

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

République Algérienne Démocratique et Populaire Ministère de
l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique
Université Ibn Khaldoun –Tiaret–
Faculté Sciences de la Nature et de la Vie
Département Sciences de la Nature et de la Vie



Mémoire de fin d'études

En vue de l'obtention du diplôme de Master académique Domaine :

Sciences de la Nature et de la Vie

Filière : Sciences biologiques

Spécialité : Biologie moléculaire et cellulaire

Présenté par :

- BENSATTALAH Linda
- OUANID Chaimaa
- ZEGGAOUI Nour Elhouda

Thème

*Etude de la relation entre le coronavirus COVID-19 et les
groupes sanguins dans la wilaya de Tiaret en 2021*

Soutenu publiquement le : 14 /07/2021

Jury :

Grade

Présidente : Dr AIT ABEDELREHIM Leila

MCA

Encadrant : Dr. RAHMOUNE Bilal

MCA

Examineur : Dr ACHIR Mohamed

MCA

Année universitaire : 2020-2021

Remerciements

*Nous tenons tout particulièrement à adresser nos plus vifs remerciements, à notre promoteur Dr. **RAHMOUNE Bilal** d'avoir accepté de nous encadrer et de nous avoir laissé la liberté nécessaire à l'accomplissement de notre travail, tout en y gardant un œil critique et avisé. Merci pour sa rigueur scientifique, Nous le remercions également de nous avoir responsabilisées tout au long de notre travail.*

*Nos remerciements à **Mme Ait Abderrahim Leila** pour l'honneur qu'elle nous a fait d'avoir acceptée de présider le jury de notre mémoire et aussi pour sa gentillesse, sa simplicité et sa sympathie durant ces dernière années de Master.*

Nos vifs remerciements vont également à Mr Achir Mohamed d'avoir accepté

D'examiner et d'évaluer ce modeste travail

*Nos remerciements s'adressent aussi au chef de notre spécialité, Dr **TAIBI Khaled***

Nous tenons à exprimer nos vifs remerciements à tous nos professeurs qui ont contribué à notre formation.

*Nous tenons à exprimer nos plus sincères remerciements et notre gratitude à notre amie **SACI Bouchra** et **CHIKHAOUI Habiba***

*Nous adressons nos remerciements également aux personnes qui nous ont aidés dans la réalisation de ce mémoire et spécialement au personnel du laboratoire de l'hôpital **IBN SINA (FREND)**, en particulier madame **KEFFIF Hayet**.*

En guise de reconnaissance, nous tenons à témoigner nos sincères remerciements à toutes personnes ayant contribué de près ou de loin au bon déroulement de ce modeste travail.

En fin Nous remercierons toutes nos familles qui nous ont toujours soutenues et a tous les enseignant de département de Biologie qui ont participé à notre formation.

Dédicace

Je dédie ce modeste travail :

*A mon père « **Abdelkader** », Mon plus haut exemple et mon modèle de persévérance pour aller toujours de l'avant et ne jamais baisser les bras. Pour son enseignement continu à m'inculquer les vraies valeurs de la vie et pour ses précieux conseils.*

*A La mémoire de **ma mère** « **Nora** » qui a été toujours dans mon esprit et dans mon cœur*

*A ma chère grand-mère maternel « **Safia** » que dieu protège et t'accorde et longevie pleine de santé et de bonheur*

*A mon grand-père « **Benchohra** » qui m'a toujours tenu la main*

*A mes frère « **Manssor, Mohamed, Zino, Oussama** » et ma chère sœur « **Soraya et son mari et ses enfants Ghofran, Mohamed Sohaib, Amira** »*

A toute ma famille, oncles et leurs femmes, et tantes, cousins, cousines, petit et grand, sans exception, qui m'ont toujours encouragé et m'ont souhaité la réussite.

*A mes amis « **es** » « **Bouchra, karima et sa fille Aicha Toulin , Asma, Ahlem, Fatima, Fatiha, Habiba, Halima, Chaimaa, Manel, Anis, Lhadj, Hicham, Soumia, Fatima Zohra, Siham , Jojo, Noura, Adda** »*

A toute les personnes que j'aime et qui m'aime, et tous ceux qui m'ont aidé de près ou de loin.

Linda

Dédicace

C'est avec un grand honneur que je dédie ce modeste travail aux deux personnes qui se sont sacrifiées pour que je grandisse avec un savoir-faire et qui m'ont appris à ne jamais baissé les bras....

*Mes chers parents, **Abdelkader** et **Zohra** de votre affection et de tous les efforts que vous avez déployés durant toute ma vie j'espère que ce travail soit l'expression de ma pleine gratitude et de mon profond respect*

*A mes adorables frères « **Mohamed, Ishak** » et mes chères sœurs « **Houdaet ses enfants, Nassiba, Zaineb et ses enfants, Marwa** »*

*A mes chère grand-mère « **Barkahom, Torkia** » que je te porte que dieu protège et t'accorde et longue vie pleine de santé*

*A mon grand-père « **Mohamed** » Pour son enseignement continu à m'inculquer les vraies valeurs de la vie et pour ses précieux conseils.*

A toute ma famille, oncles et leurs femmes, et tantes, cousins, cousines, petit et grand, sans exception, qui m'ont toujours encouragé et m'ont souhaité la réussite.

*Mes proches amis « **Habiba, Fatima, Bouchra, Linda, Noura, Imen, Hamama, Bouchra, Fatima, Marwa, Siham** »*

*Tous mes camarades « **Manel, Ikram** »*

A toute les personnes que j'aime et qui m'aime, et tous ceux qui m'ont aidé de près ou de loin.

Chaimaa

Dédicace

*C'est avec un grand honneur que je dédie ce modeste travail à la seule qui m'a accompagné en toutes circonstances et tout le temps, qui s'est toujours sacrifiée pour moi ma mère « **HALIMA** »*

*Je le dédie également à ma tante « **YAMINA** » qui était et est toujours plus qu'une demi-mère pour moi, mais plutôt une mère et mieux.*

*Je le dédie à ma sœur « **HADJER** » qui m'a soutenu et accompagné dans les moments les plus importants de ma vie.*

*Je le dédie à ma chère tante « **FATMA** » et son enfant « **NOUFEL** »*

*A mes nièces « **OMAR** » et « **ABOUBAKER** »*

Je me le dédie en reconnaissance de mon travail acharné dans ma carrière universitaire.

*A ma tendresse grand-mère « **GUENOUNA** » que je lui souhaite un prompt rétablissement.*

*A mon grand-père « **MOULAY** » qui a pris soin de moi et m'a appris les sens de la force et de la confiance de soi.*

A toute ma famille, qui m'ont toujours souhaité la réussite.

*A mes camarades « **LINDA** et **CHAIMA** »*

A toute les personnes que j'aime et qui m'aime, et tous ceux qui m'ont aidé de près ou de loin.

