_Basis_behind_the_late_surge_of_COVID-19_in_Algeria
9. <https://ourworldindata.org/coronavirus>
10. <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situation-reports>
11. World Health Organization. 2021. COVID-19 Weekly Epidemiological Update. Ed. 44. <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19--15-june-2021>
12. Grupo de Trabajo Técnico de naturaleza temporal dependiente de la Presidencia del Consejo de Ministros, creado mediante Resolución Ministerial N° 095-, 2021-PCM. 2021. Criterios técnicos para actualizar la cifra de fallecidos por COVID-19 en Perú. <https://www.gob.pe/institucion/minsa/informes-publicaciones/1944190-criterios-tecnicos-para-actualizar-la-cifra-de-fallecidos-por-covid-19-en-el-peru>
13. <https://www.who.int/fr/emergencies/disease-outbreak-news/item/2020-DON229>)
14. [https://www.who.int/fr/news/item/13-04-2022-statement-on-the-eleventh-meeting-of-the-international-health-regulations-\(2005\)-emergency-committee-regarding-the-coronavirus-disease-\(covid-19\)-pandemic](https://www.who.int/fr/news/item/13-04-2022-statement-on-the-eleventh-meeting-of-the-international-health-regulations-(2005)-emergency-committee-regarding-the-coronavirus-disease-(covid-19)-pandemic)
15. (https://fr.wikipedia.org/wiki/Pand%C3%A9mie_de_Covid-19_en_Alg%C3%A9rie)
16. <https://www.ledevoir.com>)
17. https://www.lexpress.fr/sciences-sante/sante/toux-fievre-fatigue-comment-distinguer-le-covid-19-de-la-grippe-ou-du-rhume_2135384.html)
18. (https://www.has-sante.fr/upload/docs/application/pdf/2020-11/rapport_-_immunit%C3%A9_au_cours_de_linfection_par_le_sars-cov-2_2020-11-30_17-25-10_860.pdf)
19. (https://www.has-sante.fr/upload/docs/application/pdf/2020-11/rapport_-_immunit%C3%A9_au_cours_de_linfection_par_le_sars-cov-2_2020-11-30_17-25-10_860.pdf)

20. (https://www.has-sante.fr/upload/docs/application/pdf/2020-11/rapport_-_immunit%C3%A9_au_cours_de_infection_par_le_sars-cov-2_2020-11-30_17-25-10_860.pdf)
21. (<https://www.who.int/fr/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>)
22. (<https://www.who.int/fr/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>)
23. (<https://unctad.org/fr/news/le-commerce-maritime-resiste-la-tempete-covid-19-mais-doit-faire-face-des-repercussions>)
24. <https://www.who.int/fr/emergencies/disease-outbreak-news/item/2020-DON229>
25. [https://www.who.int/fr/news/item/13-04-2022-statement-on-the-eleventh-meeting-of-the-international-health-regulations-\(2005\)-emergency-committee-regarding-the-coronavirus-disease-\(covid-19\)-pandemic](https://www.who.int/fr/news/item/13-04-2022-statement-on-the-eleventh-meeting-of-the-international-health-regulations-(2005)-emergency-committee-regarding-the-coronavirus-disease-(covid-19)-pandemic)
26. https://fr.wikipedia.org/wiki/Pand%C3%A9mie_de_Covid-19_en_Alg%C3%A9rie
27. (https://www.has-sante.fr/upload/docs/application/pdf/2020-11/rapport_-_immunit%C3%A9_au_cours_de_infection_par_le_sars-cov-2_2020-11-30_17-25-10_860.pdf)
28. (https://www.has-sante.fr/upload/docs/application/pdf/2020-11/rapport_-_immunit%C3%A9_au_cours_de_infection_par_le_sars-cov-2_2020-11-30_17-25-10_860.pdf)
29. https://isde-isde.canada.ca/site/science/sites/default/files/attachments/2023/Condition-Post-Covid_Rapport-2022.pdf
30. <https://www.afro.who.int/fr/news/lafrique-est-confrontee-sa-plus-grande-resurgence-de-covid-19>
31. <https://www.who.int/fr/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>
32. <https://unctad.org/fr/news/le-commerce-maritime-resiste-la-tempete-covid-19-mais-doit-faire-face-des-repercussions>
33. <https://www.afro.who.int/fr/news/lafrique-est-confrontee-sa-plus-grande-resurgence-de-covid-19>

34. <https://unctad.org/fr/news/le-commerce-maritime-resiste-la-tempete-covid-19-mais-doit-faire-face-des-repercussions>)
35. https://www.lexpress.fr/sciences-sante/sante/toux-fievre-fatigue-comment-distinguer-le-covid-19-de-la-grippe-ou-du-rhume_2135384.html