

Point épidémiologique COVID-19

Bulletin hebdomadaire n°30 – 04 au 24 Décembre 2020

Editorial : L'année COVID-19. Des leçons et des questions.

C'est la dernière semaine d'une année inédite de tout temps.

Nous voulions avant tout vous remercier pour votre contribution à la tenue de ce modeste bulletin et à la continuité de sa mission, vous adresser chaque semaine des données épidémiologiques régionales concernant les MADO, aussi actuelles et valides que possible et des articles récents de l'actualité des connaissances. Durant la pandémie cela n'a concerné que la COVID-19. Informations nécessaires pour orienter vos actions sur le terrain dans cette interminable lutte contre la dissémination du SARS-COV-2.

Comme l'a déclaré récemment le DG de l'OMS : *"cette pandémie ne sera pas la dernière en soulignant la nécessité de renforcer les capacités de santé publique pour éviter, détecter et limiter les urgences sanitaires....et espère qu'elle soit un simple avertissement et qu'elle permette de mettre en place des protocoles de santé destinés à faire face aux virus à venir."*

Les leçons nous devons commencer à les tirer ensemble. Cette pandémie a dévoilé les limites des structures hospitalières et les grandes lacunes dans nos systèmes de surveillance et de prévention, qui ont poussé la majorité des pays à adopter des mesures moyennageuses tel le confinement pour réduire la progression de la propagation du SARS-COV-2.

Elle a fait comprendre au monde entier

*combien l'expertise épidémiologique est indispensable pour soutenir l'approche santé publique, seule démarche capable d'assurer la pérennité du système de santé nationale et permettre une protection de nos populations contre les dangers permanents qui guettent leur santé.

*Et la nécessaire adhésion et l'implication des populations aux stratégies de prévention et promotion de la santé.

Il nous reste beaucoup à faire, pour arriver à la contenir. Mais quelques soient les mutations du virus et/ou sa contagiosité les espoirs sont permis. La science a fait d'énormes avancées en peu de temps, nous disposons d'un capital de connaissances, d'expériences et de moyens de détections, de protocoles de traitements et de prévention dont les vaccins. Mais notre grande force reste et restera notre capacité à nous organiser, et faire à ce que chaque citoyen par son comportement permette de réduire le risque de propagation du virus

Si nos certitudes ont été remises en causes nos convictions se sont renforcées, pour redonner à la surveillance épidémiologique et la prévention la place qui leur revient dans nos politiques.

Pour 2021 nous allons avec vous développer de nouvelles procédures pour améliorer le recueil, l'analyse et le partage de l'information afin de mieux prévoir et contrôler les risques sanitaires.

En espérant que le pire est passée en 2020 et annoncer la fin prochaine de cette pénible crise en 2021. Nous vous souhaitons une très bonne et heureuse année.

Pr. D. ZOUGHAILECH

Sommaire

- Objectifs et méthode.
- Situation COVID-19 :
 - *En Algérie.
 - *Dans la région Est.
- COVID-19 : Nouveau variant du coronavirus SARS-COV-2 détecté en Angleterre.
- Plateforme de suivi des sujets contacts.
- Bon à savoir.

Objectifs

Ce bulletin hebdomadaire permet le suivi de l'épidémie COVID-19 en région Est. Sur la base de ce suivi, il constitue un moyen de communication entre les différentes wilayas et d'échange sur les méthodes et les moyens de mise en œuvre du plan national de lutte contre cette épidémie ainsi que sur la mise à jour des connaissances récentes essentiellement en matière de prévention et de surveillance épidémiologique.

Méthode :

Sources des données :

- Site officiel du ministère de la santé (chiffres quotidiens base de suivi de l'évolution de l'épidémie).
- Réseau de surveillance épidémiologique e-MADO: surveillance COVID –19.
- Les indicateurs calculés:
 - % Décès: nombre des décès/ nombre cas confirmés.

- % COVID-19 Région sanitaire: nombre cas dans la région/ nombre cas en Algérie.

Situation En Algérie

Du 04 au 24 Décembre

Depuis le 25 Février, début de l'épidémie COVID-19 dans notre pays, et jusqu'au 24 Décembre 2020:

- Nombre des cas confirmés (par RT-PCR): **97 007 (11 080 nouveau cas)**.
- Nombre de décès: **2705 (225 nouveau décès)**.
- % Décès: **2.8%**.
- Moyenne des cas déclarés par jour: **528 cas**.

La période du 04 au 24 Décembre a été caractérisée par une baisse continue du nombre des cas confirmés et une stabilité relative du nombre des décès due au COVID-19.

