

# JOURNAL D'INFORMATIONS --- PHARMACOLOGIE

*COVID-19 : Vaccins et  
variants*



## SOMMAIRE

---

EDITORIAL .....	3
<b><i>Lutte contre la Covid-19 : Une plateforme pour assurer la «vaccinovigilance» à l'EHU d'Oran</i></b> .....	3
<i>COVID-19 : le séquençage, cet indispensable outil pour traquer le virus</i> .....	4
<i>Variant anglais : nouvelle mutation et nouveaux symptômes</i> .....	7
<i>L'Afrique du Sud remet en cause l'efficacité du vaccin AstraZeneca face au variant : .....</i>	9
Coronavirus: que sait-on des variants brésilien et sud-africain?.....	10
Mutation du SARS COV2 .....	11
Toujours dans la lutte contre le COVID-19.....	14

***Lutte contre la Covid-19 : Une plateforme pour assurer la «vaccinovigilance» à l'EHU d'Oran***

**TOUMI.H**

Un site web a été récemment élaboré par l'équipe mixte constituée du laboratoire de recherche et de développement pharmaceutique et du laboratoire d'informatique de l'université d'Oran 1. Cette plateforme vise à constituer une base de données des vaccinations à l'établissement hospitalier 1er Novembre 1954 d'Oran.

La plateforme assure les prises de rendez-vous pour la vaccination, première et deuxième doses, et permet au patient de déclarer les effets indésirables pouvant survenir suite à l'administration du vaccin. Le site web projette de constituer une base de données qui recensera l'ensemble des effets indésirables et leurs fréquences d'apparition.

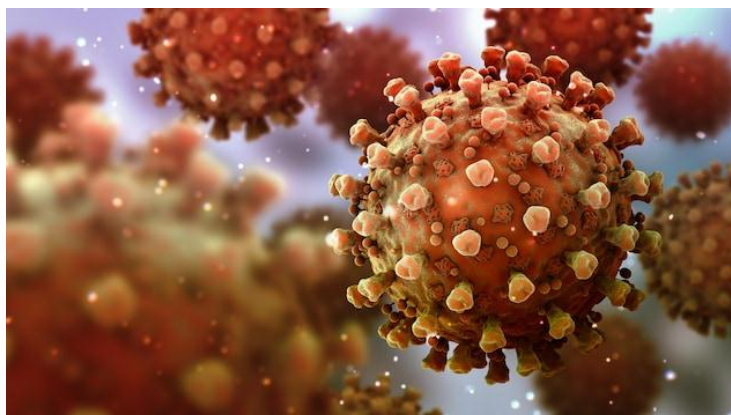
Il est à noter que 181 membres du personnel soignant ont été vaccinés à l'EHU d'Oran.

Chaque vacciné fait l'objet d'un suivi en temps réel par la plateforme qui gère en continu l'ensemble des données reçues. Par la suite, chaque patient vacciné se verra attribué un code-barres QR, qui regroupera toutes ces données des vaccinations.

Le site web a été développé par l'équipe mixte constituée par le laboratoire de recherche et de développement pharmaceutique et le laboratoire d'informatique de l'université d'Oran 1, à sa tête le Pr Toumi, chef de service de pharmacologie de l'EHU 1er Novembre d'Oran, et le Pr Djamila Hamdadou, informaticienne à l'université d'Oran 1 et membre d'une équipe d'un laboratoire de recherche. «Nous sommes dans l'attente d'une généralisation au niveau national», nous a-t-on enfin déclaré, le site n'étant, pour l'heure, accessible qu'au niveau de l'EHU d'Oran

## COVID-19 : le séquençage, cet indispensable outil pour traquer le virus

Betaouaf.H



Pour surveiller les modifications du coronavirus susceptibles d'aggraver la pandémie ou de rendre les vaccins moins efficaces, les scientifiques doivent séquencer son génome. Mais peu de pays effectuent et partagent cette surveillance laborieuse, complexe et nécessaire.

Les experts s'inquiètent donc autant des mutations à risque qui passent sous les radars que de celles qu'ils peuvent repérer.