NOUR EL HOUDA

Liste des abréviations

ADN :	Acide Désoxyribonucléique
ARN :	Acide Ribonucléique
Sb :	Simple Cerveau
Db :	Double Cerveau
SbRNA :	Stem-bulge Acide Ribonucléique
VIH :	Virus de l'Immunodéficience Humaine
COV:	Coronavirus
COVID19:	Coronavirus Disease 2019
HCOV:	Coronavirus Humains
PIF :	Peritonitis Infectious Feline
TGEV :	Gastro-Entérite Transmissible
PRCV :	Coronavirus Respiratoire Porcine
BCOV :	Coronavirus Bovin
MHV :	Coronavirus De L'Hépatite De La Souris
IBV :	Coronavirus De La Bronchite Infectieuse aviaire
PDCV :	Delta Coronavirus Porcin
OMS :	Organisation Mondiale De La Santé

Liste des figures

Figure 1 : Structure schématiques d'un virus	3
Figure 2 : Nucléocapside polyédrique	4
Figure 3 : Enveloppe virale	5
Figure 4 : Virus dengue vue par microscope	6
Figure 5 : Schéma de virus dengue.....	6
Figure 6 : Virus VIH.....	7
Figure 7 : Schéma de virus VIH	7
Figure 8 : Virus merburg vue par microscopie.....	8
Figure 9 : Schéma 3D simplifié SARS- COV-2.....	10
Figure 10 : Classification et taxonomie	15
Figure 11 : Propagation de la pandémie du COVID-19 dans Le monde.....	16
Figure 12 : Propagation de la pandémie du COVID-19 dans L'Algerie	16
Figure 13 : Carte géographique de Tiaret	22
Figure 14 : Classe d'âge des patients.....	24
Figure 15 : Répartition des patients selon le sexe des patients.....	25
Figure 16 : Nombre de patients selon le groupe sanguin.....	25
Figure 17 : Répartition des groupes sanguins selon le Rhésus.....	26
Figure 18 : Répartition des patients selon le type de fièvre.....	27
Figure 19 : Répartition des patients selon leur durée d'isolement.....	27
Figure 20 : Représente Etat des patients.....	28
Figure 21 : Nombre de décès selon le sexe et l'âge.....	29
Figure 22 : Nombre de décès selon le groupe sanguin	29

Liste des tableaux

Tableau 1 : Les genres de coronavirus	11
Tableau 2 : Les principaux symptômes, avec leur pourcentage d'apparition.....	14

Sommaire

Introduction	1
--------------------	---

Première partie : synthèse bibliographique

Chapitre I : Virus

1. Généralités.....	2
2. Définition	2
3. Origine.....	2
4. Structure	3
4.1. Acide nucléique.....	3
4.2. Capside	4
4.3. Enveloppes virales.....	5
5. Classification.....	5
5.1. Virus à ARN.....	5
5.2. Virus à ADN.....	5
6. Les virus les plus dangereux pour l'Homme	6
6.1. Le virus du Dengue	6
6.2. VIH.....	7
6.3. Marburg.....	8

Chapitre II : Coronavirus

1. Généralités sur le Coronavirus	10
2. Taxonomie des Coronavirus.....	11
3. Composition biochimique	12
4. Origine de la COVID-19	13
5. Symptômes de la COVID-19	13
6. Situation de la pandémie du COVID-19	14
6.1. Dans le monde	14
6.2. Dans l'Algérie	16
7. Coronavirus et les groupes sanguins	17

Deuxième partie : Etude expérimentale

Chapitre I : Matériels et méthodes

1. Zone d'étude.....	22
2. Traitement des données	23
3. Analyse statistique.....	23

Chapitre II : Résultats et discussions

1. Tranche d'âge des patients	24
2. Sexe des patients.....	25
3. Groupes sanguins des patients.....	25
4. Répartition des groupes sanguins	26

5. Symptômes	26
6. Fièvre des patients	27
7. Durée passée en isolement.....	27
8. Etat des patients.....	28
9. Le décès en fonction d'âge et sexe	28
10. Cas de décès selon les groupes sanguins	29
Conclusion.....	33
Références	35
Annexe	42

Introduction

Introduction

La maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) est une nouvelle maladie respiratoire causée par le coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2), ce virus qui a été apparu la première fois à Wuhan, en Chine, fin 2019. Sa propagation a été sans précédent en termes de vitesse et d'impact, constituant un état d'urgence de santé publique à l'échelle internationale, et contribuant à un déséquilibre socio-économique généralisée (**Hassan et al., 2020**). Les coronavirus sont des virus à ARN qui déclenchent des symptômes pseudo-grippales dans le système respiratoire (**Chan et al., 2013**).

Plusieurs gènes suspects ont été décrits et ont fait l'objet de quelques études notamment les gènes ACE2 et TMPRSS2 impliqués dans l'entrée du virus dans la cellule humaine, les gènes HLA jouant un rôle essentiel dans la réponse immunitaire et les gènes du système ABO. Le système ABO a été rapporté comme étant un facteur de risque de l'infection à SARS-CoV2 et influant sur la sévérité de la maladie. D'autres facteurs tel que l'âge sont associés à une mortalité plus élevée. L'analyse de ces facteurs demeure essentielle pour optimiser la prise en charge(**Hassan et al., 2020**).

L'objectif de ce travail est l'étude épidémiologique et étiologique de la relation entre le système ABO et l'infection au SARS-CoV-2 chez les patients atteints du virus dans la wilaya de Tiaret (Ouest de l'Algérie) entre Novembre 2020 et Avril 2021.

Le présent travail est divisé en trois parties :

- ✓ La première partie présente une synthèse bibliographique qui décrit les notions essentielles liées au contexte global de notre travail (généralité sur les virus, les coronavirus et la situation de la maladie dans le monde, ainsi que en Algérie).
- ✓ Dans la deuxième partie les procédures et déroulement de l'étude et les lieux de la réalisation de ce travail ont été mentionnée.
- ✓ Dans la troisième partie, les résultats obtenus ont été présentée et puis discuté, en les comparants avec d'autres travaux. Enfin, cette étude s'achève par une conclusion et des perspectives.

Première partie

Synthèse bibliographique

Chapitre I : Les virus

1. Généralités

Les virus sont des éléments répliatifs beaucoup plus petits que les bactéries et les plus grands sont à peine visibles au microscope optique. Leur génome peut être composé soit d'ARN, soit d'ADN. Les virus sont fortement dépendants du métabolisme cellulaire. Dans la cellule qu'ils infectent ils répliquent séparément leur génome et leurs composants protéiques ; ceux-ci seront ensuite assemblés, donnant des milliers de particules en une génération. Les virus reconnaissent spécifiquement un ou quelques types de cellules et sont à cause de cela assez spécifiques d'organismes hôtes (**Perry et al., 2004**).

2. Définition

Le terme virus est dérivé du latin et signifie littéralement poison ou venin. Le terme a été utilisé pour la première fois à la fin du XIXe siècle pour désigner tous les micro-organismes infectieux sans discernement puis spécifiquement pour les agents pathogènes qui nous entourent et ne peuvent pas les voir. (**Perry et al., 2004**).

