

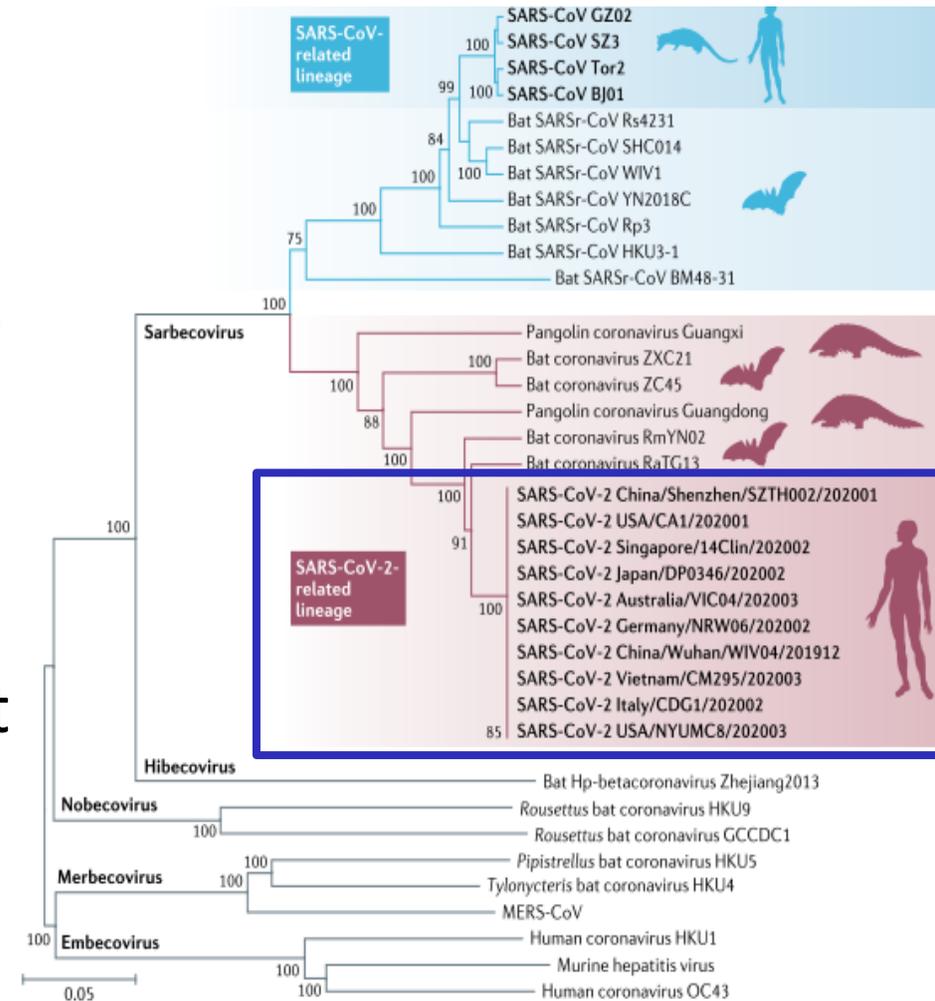
MINISTRE DE LA SANTE, DE LA POPULATION ET DE LA REFORME HOSPITALIERE  
DIRECTION GENERALE DE LA PREVENTION ET DE LA PROMOTION DE LA SANTE  
COMITÉ TECHNIQUE NATIONAL CONSULTATIF SUR LA VACCINATION