NB: Les données entre parenthèses représentent la période du 04 au 24 Décembre.

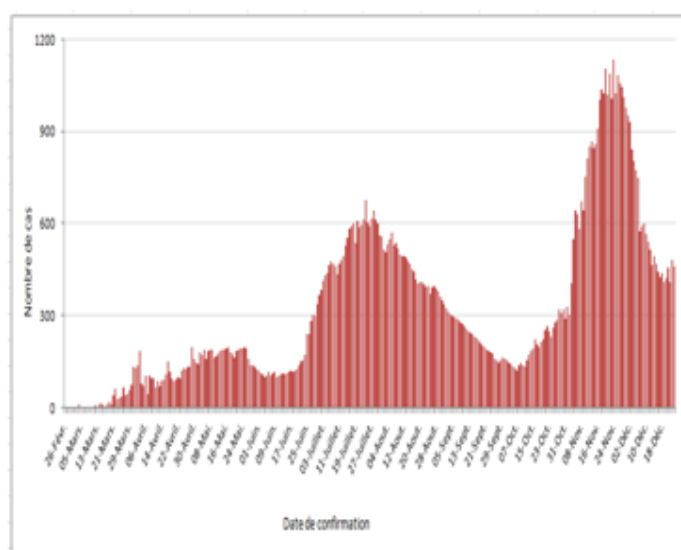
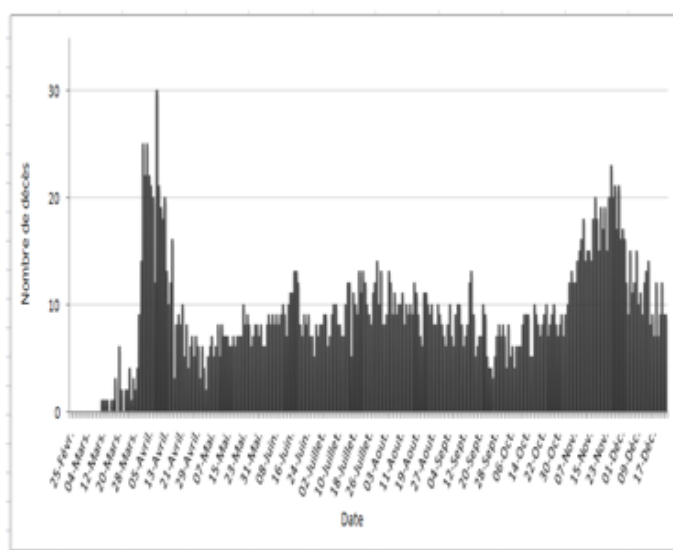


Figure 1 : Répartition des cas confirmés COVID-19 par date de confirmation
Algérie, 24/12/2020
(Source: Institut National de Santé Publique)



*: la date est celle de confirmation ou de décès.
Figure 2: Répartition des décès COVID-19 par date
Algérie, 24/12/2020
(Source: Institut National de Santé Publique)

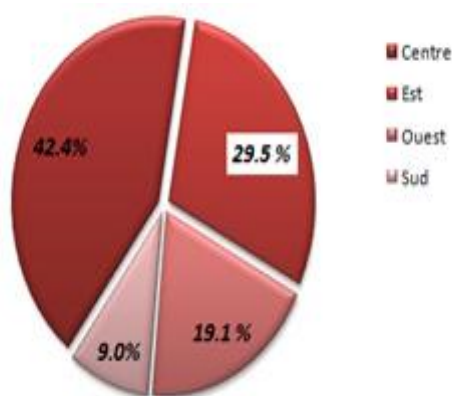


Figure 3 : Proportion des cas confirmés COVID-19 selon la région sanitaire
Algérie, 24/12/2020
(Source: Institut national de santé publique)

Tableau 1: Répartition de la proportion des décès COVID-19 par région sanitaire
Algérie, 24/12/2020

(Source: Institut National de Santé Publique)

Région sanitaire	Cas confirmés		Décès		% Décès
	Cumulés	Nouveau *	Cumulés	Nouveau **	
Centre	41 095	4 590	1 257	111	3.1
Est	28 623	2849	921	72	3.2
Ouest	18 542	3131	256	19	1.4
Sud	8 747	510	271	23	3.1
Total	97 007	11080	2 705	225	2.8

*: Nouveaux cas COVID-19 enregistrés pendant la période du 04 au 24 Décembre.