3. Origine

L'origine des virus est à ce jour un mystère. Des décennies de recherche ont permis d'établir trois hypothèses majeures pour l'origine des virus, sont les suivantes :

1. L'hypothèse progressive stipule que les virus auraient pu évoluer de nos cellules directement. Les êtres vivants possèdent dans leurs ADN des éléments étranges qui peuvent déplacer et changer de localisation dans le génome (des transposons). Durant leur déplacement, ils sont sous forme d'ARN et par la suite, ils deviennent des éléments viraux ;
2. L'hypothèse régressive, à l'opposition de la première hypothèse dans celle-là les virus seraient initialement des cellules autonomes (des bactéries). Certains virus, comme celui du mimi virus est un virus géant à ADN, qui peuvent être plus gros encore que des bactéries. L'analyse de ce virus a révélé qu'ils auraient beaucoup de similitudes avec une bactérie parasitique.
3. L'hypothèse des « virus d'abord » stipule que les virus auraient été présents avant les premières cellules. Leur origine des petites molécules à ARN, capables de se répliquer elles-mêmes (**Bourhy et al., 2008**).

4. Structure

L'étude de la structure virale a permis de mieux comprendre les virus et leur mode de fonctionnement. Ainsi, elle permet de connaître la manière dont le virion est construit, et de comprendre mieux plusieurs étapes essentielles du cycle viral, comme l'attachement, la pénétration, la décapsidation, ou encore l'assemblage et la sortie du virus. Il s'agit d'une étape primordiale pour la recherche et l'élaboration des vaccins (**Prescott et al., 2018**).

Généralement, le virus est composé de deux éléments importants : un génome ou acide nucléique, contient le matériel génétique et une capside, une coque qui entoure le génome. Outre la capside et l'acide nucléique viral, certains virus sont entourés d'une enveloppe de nature lipidique, appelée manteau : on parle alors de virus «enveloppés». Par contre, en l'absence d'enveloppe, on dit des virus «nus» (**Tan et al., 2020**).

4.1. Acide nucléique

Un virus est habituellement constitué d'un génome composé d'un ou plusieurs brins d'acide ribonucléique (ARN) ou désoxyribonucléique (ADN), sous forme linéaire ou circulaire. Ces acides nucléiques sont soit monocaténaire avec un seul brin d'ADN ou d'ARN soit bicaténaire en double brin (ADN uniquement) (**Prescott et al., 2018**) (**Fig. 1**).

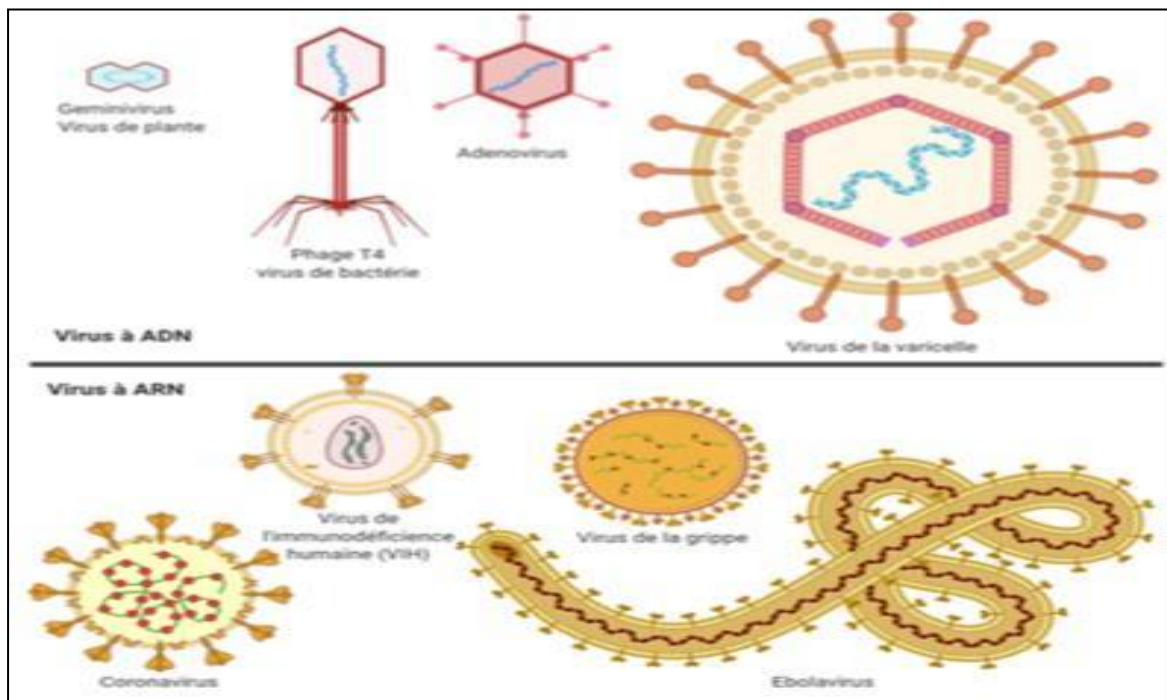


Figure 1 : Structure schématiques d'un virus (**Vabert et al., 2009**)

4.2. Capside

Ce terme vient du grec capsas qui signifie boîte. La capside, de nature protéique, est la coquille qui entoure et protégé le génome (les acides nucléiques) dans la cellule hôte (**Fig. 2**). L'ensemble génome et capside est appelé Nucléocapside (**Bréard et al., 2013**).