## MODULE 2 : Le virus SARS CoV 2

# SARS-CoV2

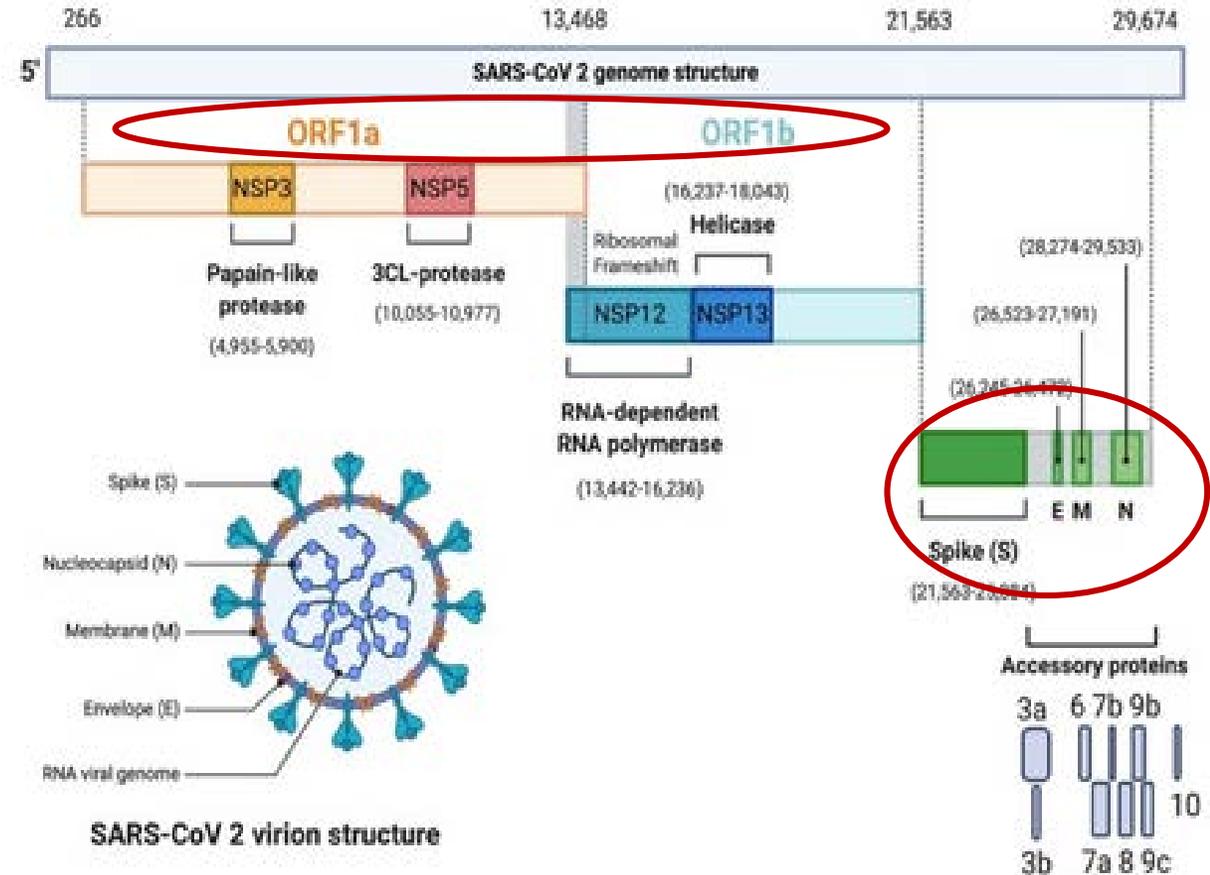
- Apparue en Chine en Décembre 2019, et en Algérie en Février 2020
- Le SARS-CoV2 appartient à la famille des Coronaviridae, genre betacoronavirus, sous-genre Sarbecovirus
- Le sous genre Sarbecovirus regroupe le SARS-CoV, SARSr-CoV de chauves-souris et le SARS-CoV2 (souches de chauve-souris, souches de pangolin et souches humaines)
- Le SARS-CoV2 partage 79% d'identité génomique avec le SARS-CoV et 50% avec MERS-CoV



Ben Hu et al, Nature reviews 2020

# Structure du SARS-CoV2

- Virus enveloppé à ARN
- Il se compose de 6 domaines: **pointe (S)**, enveloppe (E), membrane (M), nucléocapside (N) et réplicase (ORF1a / ORF1b),
- Les 4 gènes structuraux du SARS-CoV2 partagent plus de 90% d'identité d'acides aminés avec ceux du SARS-CoV