La publication de la première séquence génomique du SRAS-CoV-2 en janvier 2020, au tout début de la pandémie, a permis de l'identifier comme un nouveau coronavirus et commencer à développer des tests de diagnostic et des vaccins.

Depuis, des dizaines de milliers de séquences ont été téléchargées sur des bases de données publiques, permettant de suivre les mutations avec une précision et une vitesse jamais atteintes auparavant.

La part du lion de ces informations provient d'un seul pays : la Grande-Bretagne.

Mi-janvier, GISAID – une importante plateforme de partage de données créée à l'origine pour surveiller la grippe – avait reçu 379 000 séquences. Parmi celles-ci, 166 000 provenaient de la COVID-19 Genomics UK (COG-UK), un partenariat entre autorités sanitaires et établissements universitaires.

C'est la première fois que nous voyons comment un agent pathogène évolue à cette échelle, relève Ewan Harrison, directeur de la stratégie et de la transformation au COG-UK et membre du Wellcome Sanger Institute, où une grande partie du séquençage est effectuée.

Actuellement, le programme séquence 10 000 génomes par semaine (environ 6 % des cas connus en Grande-Bretagne) et l'objectif est de doubler ce chiffre.

Le Royaume-Uni a écrasé tout le monde, déclare Emma Hodcroft, épidémiologiste à l'Université de Berne et co-développeuse du projet international de suivi du virus, Nextstrain. Le Danemark, relève-t-elle, séquence et partage aussi régulièrement les

données, mais les informations provenant de la plupart des autres pays sont, au mieux, sporadiques.

## Le séquençage, une priorité

Le séquençage a identifié des variants préoccupants en Grande-Bretagne, en Afrique du Sud et au Brésil.

Le nouveau variant à propagation rapide au Royaume-Uni est comme une mini-pandémie au sein de la pandémie, dit le Dr Harrison. Sans surveillance systématique, les scientifiques n'auraient peut-être pas encore compris qu'il change la donne.

L'alerte précoce n'a pas empêché sa propagation – des dizaines de pays l'ont détecté – mais elle a permis à d'autres de se préparer. Sans l'avertissement des scientifiques britanniques, le monde naviguerait à l'aveuglette, renchérit Emma Hodcroft.

D'autres variants du virus ne sont devenus visibles que lorsqu'ils se sont répandus à l'international à partir de leur point d'origine.

Ce mois-ci, par exemple, une nouvelle souche, porteuse d'une mutation appelée E484K et dont les chercheurs craignent qu'elle puisse échapper à l'immunité, a été identifiée au Japon chez des personnes arrivant du Brésil.

Pour l'Organisation mondiale de la santé (OMS), une meilleure capacité de séquençage est une priorité.

Maria Van Kerkhove, responsable technique de la COVID-19 de l'OMS, a récemment qualifié d'incroyable le nombre de séquences partagées jusqu'à présent, mais a

déploré qu'elles ne proviennent que d'une poignée de pays.

Selon l'OMS, une révolution dans l'investigation génomique des virus a contribué à une meilleure compréhension de plusieurs maladies, d'Ebola à la grippe. Pour la première fois, le séquençage génomique peut aider à guider la réponse de santé publique à une pandémie en temps quasi réel.

Lorsqu'un autre coronavirus, le SRAS, a commencé à se propager en 2002, seuls trois variants du génome ont été partagés publiquement pendant le premier mois et 31 au troisième mois.

Cette fois, six génomes étaient à la disposition des chercheurs du monde entier quelques semaines après l'apparition du virus. En six mois, 60 000 étaient publiés.

Au départ, le nouveau coronavirus n'a pas montré beaucoup de diversité génétique, indique Emma Hodcroft, même s'il a explosé à travers l'Europe.

À l'été 2020, de nouvelles souches sont apparues, remplaçant les versions précédentes du virus. Les mutations font partie de l'évolution virale et se produisent lorsque le virus se réplique. Il s'agit essentiellement de fautes de frappe, explique la Dre Hodcroft.

La plupart des nouvelles souches ne confèrent aucun avantage au virus, certaines lui sont même défavorables. Mais parfois, une mutation augmente le caractère infectieux ou provoque une maladie plus grave.