*: Nouveaux décès COVID-19 enregistrés pendant la période du 04 Novembre au 24 Décembre

Situation dans l'Est Algérien

Du 04 au 24 Décembre

Depuis l'enregistrement du premier cas le 12 Mars à l'Est Algérien et jusqu'au 24 Décembre 2020:

Proportion du COVID-19 en Région Est: **29.5 % de l'ensemble des cas en Algérie.**

14 wilayas touchées **soit** tout l'Est Algérien.

Nombre de cas confirmés: **28 623 (2849 nouveaux cas).**

67 % des nouveaux cas étaient enregistrés au niveau des wilayas de **Constantine, M'sila, Batna, Jijel et Sétif.**

Nombre de décès: **921 (72 nouveaux décès).**

% Décès: **3.2%.**

NB: les données entre parenthèses représentent la période du 04 au 24 Décembre.

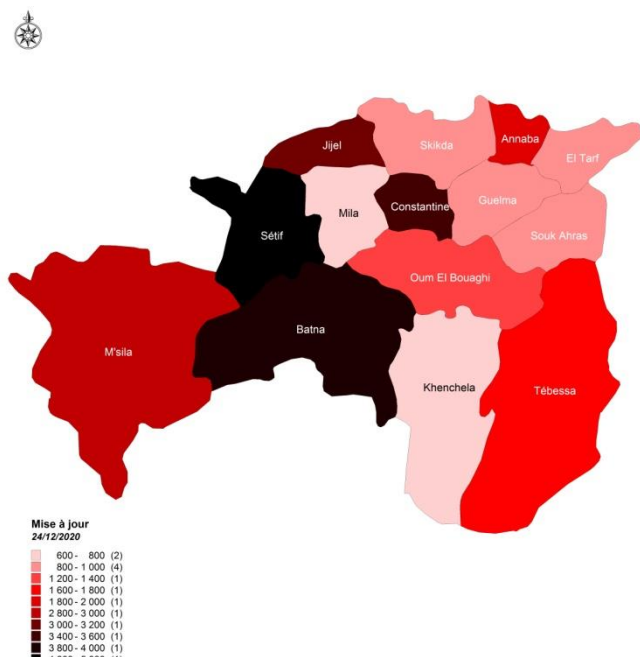
**Tableau 2: Répartition de la proportion des décès COVID-19 par wilaya
Est Algérien, 24/12/2020**

(Source: Institut National de Santé Publique)

Wilaya	Cas confirmés		Décès		% Décès
	Cumulés	Nouveau *	Cumulés	Nouveau **	
Sétif	4960	342	247	17	5.0
Batna	3988	385	68	1	1.7
Constantine	3464	426	88	11	2.5
Jijel	3155	354	68	5	2.2
M'sila	2855	391	59	3	2.1
Annaba	1945	99	46	1	2.4
Tébessa	1797	232	98	7	5.5
Oum El Bouaghi	1327	138	60	2	4.5
Skikda	926	98	24	2	2.6
Guelma	905	79	26	6	2.9
Souk Ahras	889	104	21	4	2.4
El Tarf	848	130	36	3	4.2
Khenchla	794	18	29	3	3.7
Mila	770	53	51	7	6.6

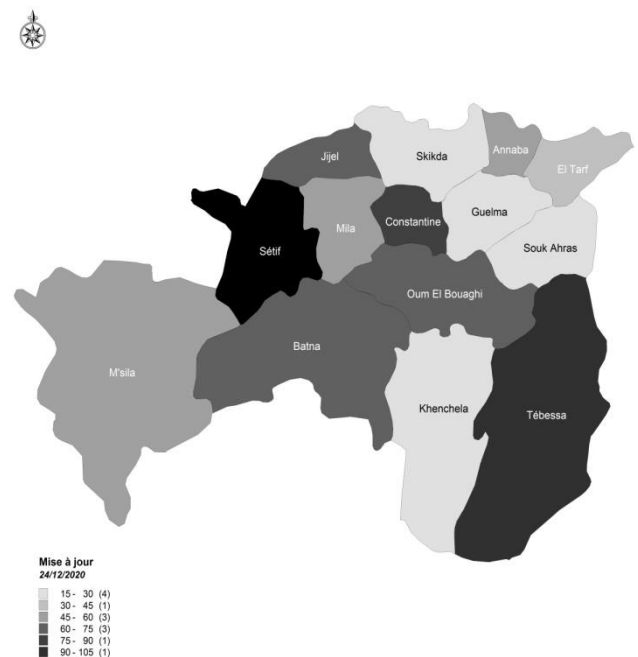
* : Nouveaux cas COVID-19 enregistrés pendant la période du 04 au 24 Décembre.