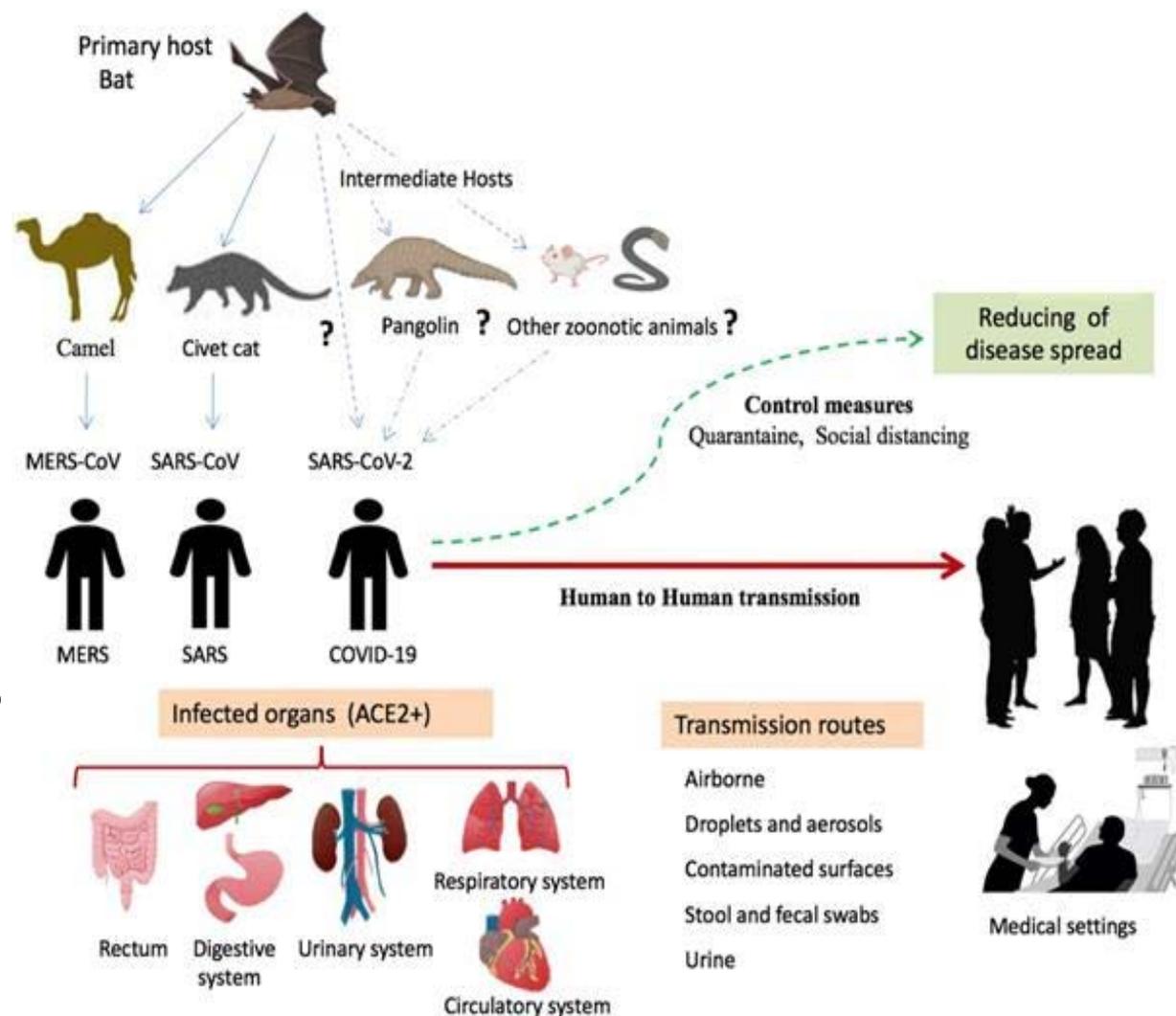
# Transmission du SARS-CoV2

## Zoonose

- Réservoir: Chauve-souris
- Hôte intermédiaire: Pangolin ...

## Transmission interhumaine

- Voies de transmission:
  - Aérienne
  - Gouttelettes de salive et aérosols
  - Surfaces contaminées