Plus un virus infecte de gens, plus la possibilité de mutation est grande, et la probabilité augmente chez une personne

dont le système immunitaire est chroniquement affaibli. C'est peut-être ainsi que le nouveau variant est apparu au Royaume-Uni, et les chercheurs séquencent maintenant les souches provenant de patients immunodéprimés, indique le Dr Harrison, de COG-UK.

Le séquençage systématique à l'échelle nationale a donné aux chercheurs de nouvelles perspectives sur la transmission virale.

Cela a permis par exemple d'identifier un trajet en minibus (dans lequel étaient transportées un groupe de personnes) comme origine d'un foyer épidémique dans un hôpital.

L'étape suivante consiste à étudier comment les différentes mutations affectent la transmission du virus, la gravité de la

#### **Bibliographie :**

1. BERTRAND BLAY, COVID-19, le séquençage, cet indispensable outil pour traquer le virus, covid-19 : tout sur la pandémie, revue radio canada, 26 janvier 2021

maladie et l'efficacité du vaccin, et à prédire le plus rapidement possible le comportement d'un nouveau variant.

Pour l'OMS, le séquençage mondial aidera à mieux comprendre le monde des agents pathogènes émergents et leurs interactions avec les humains et les animaux dans une variété de climats, d'écosystèmes, de cultures, de modes de vie, etc.

Mais le séquençage à grande échelle est complexe sur le plan logistique. L'Institut Wellcome Sanger, au sud de Cambridge, en Angleterre, stocke les dizaines de milliers d'échantillons qu'il reçoit chaque jour dans d'énormes congélateurs et il a conçu toute une infrastructure robotique pour les trier et les utiliser dans ses recherches.

## Variant anglais : nouvelle mutation et nouveaux symptômes

Tachema.A

Le variant anglais est en train d'acquérir la mutation la plus préoccupante du variant sud-africain. Et une nouvelle étude révèle que ses symptômes diffèrent de ceux provoqués par la souche initiale avec plus de toux et d'éternuements, et moins de perte de goût et d'odorat.

C'est le variant du variant. Alors que le variant anglais gagne de plus en plus de terrain en France, représentant jusqu'à 20% des cas en Île-de-France, des chercheurs britanniques ont découverts des cas qui sont en train d'acquérir la mutation la plus préoccupante du variant sud-africain. Concrètement, les chercheurs ont découvert la mutation E484K, également présente dans le variant brésilien, sur 11 génomes du variant anglais B.1.1.7, comme l'a rapporté l'agence de santé publique anglaise dans un rapport publié le lundi 1<sup>er</sup> février.

Une mutation qui échappe plus facilement au système immunitaire

Cette nouvelle mutation qui modifie l'ARN du virus diminuerait l'efficacité des anticorps. Elle serait apparue simultanément en Angleterre et au Pays-de-Galles et a été détectée grâce au séquençage du virus. De toutes les mutations observées jusqu'à présent, la E484K est *"la plus inquiétante de toutes"*, a estimé Ravi Gupta, professeur de microbiologie à l'université de Cambridge, à l'AFP mi-janvier. Elle rendrait le virus encore plus vicieux puisqu'elle est capable de réduire la capacité des anticorps à le reconnaître et donc à le neutraliser.

Potentiellement, cela pourrait signifier que les personnes qui ont été infectées par ce variant présentant cette mutation soient moins bien immunisées que ceux qui ont été contaminées par la souche classique.

Ravi Gupta a confirmé que cette mutation est problématique. Avec son équipe de chercheurs ils ont créé en laboratoire un coronavirus non infectieux disposant de cette mutation et ont constaté que *"E484K augmente considérablement la quantité d'anticorps nécessaire pour prévenir l'infection des cellules"*. Cette nouvelle donnée ne signifie pas que les vaccins seront moins efficaces. Pfizer a récemment confirmé que son vaccin est efficace contre le variant anglais et estimé qu'il l'est également sur le sud-africain, ce qui peut vouloir dire qu'il l'est également sur la nouvelle mutation du variant britannique.

La mutation, plus contagieuse que le variant ?