** : Nouveaux décès COVID-19 enregistrés pendant la période du 04 au 24 Décembre.



**Figure 4 : Répartition du nombre de cas confirmés COVID-19
Région Est, 24/12/2020**

(Source: Institut National de Santé Publique)



**Figure 5 : Répartition du nombre de décès par COVID-19
Région Est, 24/12/2020**

(Source: Institut National de Santé Publique)

COVID-19 : Réseau e-MADO

Du 04 au 24 Décembre

Entre le 04 et 24 Décembre, **87 cas** COVID-19 ont été signalés via le réseau de surveillance e-MADO :

- 16 cas ont été confirmés.
- 71 cas probables.

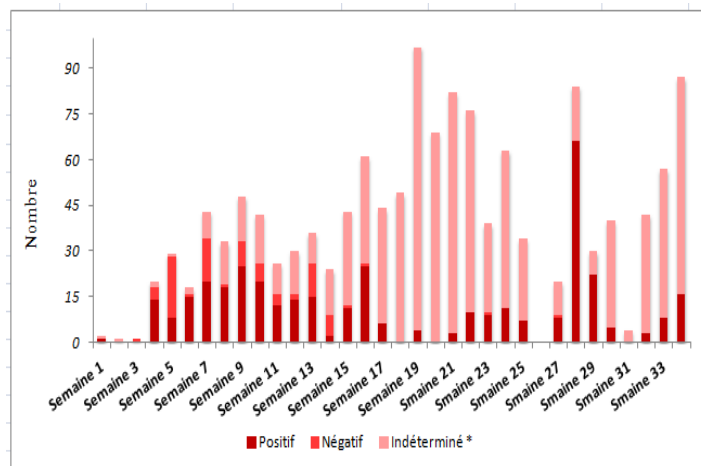


Figure 6: Répartition des cas COVID-19 selon le résultat du prélèvement et la semaine d'enregistrement sur e-MADO
04 au 24 Décembre (Source: Réseau e-MADO)

Tableau 4 : Prise en charge des cas confirmés et probables COVID-19
04 au 24 Décembre (Source: Réseau e-MADO)

Caractéristiques	Cas confirmés (16)	Cas Probables (71)
Hospitalisation (n/N)		
Service clinique	16/16	65/71
Soins intensifs	-	-
Non précisée	-	6/71
Délai d'hospitalisation (Jours) (entre le début des signes et l'hospitalisation)		
Médiane (IIQ*)	..	05 (02 – 08)
Délai de prélèvement (Jours) (entre le début des signes et la réalisation du prélèvement)		
Médiane (IIQ*)	01 (00-02)	02 (02– 19)
Délai de confirmation (Jours) (entre la réalisation du prélèvement et le résultat)		
Médiane (IIQ*)	..	-
Durée de séjour (Jours)		
Médiane (IIQ*)	07 (04-10)	07 (05-09)
Test RT-PCR (n/N)		
Réalisé	16/16	-
Non réalisé	-	68/71
Résultat en cours	-	3/71
Traitement au protocole (n/N)		
Oui	16/16	68/71
Non	-	1/71
Non précisé	-	2/71
Evolution (n/N)		
Guérison	10/16	61/71
Favorable	-	2/71
Complication	-	-
Décès	6/16	6/71
Non précisé	-	2/71

* : Intervalle Inter Quartile.

** : Données non disponibles.

Tableau 3 : Caractéristiques des cas confirmés et probables COVID-19
04 au 24 Décembre (Source: Réseau e-MADO)

Caractéristiques	Cas confirmés (16)	Cas Probables (71)
Wilaya (n/N)		
Sétif	16/16	69/71
Oum El Bouaghi	-	2/71
Age ans (n/N)		
Médiane (IIQ*)	59 (37-75)	67 (57-76)
15 – 44	5/16	8/71
45 – 64	5/16	24/71
65 et plus	6/16	39/71
Sexe (n/N)		
Masculin	11/16	39/71
Féminin	5/16	32/71
Nature d'exposition (n/N)		
Contact avec un cas confirmé	-	-
Travail dans un établissement de santé	-	-
Indéterminée	16/16	71/71
Co morbidité (n/N)		
Avec co morbidité	-	2/71
Sans co morbidité ou non précisée	16/16	69/71
Caractéristiques cliniques (n/N)		
Fièvre	16/16	68/71
Toux	16/16	69/71
Asthénie	15/16	65/71
Céphalées	-	2/71
Signes digestifs	-	2/71
Anosmie et/ou agueusie	-	1/71
Myalgies/courbatures	-	4/71
Dyspnée	-	4/71

* : Intervalle Inter Quartile.