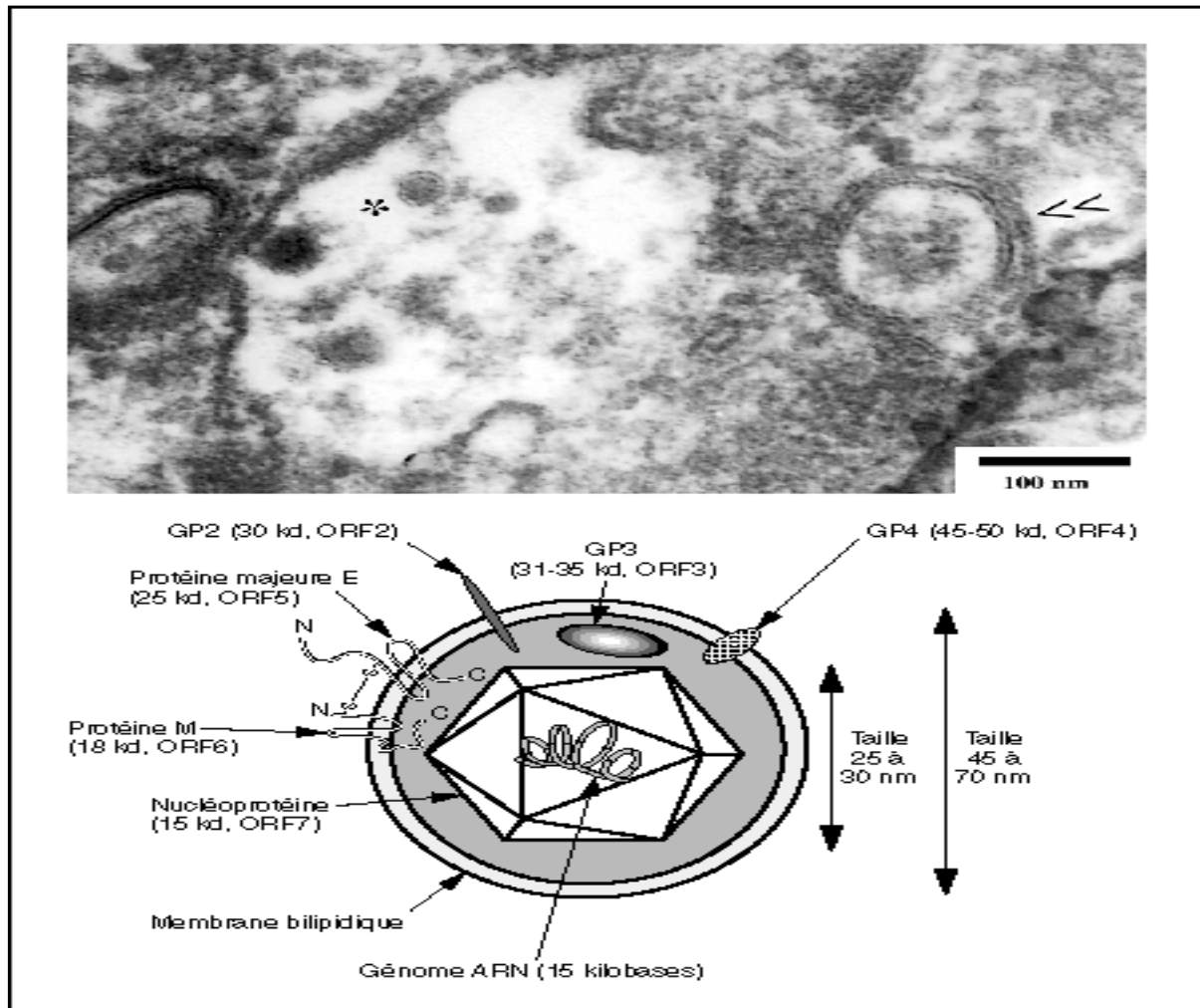


Figure 2 : Nucléocapside polyédrique (Bréard et al., 2013)

4.3. Enveloppes virales

L'enveloppe virale est hérissée de glycoprotéines d'origine virale. Elle permet l'attachement du virus sur la cellule-cible et l'initiation de l'infection (Astier *et al.*, 2001) (Fig. 3).

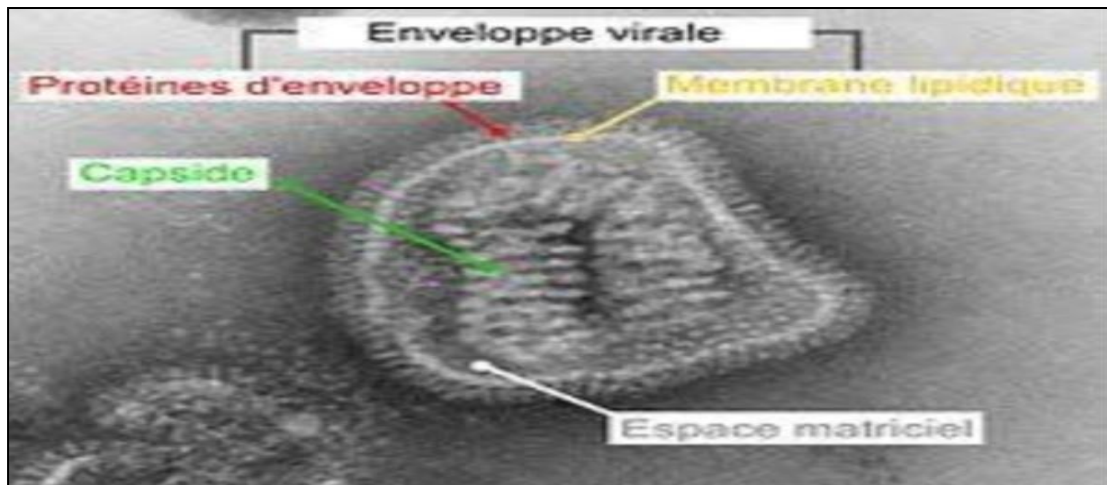


Figure 3 : Enveloppe virale (Astier *et al.*, 2001)

5. Classification

Elle repose principalement sur la structure des virus et non plus sur leur pathogénicité. Les trois premiers critères de la classification sont, dans l'ordre, la nature de l'acide nucléique du génome (ADN ou ARN), la conformation de la capside (tubulaire ou icosaédrique), et enfin la présence ou l'absence d'enveloppe (Meulenberg et Janneke, 2000).

5.1. Virus à ARN

Les virus à ARN peuvent être divisés en plusieurs catégories comme :

- Virus à ARN simple brin : ce sont des virus à symétrie hélicoïdale l'ARN est indirectement traduit en protéine, exemple le paramyxovirus (oreillons, rougeole) ;
- Virus simple brin +ARN : ce sont des virus icosaédrique nus « sans enveloppe », L'ARN est traduit directement en protéine sans transcription préalable, ex : pico virus;
- Rétrovirus : l'ARN simple brin est transcrit en ADN par l'enzyme transcriptase inverse ex le VIH (Meulenberg et Janneke, 2000).

5.2. Virus à ADN

Les virus à ADN sont divisés en deux types : Les virus à ADN double brin et les virus à ADN simple brin (Meulenberg et Janneke, 2000).

6. Les virus les plus dangereux pour l'Homme

Le pouvoir pathogène d'un agent infectieux viral consiste dans sa capacité à causer une maladie chez son hôte (Homme ou animal). Parmi les virus les plus pathogènes on distingue :

6.1. Le virus du Dengue

Le virus de la Dengue, appelée aussi « grippe tropicale », est transmis par la piqûre de moustiques du type Aedes. Moins dangereuse que d'autres virus, elle peut dans certains cas provoquer des hémorragies. Près de 50 millions de personnes sont contaminées par ce virus chaque année (López Guerrero, 2021) (Fig. 4 & 5).

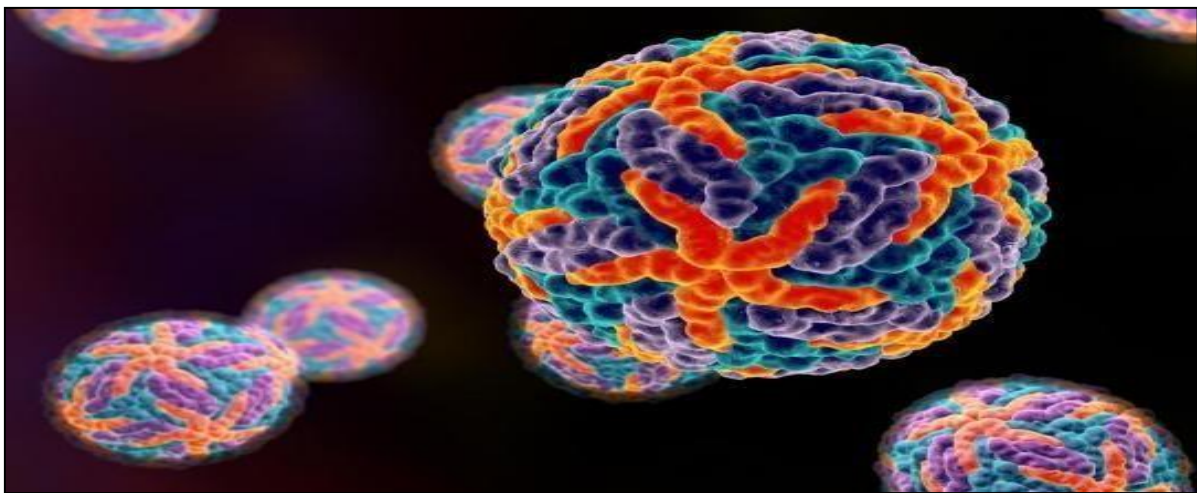


Figure 4: Virus dengue vue par microscopie (Floriane , 2019)