La question d'une sur-contagiosité de cette nouvelle mutation se pose également. Le 6 janvier, une étude prépubliée dans la revue bioRxiv, a indiqué que le variant anglais est 2,5 fois plus contagieux que la souche traditionnelle du SARS-CoV-2. En rajoutant la mutation E484K, le virus pourrait être jusqu'à 13 fois plus apte à s'accrocher à

nos cellules. *“Les virus sont complexes, une meilleure accroche aux cellules ne veut pas forcément dire un meilleur virus”*, tempère Björn Meyer, virologue à l’institut Pasteur, interrogé par le *HuffPost*. S’accrocher aux cellules ne signifie pas nécessairement les pénétrer et donc les infecter et il est connu qu’un virus trop bien agrippé à son récepteur a plus de mal à l’infecter.

Une nouvelle étude, publiée le 29 janvier dans le *British Medical Journal*, révèle que le variant anglais entraîne des symptômes différents de ceux liés à la souche initiale. Menée sur 6 000 participants, cette étude suggère que la toux est plus présente et concerne 35% des patients contre 28% chez

les patients atteints de la première souche. *“On retrouve avec le variant anglais un peu moins de ces signes caractéristiques que sont la perte du goût ou de l’odorat. Il y en a, mais c’est moins fréquent*, ajoute Rémi Salomon, président de la Commission médicale d’établissement des hôpitaux de Paris, au micro d’*Europe 1*. *Par contre, on retrouve davantage la toux, peut-être aussi des éternuements, ainsi que des maux de gorge.”* Ces symptômes qui génèrent des projections importantes de gouttelettes pourraient expliquer pourquoi ce variant est plus contagieux, *“du moins c’est une hypothèse”*, estime Rémi Salomon. De nouvelles études vont être menées en France pour approfondir ces résultats.



## L'Afrique du Sud remet en cause l'efficacité du vaccin AstraZeneca face au variant :

---

Boussebat.A

Le dimanche 7 février, l'Afrique du Sud a annoncé suspendre temporairement son programme de vaccination contre le Covid-19, qui devait démarrer dans les prochains jours avec un million de vaccins développés par Oxford et AstraZeneca, après une étude révélant une efficacité « limitée » contre le variant sud-africain.

« C'est un problème temporaire, nous devons suspendre les vaccins Astrazeneca jusqu'à ce que nous ayons résolu ces problèmes », a déclaré dimanche le ministre de la Santé, Zweli Mkhize, lors d'une conférence de presse en ligne.

Selon les premiers résultats, ce vaccin est efficace à seulement 22% contre les formes modérées du virus. Aucun résultat n'est encore disponible sur son efficacité contre les formes graves.

Il s'agit, pour la totalité, de vaccins AstraZeneca/Oxford produits par le Serum Institute of India. Ces premières doses étaient destinées en priorité aux 1,2 millions de personnels de santé.

« Dans les quatre prochaines semaines, nous aurons des vaccins Johnson & Johnson et Pfizer », a voulu rassurer M. Mkhize. Des discussions avec d'autres laboratoires sont également en cours, notamment avec Moderna et le fabricant du vaccin russe Sputnik V, a-t-il ajouté.

Le ministre sud-africain a récemment annoncé avoir réservé 20 millions de vaccins Pfizer/BioNTech. Les 1,5 millions de vaccins d'Astrazeneca obtenus par l'Afrique du Sud, qui seront périmés en avril, seront conservés jusqu'à ce que les scientifiques donnent des indications claires sur leur utilisation, a-t-il précisé.

L'Afrique du Sud prévoit de vacciner au moins 67% de la population d'ici la fin de l'année, soit environ 40 millions de personnes.

Le vaccin AstraZeneca/Oxford a été approuvé par plusieurs pays mais certains ont préféré le recommander uniquement pour les moins de 65 ans, faute de données suffisantes sur les personnes plus âgées (1).

### Références bibliographiques:

(1). Le Figaro avec AFP. International. Publié le 07/02/2021 à 21:30, mis à jour le 08/02/2021 à 07:23.