Tableau 5 : Contact tracing des cas confirmés et probables COVID-19
04 au 24 Décembre (Source: Réseau e-MADO)

Contact tracing	Cas confirmés (16)	Cas Probables (71)
Nombre des enquêtes réalisées	16/16	71/71
Nombre des sujets contacts des cas	86	387
Nombre Moyen des sujets contacts par cas	6	5
Nombre des cas positifs parmi les contacts	1	6
Nature des contacts		
Contacts familiaux	16	70
Indéterminée ou en cours d'investigation	-	-

COVID-19 : Nouveau variant du coronavirus SARS-COV-2 détecté en Angleterre [5]

Un nouveau variant du coronavirus SARS-CoV-2, le virus responsable de la Covid-19, pourrait être à l'origine d'une transmission accrue de cette maladie dans certains endroits du Royaume-Uni. En conséquence, le gouvernement britannique a mis en place, dans plusieurs régions, y compris à Londres, de nouvelles restrictions dites de « niveau 4 » (« Tier 4 »), plus drastiques. Les habitants des zones concernées ne pourront pas passer Noël avec des personnes extérieures à leur foyer. Ailleurs dans le pays, les réunions ne seront autorisées que le jour même de Noël.

Le Premier ministre Boris Johnson et ses principaux conseillers scientifiques ont déclaré que suite à l'émergence de ce nouveau variant, la transmission de la maladie pourrait augmenter jusqu'à 70 %, et que le nombre de reproduction effectif pourrait s'accroître de 0,4 (le nombre de reproduction est une estimation du nombre moyen d'individus que peut contaminer une personne infectée).

Pour comprendre les implications de cette découverte et faire le point sur ce que nous savons pour l'instant, The Conversation a interrogé Lucy van Dorp, chercheuse en génomique microbienne et experte de l'évolution des pathogènes.

Que savons-nous de ce nouveau variant ?

La première annonce concernant ce nouveau variant détecté au Royaume-Uni, dénommé VUI-202012/01 ou lignage B.1.1.7 a été faite le 14 décembre dernier par le ministre de la Santé britannique. L'information a ensuite été confirmée par Public Health England et le consortium britannique dédié au séquençage lié à l'épidémie de COVID-19. Un examen des bases de données portant sur le SARS-CoV-2 a révélé que le premier échantillon contenant ce nouveau variant a été prélevé dans le comté du Kent le 20 septembre.

Le profil génétique - ou génome - de ce variant est porteur de 14 mutations, dont sept sont situées dans les régions codant pour la protéine Spike, qui sert de médiateur pour l'entrée du virus dans les cellules humaines. Il s'agit d'un nombre de modifications relativement important par rapport aux nombreuses variantes en circulation dans le monde.

À ce jour, le génome de ce nouveau variant a été largement séquencé (et les données partagées) à partir d'échantillons recueillis principalement au Royaume-Uni. Il a toutefois également été trouvé au Danemark, ainsi qu'en Australie, à deux reprises. Un cas a aussi été signalé aux Pays-Bas. Il faut souligner que ces pays ont tous mis en place des politiques de séquençage du virus importantes, ce qui signifie qu'il est très possible que ces observations ne reflètent pas la véritable répartition mondiale de ce variant viral : il pourrait être présent ailleurs, mais ne pas être détecté faute d'un volume de séquençage suffisant. Nous en saurons plus à mesure que de nouveaux génomes seront séquencés et partagés.

Grâce au partage des données, à la surveillance génomique et aux résultats des tests COVID-19 menés au Royaume-Uni, on constate que ce variant semble commencer à prendre le pas sur les autres. Il pourrait être responsable dans certaines régions du pays d'un nombre de cas de Covid-19 croissants, en particulier dans les endroits où ledit nombre augmente rapidement.

Dans ce type de situation, il est toujours très difficile de distinguer la cause de l'effet. Ainsi, l'augmentation de l'apparition de certaines mutations peut être due à l'augmentation de la fréquence des lignages viraux qui les portent, mais pas forcément parce que ceux-ci se transmettent mieux ; une explication alternative pourrait être que ces variants sont juste présents dans des zones où la transmission est élevée, en raison de certaines activités humaines locales ou des politiques de santé publique qui y ont été mises en place par exemple.