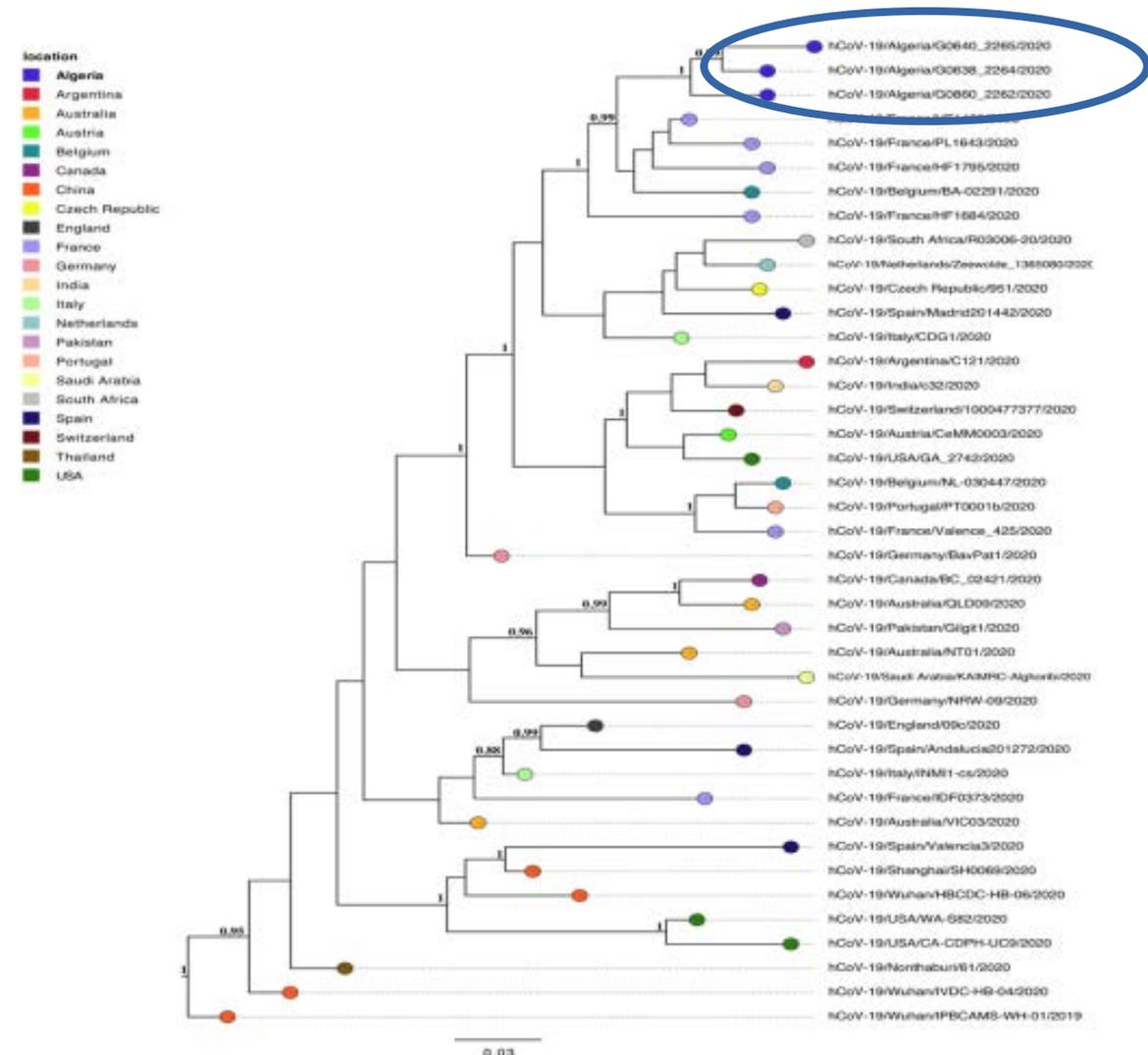


*Kalthoum Tizaoui et al, Int J Biol Sci 2020*

# Séquençage du SARS-CoV2 en Algérie

Le séquençage des souches qui circulent en Algérie a montré que :

- Les souches initiales sont étroitement liées aux séquences en France => l'introduction originale de France
- Les souches ont peu de diversité génétique avec les séquences des autres pays



Safia Zeghib et al, medRxiv preprint 2020

# SARS-CoV2 et Mutations

- SARS-CoV2 subit un taux de mutation environ 2 fois moins que la grippe et 4 fois moins que le VIH.
- Une étude de 27 977 séquences génomiques du SARS-CoV2 dans 84 pays a montré (*Bethany Dearlove et al, PNAS 2020*) :
  - Une stabilité du génome => le virus n'a pas divergé de manière significative depuis le début de la pandémie
  - 02 mutations principales: P4715L dans ORF1ab et D614G dans S
- La mutation D614G dans S détectée en chine le 24 Janvier 2020 est devenue dominante dans le monde créant ainsi une population virale homogène.
- La souche variante B.1.1.7 détectée en Angleterre en Décembre 2020 présente 17 mutations dont la N501Y dans la S.

# Mutations et conséquences sur la vaccination

Les vaccins développés en utilisant l'une de ces séquences devraient, en théorie, être efficaces contre tous les virus en circulation.

Les vaccins actuels devraient susciter des réponses réactives contre les variantes en circulation du SARS-CoV2.

Il est important de suivre les mutations du virus afin d'évaluer l'impact de ces mutations sur la réponse et l'efficacité des vaccins.