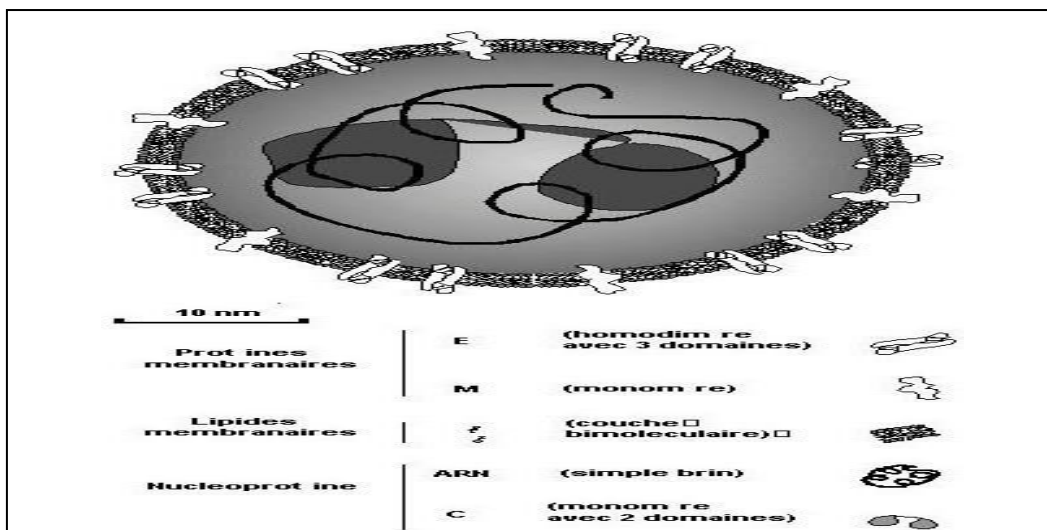


Figure 5 : Schéma de virus dengue (López Guerrero, 2021).

6.2. VIH

Le VIH, ou virus de l'immunodéficience humaine est à l'origine de la maladie du SIDA. Le VIH, qui se transmet notamment lors des rapports sexuels ou par le sang, atteint le système immunitaire, empêchant le corps de se défendre. Des infections anodines peuvent ainsi devenir graves, voire mortelles. Il n'existe actuellement aucun vaccin efficace contre le VIH, mais récemment des chercheurs ont trouvé des méthodes de traitements à long terme et même y'a des cas guérisons (Castillo, 2014) (Fig. 6 & 7).

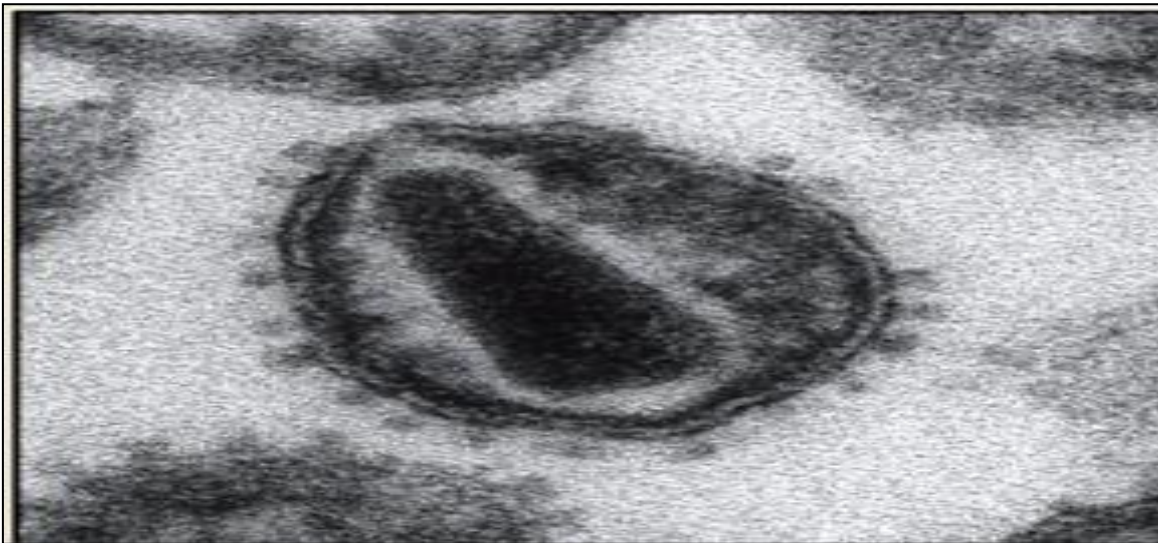


Figure 6 : Virus VIH (Castillo, 2014)

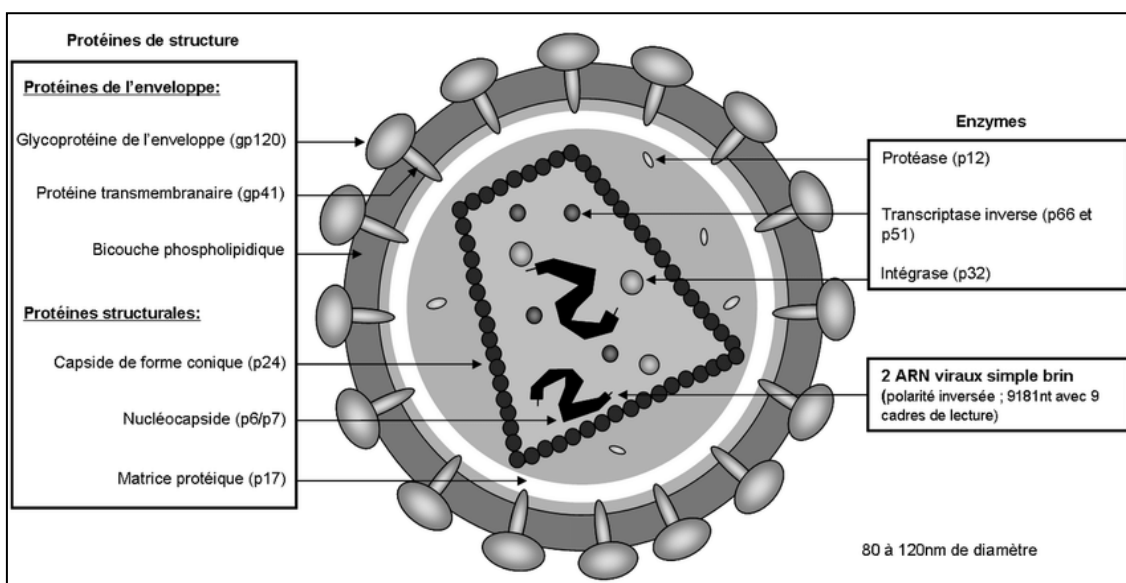


Figure 7 : Schéma de Virus VIH (Daussy, 2016)

6.3. Marburg

Le virus Marburg est conçu pour tuer mais reste malgré tout un peu moins mortel que son cousin Ebola. Entraînant également des fièvres hémorragiques, ce filovirus emporte plus de 80 % des personnes qu'il contamine (**Fig. 8**). Il est difficilement transmis entre les êtres humains, nécessitant un contact très rapproché avec transmission par les selles, l'urine, la salive ou les vomissements (**Messaoudi et al., 2015**).