Cependant, bien que le succès de ce nouveau variant puisse s'expliquer de cette façon, les premières observations menées jusqu'à présent justifient le fait d'apporter un soin tout particulier à sa caractérisation et sa surveillance, ainsi que de mettre en place des interventions pour en enrayer la transmission.

Ce nouveau variant est-il plus dangereux ?

Le médecin en chef [Chris Whitty](#) a déclaré sans ambiguïté qu'il n'y avait pas de preuve à ce jour que ce variant du SARS-CoV-2 modifie la gravité de la maladie, que ce soit en termes de mortalité ou de sévérité des cas développés par les personnes infectées. Des travaux sont en cours pour le confirmer.

Comment se produisent les mutations des virus ?

Les mutations font naturellement [partie de l'évolution des virus](#). Dans le cas du SARS-CoV-2, ces mutations peuvent résulter d'erreurs aléatoires lors de la réplication du virus. Elles peuvent aussi être [induites](#) par des protéines antivirales présentes chez les personnes infectées. Enfin, elles peuvent survenir par recombinaison, une sorte de « brassage » génétique. Cependant, jusqu'ici [aucun signe de recombinaison n'a été détecté pour le SARS-CoV-2](#).

La plupart des mutations virales sont généralement sans effet. Ainsi, lorsque nous avons évalué les mutations ponctuelles qui ont affecté plus de 50 000 génomes viraux durant la première vague de la pandémie, nous n'en avons détecté aucune qui ait modifié de manière significative [la capacité du virus à survivre et à se reproduire](#).

Il arrive cependant de temps à autre qu'une mutation, ou dans le cas présent une combinaison particulière de mutations, offre au virus un nouvel avantage. Si l'environnement épidémiologique le permet, les virus porteurs de ces combinaisons de mutations avantageuses peuvent alors voir leur fréquence augmenter dans la population, sous l'effet de la sélection naturelle.

D'où vient ce nouveau variant ?

Pour l'instant, nous ne le savons pas. Jusqu'à présent, les scientifiques n'ont pas identifié de virus étroitement apparentés permettant d'étayer la théorie selon laquelle ce variant aurait été introduit dans le pays. Les profils de mutations observés sur la base des données actuellement disponibles plaident plutôt en faveur d'une [longue période d'évolution adaptative](#), qui se serait très probablement passée au Royaume-Uni.

Des [profils de mutation](#) similaires à ceux-ci ont été [observés](#) lors de l'évolution du virus SARS-CoV-2 chez [des patients chroniquement infectés, dont le système immunitaire est plus faible que la normale](#). L'hypothèse actuelle est qu'un tel scénario d'infection chronique, chez un seul patient, pourrait avoir [joué un rôle dans l'émergence de ce variant](#). De nouvelles recherches vont être menées pour le préciser.

Combien de variants du SARS-CoV-2 avons-nous trouvés jusqu'ici ?

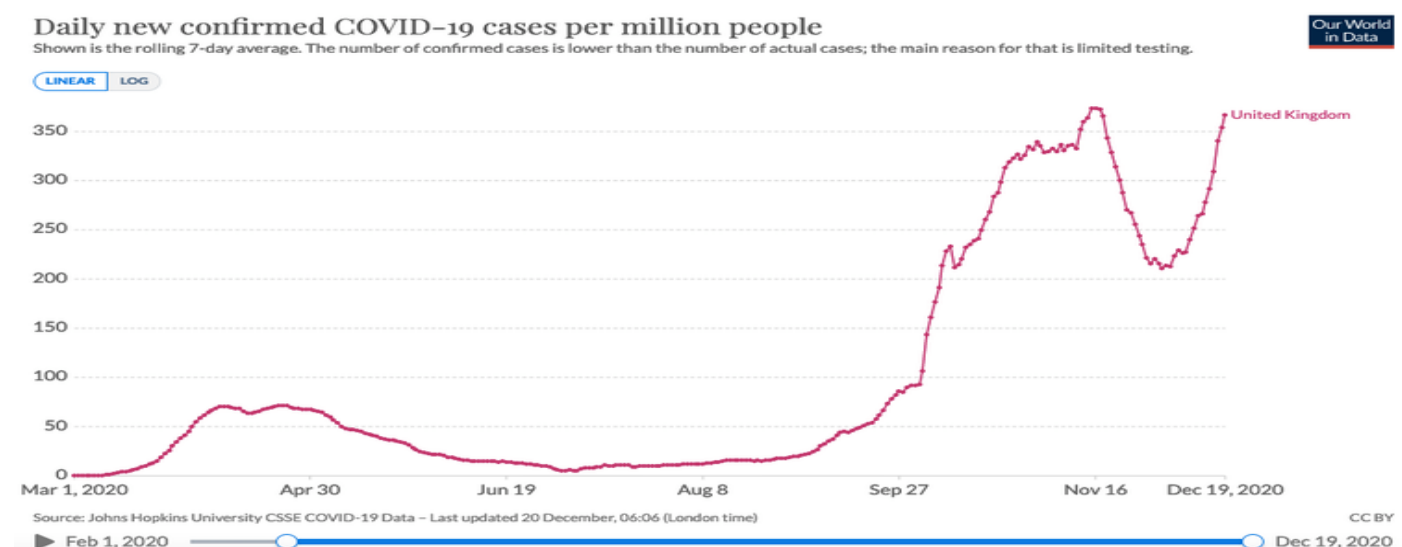
Il existe plusieurs milliers de lignages de SARS-CoV-2, lesquels diffèrent les uns des autres par [un petit nombre de mutations](#) en moyenne. La découverte de ce nouveau variant ne remet pas en cause le fait que les souches de SARS-CoV-2 actuellement en circulation dans le monde présentent une faible diversité génomique.