## Coronavirus: que sait-on des variants brésilien et sud-africain?

Haouatti.F

D'abord apparu en Amazonie, le **variant brésilien** inquiète au vu de l'explosion des cas, alors que la ville avait atteint la supposée "immunité collective". La ville de Manaus a en effet été ravagée une seconde fois par le Covid-19, et le variant y est sans doute pour quelque chose. Une étude publiée récemment dans la revue Science a ainsi démontré qu'à l'automne, plus des trois quarts (76 %) des habitants avaient développé des anticorps contre le SARS-CoV-2. Un chiffre qui aurait dû logiquement permettre à la ville d'être protégée par une immunité collective. Pourtant, dès la mi-décembre, Manaus est donc de nouveau confrontée à une flambée, contraignant les habitants à se procurer eux-mêmes des bouteilles d'oxygène pour soigner leurs proches malades.

Le P.1, ou variant brésilien, est identifié dans treize prélèvements RT-PCR sur trente et un échantillon collecté entre le 15 et le 23 décembre, alors qu'il ne figurait pas dans des échantillons séquencés recueillis entre mars et novembre 2020. Et à l'instar de variant sud-africain, ce variant brésilien mis au

jour en décembre pourrait être beaucoup plus contagieux et expliquer cette reprise épidémique à Manaus, où, ces derniers jours, le taux de mortalité lié au virus est passé de 142 à 187 pour 100.000 habitants, près de deux fois la moyenne nationale.

Le **variant sud-africain** est, quant à lui, encore peu présent en France. Mais il est à l'origine d'une vague impressionnante en Afrique du Sud depuis début janvier. Que sait-on de cette nouvelle souche, qu'on dit potentiellement plus résistante aux vaccins? Dans son unité de soins intensifs de l'hôpital Melomed Gatesville au Cap, Zaraina Solomons a soigné jusqu'à 107 patients du Covid-19 au plus fort de la deuxième vague provoquée par le variant sud-africain. "**Le nouveau variant s'attache plus profondément dans le couloir nasal**".

Si on le compare aux virus d'origine, les symptômes cliniques sont assez similaires, mais on voit plus de cas, car il est plus contagieux", indique encore Zaraina Solomons. "**Mais il n'est pas plus dangereux**", insiste-t-elle. "L'Institut national des maladies infectieuses a comparé les décès pendant la première et la deuxième vague et le pourcentage est le même".

### Références bibliographiques:

1. Disponible en ligne sur: <https://www.rtl.fr/actu/bien-etre/coronavirus-que-sait-on-des-variants-anglais-bresilien-et-sud-africain-7900001863>. Consulté le 01.02.2021.

## Mutation du SARS COV2

Khaldi.MH

Lors de la réplication (production de nouvelles unités) d'un virus, il arrive parfois que celui-ci subisse de petites modifications. Ces modifications sont appelées « mutations ». Le virus porteur d'une ou plusieurs nouvelles mutations est un « variant » du virus initial.

Plus il y a de virus qui circulent, plus ils peuvent changer. Ces mutations donnent parfois lieu à un variant mieux adapté à son environnement que le virus initial. On désigne par « évolution du virus » ce processus de mutation et de sélection des variants mieux adaptés.

Certaines mutations peuvent entraîner des changements dans les caractéristiques d'un virus, comme une altération de la transmission (par exemple, il peut se propager plus facilement), ou de sa gravité (par exemple, il peut provoquer une forme plus grave de la maladie).

Certains virus mutent rapidement et d'autres plus lentement. Le SARS-CoV-2, le virus à l'origine de la COVID-19, a tendance à muter plus lentement que d'autres virus, comme le VIH ou les virus grippaux. Une partie de l'explication pourrait venir du mécanisme interne du virus qui corrige les erreurs lors de la réplication. Les scientifiques continuent d'étudier ce mécanisme pour mieux en comprendre le fonctionnement.

### **La mutation du SARS-CoV-2 est-elle inquiétante ?**

Il est normal que les virus mutent, mais c'est encore un élément que les scientifiques suivent de près parce qu'il peut y avoir d'importantes répercussions. Tous les virus, y compris le SARS-CoV-2, le virus responsable de la COVID-19, mutent avec le temps. À ce jour, des centaines de variants de ce virus ont été identifiés dans le monde entier. L'OMS et ses partenaires les suivent de près depuis janvier 2020.