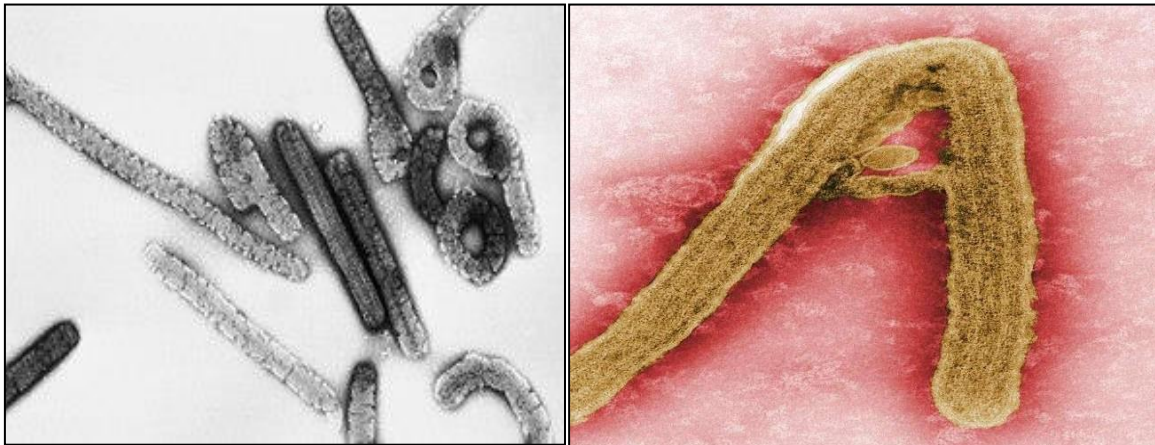


Figure 8 : Virus Marburg vue par microscopie électronique en transmission (**Wikipédia**)

Chapitre II

Coronavirus

1. Généralités sur le Coronavirus

Les coronavirus (COV) sont un groupe de virus hautement enveloppés que l'on trouve diversement chez l'Homme et les animaux. Avec leur taux de mutation et leur pouvoir infectieux élevés, les CoV sont des agents pathogènes zoonotiques importants qui peuvent infecter les animaux (McIntosh *et al.*, 2020) et les humains, conduisant à 5 à 10% des syndromes respiratoires aigus (Wu *et al.*, 2020).

Ils tirent leur nom de leur halo en forme de couronne. Ce sont des virus enveloppés et sphériques de 100 à 160 nm de diamètre, contenant un génome à ARN simple brin positif de 27 à 32 kilo paire de bases (Fig. 9). Il existe quatre types de CoV : les Alpha-, Beta-, Gamma- et Delta coronavirus (Azhar *et al.*, 2016).

Les premiers coronavirus humains (HCoV), HCoV-229E et OC43, reconnus comme étant des pathogènes respiratoires importants, ont été identifiés la première fois dans les années 1960 (Woo *et al.*, 2010). Cependant, les chercheurs supposent que la première maladie liée au coronavirus enregistrée était la péritonite infectieuse féline (PIF) en 1912 (Scott, 1999).

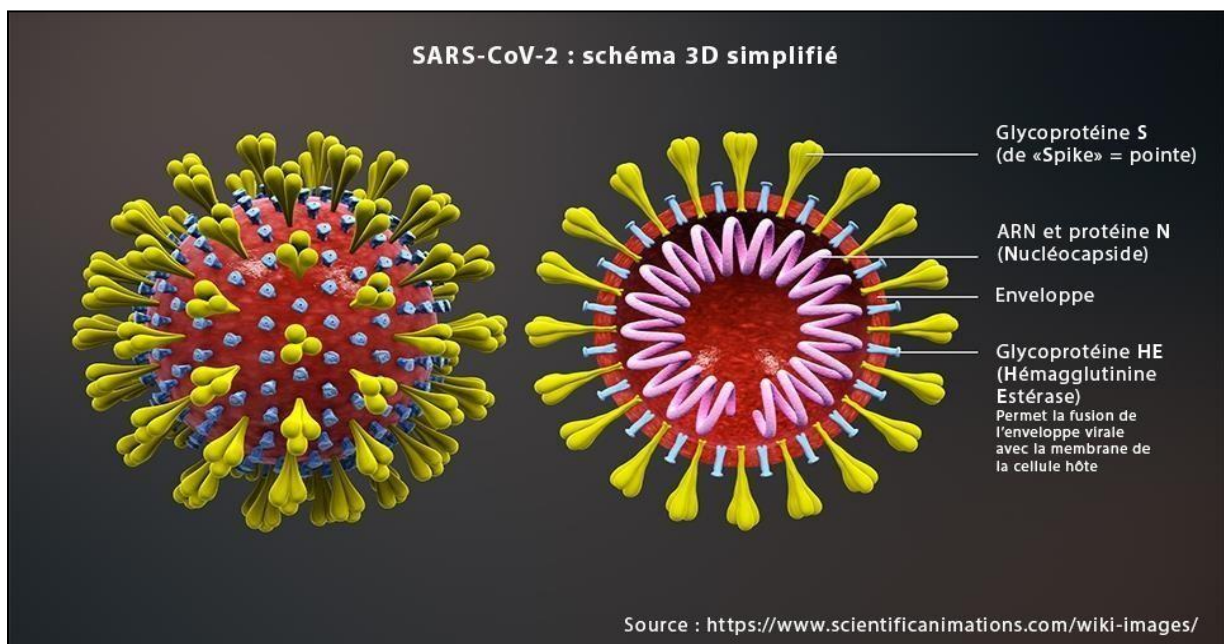


Figure 9 : Schéma 3D simplifié SARS- COV-2 ([www.scientificanimation](http://www.scientificanimation.com))

Tableau 1 : Les genres de coronavirus (Lorenzini, 2021).

Virus	Intitulé complet	Nom de la maladie
SARS-CoV-2	Severe Acute Respiratory Syndromes - relié au coronavirus	Coronavirus disease 19 (COVID-19)
SARS-CoV	Severe Acute Respiratory Syndromes - relié au Coronavirus	Severe Acute Respira- tory Syndrome (SARS)
MERS-CoV	Middle East Respiratory Syndro-me - relié au coronavirus	Middle East Respirato-ry Syndrome (MERS)

2. Taxonomie des Coronavirus

Selon le Comité international de taxonomie des virus, les CoV sont réparti dans l'ordre des Nidovirales, la famille de Coronaviridae et la sous-famille de Coronavirinae. Les tests sérologiques antérieurs, ainsi que le séquençage du génome entier, ont montré que la famille des Coronaviridae contient deux sous-familles : la sous-famille Orthocoronavirinae et la sous-famille Torovirinae (Fig. 10) (Ashour et al., 2020).