Si subtiles soient-elles, les mutations présentes dans les différents lignages peuvent cependant être très utiles pour [reconstituer les modèles de transmission](#). Au début de la pandémie, par exemple, au moins un millier d'[introductions du SARS-CoV-2 au Royaume-Uni](#) ont pu être identifiées suite à leur attribution à différents lignages.

Pourquoi ce variant est-il différent ?

Il est important de souligner que de nombreuses mutations présentes dans ce nouveau variant britannique ont déjà été observées dans d'autres variants du SARS-CoV-2 auparavant, et ce parfois assez tôt dans la pandémie. Cependant, ce variant comporte un nombre et une combinaison de mutations inhabituels. Il a [précédemment été montré](#) que l'une de ces mutations, N501Y, augmente la liaison du virus aux [récepteurs de nos cellules](#). N501Y a été séquencée pour la première fois dans un virus présent au Brésil en avril 2020.

Elle est actuellement associée à un variant du SARS-CoV-2 dont la fréquence augmente également en Afrique du Sud - un lignage indépendant de B.1.1.7 qui mérite également d'être prise en compte.



Le nouveau variant serait à l'origine de l'augmentation des taux de transmission au Royaume-Uni. [OurWorldInData](#), [CC BY-SA](#)

Les délétions particulières identifiées dans la protéine Spike de B.1.1.7 sont apparues dans de multiples autres lignées du virus, à une fréquence croissante. Elles sont également observées dans les cas d'infections chroniques, où elles peuvent altérer l'antigénicité – c'est-à-dire la capacité du virus à être reconnu par les anticorps produits par le système immunitaire. Ces délétions peuvent également être associées à d'autres mutations situées dans la région de liaison de la protéine Spike du coronavirus. C'est notamment le cas de mutations observées lors d'infections du vison d'élevage, ainsi que d'une mutation dont on sait qu'elle a joué un rôle dans la capacité du virus à échapper au système immunitaire chez l'être humain. Le nouveau variant B.1.1.7 possède également un gène ORF8 tronqué, or les délétions dans cette région ont été associées à une diminution de la gravité de la maladie.

L'effet fonctionnel de ces mutations et délétions, en particulier lorsqu'elles se trouvent combinées comme dans le cas de B.1.1.7, reste à déterminer. Le nombre élevé de mutations constatées dans ce variant particulier et la récente augmentation de sa prévalence, ainsi que l'importance biologique potentielle de certaines des mutations concernées, mettent l'accent sur la nécessité d'approfondir les recherches.

Quelles implications en matière de vaccin ?

Pour l'instant, nous ne le savons pas. Ce qui est rassurant, c'est que les vaccins entraînent une réponse anticorps large, dirigée contre l'ensemble de la protéine Spike. Leur efficacité ne devrait donc pas être entravée de manière significative par les mutations. Des essais visant à le confirmer sont en cours.

Toutefois, il existe un faisceau de preuves de plus en plus nombreuses indiquant que d'autres espèces de coronavirus saisonniers sont dans une certaine mesure capables d'échapper à l'immunité au fil du temps. Il n'est donc pas inconcevable que nous devions un jour actualiser les vaccins destinés à lutter contre la Covid-19, comme nous le faisons pour ceux ciblant la grippe, afin de les adapter aux variants en circulation au moment de leur utilisation.