La plupart des mutations n'ont que peu ou pas d'incidences sur les propriétés du virus. Toutefois, selon l'emplacement de ces mutations dans le matériel génétique du virus, elles peuvent en affecter les propriétés, comme la transmission (par exemple, il peut se propager plus facilement) ou la gravité (par exemple, il peut provoquer une forme plus grave de la maladie).

La meilleure façon de limiter et de supprimer la transmission de la COVID-19 consiste à continuer de prendre les précautions nécessaires pour se protéger et protéger les autres.

### **Que fait l'OMS pour surveiller et étudier les mutations du SARS-CoV-2 ?**

Depuis le début de l'épidémie, l'OMS travaille avec un réseau mondial de laboratoires experts

pour faciliter les tests et permettre une meilleure compréhension du SARS-CoV-2, à l'origine de la COVID-19.

Le réseau mondial de l'OMS pour les laboratoires SARS-CoV-2 comprend un groupe de travail consacré à l'évolution du virus qui vise à détecter rapidement toute nouvelle mutation et à en évaluer l'impact possible.

L'OMS recommande que tous les pays renforcent autant que possible leurs activités de séquençage des virus du SARS-CoV-2 et qu'ils partagent les données de séquence à l'échelle internationale pour s'aider mutuellement à surveiller l'évolution de la pandémie et à y répondre.

### **Comment le SARS-CoV-2 mute-t-il lorsqu'il infecte les animaux et quelles sont les conséquences de ces mutations ?**

Le SARS-CoV-2 se propage principalement par transmission interhumaine, mais il existe des preuves de transmission de l'homme à l'animal. Plusieurs animaux, dont des visons, des chiens, des chats domestiques, des lions, des tigres et des chiens viverrins ont été testés positifs pour le SARS-CoV-2 après avoir été en contact avec des humains infectés.

Dans plusieurs pays, d'importantes flambées animales ont été signalées dans des élevages de visons. Le SARS-CoV-2 peut muter quand il infecte des visons. Il a été observé que ces variants chez le vison sont capables de repasser à l'homme par un contact étroit avec l'animal. Les résultats préliminaires semblent indiquer que les variants du virus présents

chez le vison et qui infectent les humains paraissent avoir les mêmes propriétés que d'autres variants du SARS-CoV-2.

D'autres travaux de recherche doivent être menés pour déterminer si ces variants présents chez le vison entraîneront une transmission durable chez l'homme et pourraient avoir un impact négatif sur les contre-mesures, telles que les vaccins.

Pour nous infecter, le coronavirus SARS-CoV-2 s'arrime par le biais de sa protéine Spike au récepteur ACE2, une protéine présente à la surface des cellules de nos muqueuses respiratoires. Or en pratique, il existe plusieurs "versions" du gène codant pour ACE2, qui conduisent à de subtiles différences dans la structure du récepteur.

Les chercheurs s'intéressent également à une seconde protéine de l'hôte qui intervient après la fixation de Spike sur ACE2 : l'enzyme TMPRSS2 qui coupe la protéine virale Spike en plusieurs endroits pour permettre au virus de pénétrer dans la cellule. Près de 10 % de la population présenterait une variation du gène TMPRSS2. Marco Alifano et son équipe entament donc un travail similaire, de modélisation puis de séquençage, afin d'établir si les différentes formes de TMPRSS2 pourraient avoir un impact sur la sévérité clinique de la Covid-19.

*"L'affinité entre le SARS-CoV-2 et nos cellules peut être modulée par ces différentes variations génétiques, mais aussi par celles qui affectent le virus. Le variant récemment identifié en Grande-Bretagne en est l'illustration : les données disponibles suggèrent qu'il est porteur de mutations qui le rendent plus infectieux que le virus originel. Lors de nos travaux, nous avons modélisé la protéine Spike correspondante et observé qu'elle présente une plus forte affinité pour la*

*forme majoritaire du récepteur ACE2. En revanche, son affinité pour d'autres polymorphismes du récepteur est diminuée. On comprend donc que l'interaction entre le SARS-CoV-2 et nos cellules dépend de plusieurs paramètres, liés à la fois au virus et à l'individu, ce qui rend l'équation particulièrement complexe."*

Plusieurs dizaines de mutations du SARS-CoV-2 ont déjà été décrites, sans que des conséquences sur l'épidémie aient été mises en évidence.