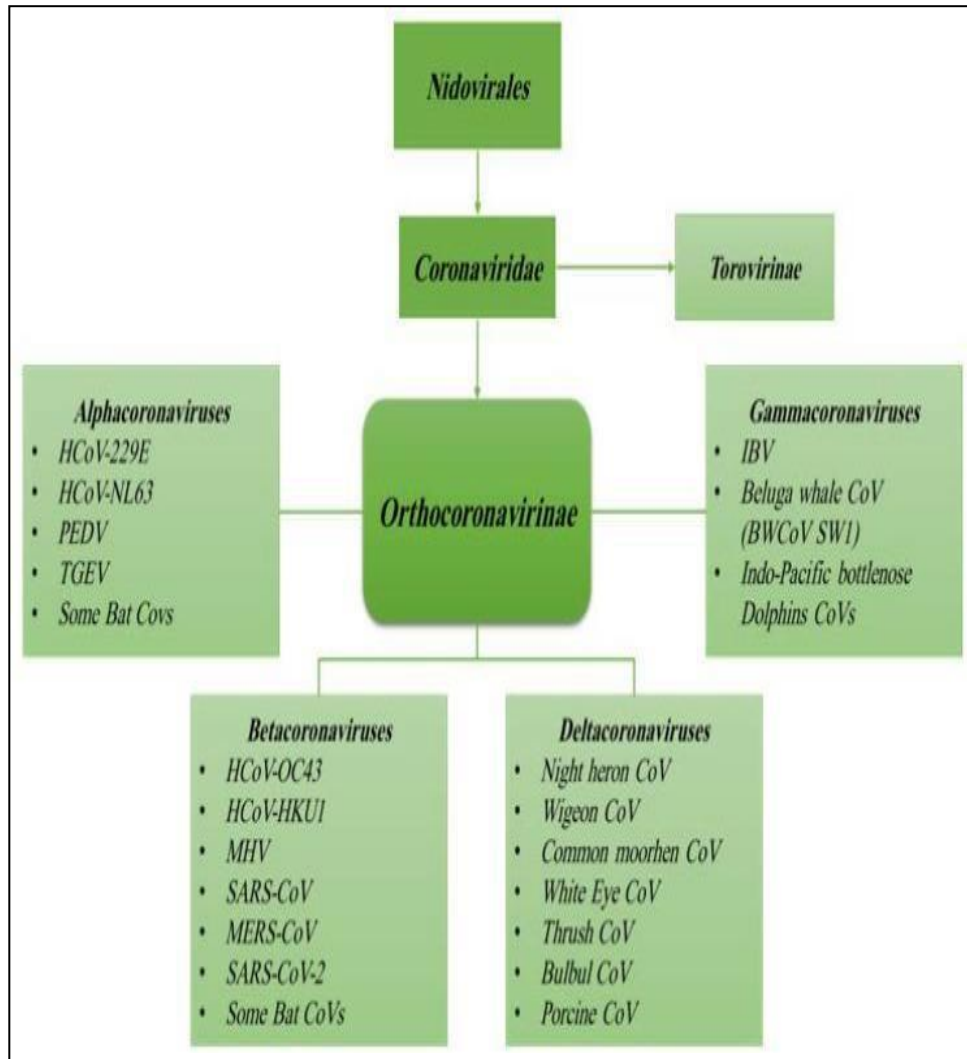


Figure 10 : Classification et taxonomie (Ashour et al., 2020).

3. Composition biochimique

Les coronavirus sont des virus à ARN simple brin positif enveloppés. Ils ont la particularité de posséder le plus long génome à ARN parmi les virus à ARN, constitué de 27 000 à 32 000 pb (soit un génome 100 000 fois plus petit que le génome humain) (Gagneur et al., 2002).

Tout comme l'ADN génomique présent dans le noyau de chacune de nos cellules, l'ARN génomique des coronavirus porte l'information génétique indispensable à la production de nouveaux virions. Plus d'une dizaine de cadres de lecture (ORF) constituent le génome viral. Deux ORF dénommées ORF1a et ORF1b, constituant les deux tiers de ce génome, codent 2 poly protéines, pp1a et pp1ab. Ces deux ORF présentent un unique codon d'initiation et de terminaison (Redha, 2020).

4. Origine de la COVID-19

En décembre 2019, des adultes de Wuhan, capitale de la province du Hubei en Chine, ont commencé à se présenter aux hôpitaux locaux avec une pneumonie grave de cause inconnue. Plusieurs cas initiaux avaient une exposition commune au marché de gros des fruits de mer de Huanan qui faisait également le commerce d'animaux vivants. Le système de surveillance a été activé et des échantillons des patients ont été envoyés aux laboratoires pour des investigations étiologiques. Le 31 décembre 2019, la Chine a notifié l'épidémie à l'Organisation mondiale de la santé et le 1er janvier, le marché de Huanan a été fermé. Le 7 janvier, le virus a été identifié comme un coronavirus qui avait > 95 % d'identité avec le coronavirus de chauve-souris et > 70 % de similitude avec le SARS-CoV (**Vabret et al., 2009**).

Les cas ont continué d'augmenter de façon exponentielle. En fait, le 12 février, la Chine a modifié sa définition des cas confirmés pour inclure les patients avec des tests moléculaires négatifs/en attente mais avec des caractéristiques cliniques, radiologiques et épidémiologiques de COVID-19, entraînant une augmentation des cas de 15 000 en une seule journée. Au 05/03/2020 96 000 cas dans le monde (80 000 en Chine) et 87 autres pays ont été signalés Il est important de noter que si le nombre de nouveaux cas a diminué en Chine ces derniers temps, ils ont augmenté de façon exponentielle dans d'autres pays, dont la Corée du Sud, l'Italie et l'Iran. Par la suite, et jusqu'à maintenant des millions des cas ont été enregistrés (**Frauger et al., 2021**).

5. Symptômes de la COVID-19

Les symptômes de la COVID-19 ne sont pas spécifiques et la présentation de la maladie peut varier de l'absence de symptômes (patients asymptomatiques), à la pneumonie sévère et la mort. Dans la majorité des cas (environ 80 %), les personnes infectées par la COVID-19 présentent des symptômes légers à modérés (ex. : toux, fièvre, fatigue) alors que 14 % d'entre eux ont des symptômes sévères (ex. : dyspnée et hypoxémie), et 6 % présentent un tableau clinique critique (ex. : insuffisance respiratoire, choc septique, insuffisance multi organique) (**Lodigiani et al., 2020**).

Tableau 2 : Les principaux symptômes, avec leur pourcentage d'apparition (Lodigiani et al., 2020).