Il est trop tôt pour dire si cette situation se présentera. Ce qui est certain en revanche, c'est que le séquençage approfondi du génome des divers variants du coronavirus SARS-CoV-2, le partage des données résultantes et la mise en place de protocoles permettant de suivre leurs émergences et leurs devenir constitueront des éléments essentiels pour collecter les informations nécessaires à l'atteinte de cet objectif.

Plateforme de suivi des sujets contacts

- L'interruption de la transmission d'une maladie à flambée épidémique et fortement contagieuse comme covid19, se fonde sur la défection précoce et l'isolement rapide des nouveaux cas.
- Au cours d'une flambée ou il y a une transmission interhumaine, les nouveaux cas ont une grande probabilité d'apparaître parmi les contacts identifiés d'un cas suspect, probable ou confirmé.
- C'est pour cette raison la recherche et l'identification et le suivi des contacts (élément important des enquêtes épidémiologiques et la surveillance active) représente l'un des piliers de contrôle et de lutte contre de l'épidémie covid19.
- La plateforme de suivi des sujets contacts (Initiative 100% Algérienne) représente un moyen de collecte et de gestion des données concernant les sujets contacts d'un cas COVID-19.
- **Objectif:**
 - ✓ Identifier et suivre les sujets contacts (enquête autour des cas).
- **Intérêt: Outil épidémiologique**
 - ✓ Facilite la collecte et la gestion des données (malades et contacts).
 - ✓ Evaluer le risque et soutenir la prise de décisions opérationnelles.
- **Formation :**
 - ✓ Des séances de formation ont été organisées par l'Observatoire Régional de Santé au profit des enquêteurs autour des cas COVID-19 de la région Est sous la supervision des fondateurs de la plateforme.
 - ✓ La formation a été assurée pour 12 wilayas de l'Est Algérien.
- **Résultats :**
 - ✓ Plus de 800 enquêtes ont été enregistrées sur la plateforme et plus de 3000 sujets contacts.

Tracker COVID-19

- Application Mobile compatible avec la majorité des appareils modernes.
- Dédiée aux enquêteurs autour des cas COVID-19.
- Permet de collecter des données sur le malade et leurs contacts.
- Permet de suivre les sujets contacts pendant 14 jours.
- Collecteur Offline / Online (sauf l'envoi des données au serveur nécessite une source internet).
- Géo localisation GPS.

Sentinel COVID-19

- Application Desktop.
- Dédiée aux DSP et aux SEMEP.
- Serveur certifié et hébergé au niveau du ministère de la santé.
- Monitoring général: visualisation des données sur les malades, les contacts et le suivi des contacts).
- Mapping: créations cartographiques.
- Projection des données: graphes, cartes, tableau.
- Alertes: localisation des clusters et des zones hautement touchées.

COVID-19 : Bon à savoir

- L'utilisation d'outils numériques pour atténuer la pandémie de COVID-19: étude rétrospective comparative de six pays.

Disponible sur: <https://publichealth.jmir.org/2020/4/e24598/>

Références bibliographiques:

1- Coronavirus disease (COVID-2019) Pandemic, Viewdashboard, WHO.

Disponible sur: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>.

2- Situation update worldwide, ECDC.

Disponible sur: <https://www.ecdc.europa.eu/en/geographical-distribution-2019-ncov-cases>.

3- Ministère de la Santé de la Population et de la Réforme Hospitalière.

Disponible sur: <http://covid19.sante.gov.dz/fr/acceuil/>

4- Institut national de santé publique.

Disponible sur: <http://insp.dz>

5- Nouveau variant du coronavirus SARS-COV-2 détecté en Angleterre.

Disponible sur: <https://theconversation.com/nouveau-variant-du-coronavirus-sars-cov-2-detecte-en-angleterre-que-faut-il-savoir-152398#:~:text=La%20premi%C3%A8re%20annonce%20concernant%20ce,ministre%20de%20la%20Sant%C3%A9%20britannique>

Equipe de rédaction:

D. Zoughailech¹

Professeur en épidémiologie.

M. Hamouda¹

Assistante en épidémiologie.

S.Naidja¹

Assistante en épidémiologie.

H. Naidja²

Doctorante en Urbanisme.

1/ Observatoire Régional de Santé « Est ».

2/ Université 3 Constantine.

Nous tenons à remercier l'ensemble des SEMEP de la région qui ont contribué à la réalisation de ce bulletin en signalant les cas COVID-19 sur le réseau e-MADO.

**O
R
S
T**



Laboratoire d'hygiène Daksi Abdesslem Constantine



031 61 36 57



orstdz@gmail.com