Certaines ont néanmoins fait l'objet de travaux plus poussés, publiés dans des revues scientifiques. C'est le cas notamment de la mutation D614G au niveau de la protéine Spike du virus, qui a d'abord fait l'objet d'une publication dans le journal Cell. Cette mutation s'est largement diffusée et est rapidement devenue dominante parmi les isolats de virus circulants.

D'autres études ont ensuite été publiées à son sujet, montrant que cette mutation a eu pour effet de rendre le virus plus facilement transmissible. Néanmoins, les implications de cette transmissibilité accrue du coronavirus en matière de sévérité de l'infection et de mortalité sont encore loin d'être claires. Il n'existe pour le moment aucune donnée pour soutenir l'idée que cette mutation aurait rendu le virus plus virulent.

D'autres travaux récents publiés dans The Lancet et menés en Asie sur des échantillons collectés auprès de patients ont montré que, chez 25 % d'entre eux, une délétion est présente. Autrement dit, un morceau de matériel génétique est absent. Cette délétion,

appelée  $\Delta 382$ , concerne une région du génome qui interagit avec le système immunitaire des hôtes, modulant notamment la réponse antivirale. Étant donné cette interaction, les scientifiques vont continuer à étudier avec précision les conséquences potentielles de cette mutation.

Les auteurs de l'étude supposent pour le moment qu'elle serait associée à une infection moins sévère mais les données manquent encore pour étayer cette hypothèse. En l'état actuel des connaissances, aucune preuve concluante n'a été apportée sur les implications cliniques potentielles de cette délétion. Il n'est pas non plus encore certain que cette souche du virus circule déjà en Europe.

Dans tous les contextes épidémiques, par exemple lors des épidémies de grippe ou de polio, les mutations des virus responsables ont toujours fini par aboutir à une atténuation de leur virulence. Les virologues espèrent que ce sera aussi le cas pour l'épidémie de SARS-CoV-2.

Étudier les mutations de ce virus est essentiel pour comprendre comment mieux traiter les patients, mais aussi pour accompagner la recherche thérapeutique et vaccinale. En effet, en fonction de l'apparition de nouvelles mutations, les traitements et les candidats vaccins pourraient être plus ou moins efficaces contre le virus. Les équipes de virologues qui surveillent les mutations doivent donc continuer à travailler de concert avec les autres disciplines afin que la recherche puisse progresser.

## Références bibliographiques:

- 1-<https://www.who.int/fr/news-room/q-a-detail/sars-cov-2-evolution>
- 2- <https://www.inserm.fr/actualites-et-evenements/actualites/susceptibilite-genetique-et-mutations-sars-cov-2-quel-impact-sur-infection>
- 3- <https://presse.inserm.fr/des-mutations-rendant-le-sars-cov-2-plus-dangereux-vraiment/41099/>

### Comité de redaction

Dr. BETAOUAF.H  
Dr. KHALDI.MH  
Dr.TACHEMA.A  
Dr HAOUATI.F  
Dr BOUSSEBAT.A

### comité scientifique

Pr. Toumi H.  
Dr. Boudia F.  
Dr. Belbouche N.  
Dr. Fetati H.  
Dr. Benaichouche K.  
Dr.Zitouni.  
Dr.Mansouri.Z  
Dr. Senhadji I.  
Dr. Chadou.H

# Journal d'information de pharmacologie

## Toujours dans la lutte contre le COVID-19

Nous vous rappelons que tout effet indésirable médicamenteux grave, y compris en cas de surdosage, de mésusage, d'abus ou d'erreur médicamenteuse ainsi que les effets indésirables liés à une exposition professionnelle doivent être notifiés à notre niveau.

Dans chaque numéro vous trouverez des informations récentes sur le médicament dans les divers domaines de la Pharmacologie : Pharmacologie Clinique, Pharmacovigilance, Pharmaco épidémiologie, évaluation des médicaments pendant la grossesse et au cours de l'allaitement, interactions médicamenteuses, apport des nouveaux produits et actualités.