Fièvre (87,9 %)	Dyspnée (18,6 %)
Frissons (11,4 %)	Hémoptysie (0,9 %)
Toux (67,7 %)	Myalgie (14,8 %)
Nausée/Vomissements (5,0 %)	Congestion conjonctivale (0,8 %)
Fatigue (38,1 %)	Mal de gorge (13,9 %)
Congestion nasale (4,8 %)	Asymptomatique (% inconnu)
Expectoration (33,4 %)	Céphalée (13,6 %)

6. Situation de la pandémie du COVID-19

6.1. Dans le monde

Un an et quelques mois après la propagation de la maladie, plus de 179 millions personnes dans le monde ont été touché par ce virus (25/06/2021) dont 3 899 172 décès dans 193 pays à travers le globe et plus de 2 624 733 776 doses de vaccin ont été administrées (OMS, 2021).

Sur les 179 millions cas confirmés dans le monde, le taux de décès est de 2%. Cependant plus de 62% sont des cas rétablis et 36% est le taux des malades actuellement.

Les États-Unis est le pays le plus endeuillé de la planète avec plus de 33 millions cas et plus de 590 000 victimes. En deuxième position, le Brésil qui a enregistré un chiffre de 18169881 cas positifs et 541293 morts. En Asie, c'est l'Inde qui est le plus touché avec 30134445 de cas confirmés et 371652 décès. En outre, la France et la Russie sont les deux pays les plus touchés par le COVID-19 en Europe par 5655376 et 5409088 cas recensés, respectivement. Cependant, la Royaume-Uni a comptabilisé le nombre de décès le plus élevé

dans ce continent, soit 43.155 morts. En Afrique, qui présente les moyennes les plus faibles en cas confirmés de ce virus (1200000 cas au total), l'Afrique du sud comptabilise le nombre le plus élevé avec 696 414 cas et plus de 18000 morts (**Fig. 11**) (OMS, 2021).



Figure 11 : Propagation de la pandémie du COVID-19 Dans le monde (OMS, 2021)

6.2. Dans l'Algérie

L'Algérie comme le reste du monde, a été affectée par la pandémie actuelle depuis l'apparition du premier cas de contagion au COVID-19, le 25 février 2020 à Blida, l'épidémie s'est progressivement propagée pour toucher l'ensemble du territoire national. D'après les données publiées le 25 juin 2021 par le Ministère de la Santé de la Population et de la Réforme Hospitalière (MSPRH) et l'Entreprise d'Appui au Développement Numérique (EADN), l'Algérie compte 137403 cas infectés par le Coronavirus dont sont 3669 décédés en. Alger est la Wilaya la plus touchée avec au totale, 6607 de cas confirmés et 200 morts suivie par Blida et Oran avec respectivement 4 500 et 4355 de cas enregistrés.

Dans la wilaya de Tiaret, le premier cas a été enregistré en 2 avril 2020. Actuellement il y'a 1453 cas dont 53 décès (OMS, 2021).

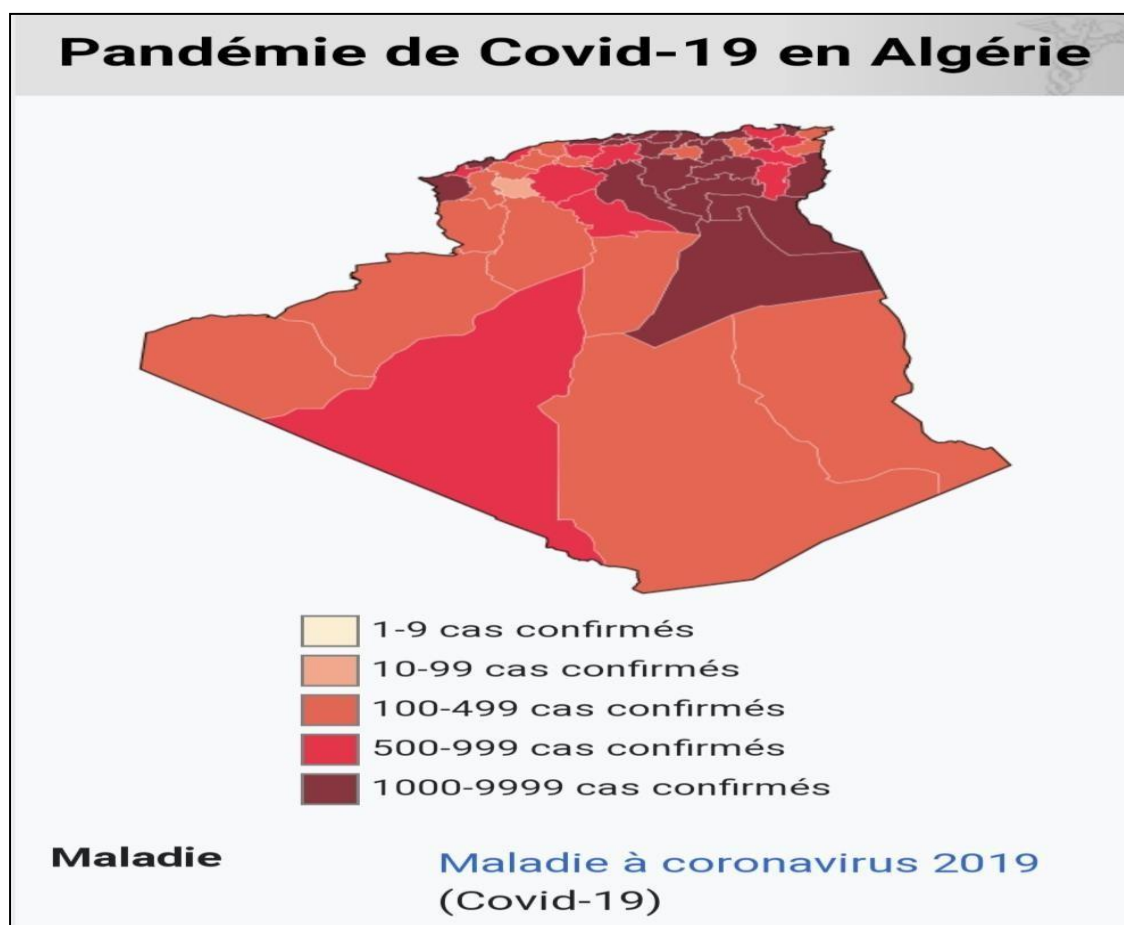


Figure 12 : Propagation de la pandémie du COVID-19 dans l'Algérie (OMS, 2021)

7. Coronavirus et les groupes sanguins

Le système ABO a été rapporté comme étant un facteur de risque de l'infection à SARS-CoV2 et influant sur la sévérité de la maladie. D'autres facteurs sont associés à une mortalité plus élevée. L'analyse de ces facteurs demeure essentielle pour optimiser la prise en charge.

Deuxième partie
Etude expérimentale

Chapitre I

Matériel et méthodes

1. Zone d'étude

Nous avons réalisé une étude sous forme d'enquête portant sur l'étude de la relation entre les groupes sanguins (système ABO) et la sensibilité au COVID-19 chez des patients hospitalisés (cas confirmés positifs) au niveau de trois hôpitaux de la Wilaya de Tiaret. Hôpital Youcef Damerji qui se situe dans le chef-lieu de la Wilaya et hôpital Mohamed Boudief dans la commune de Mahdia qui situe à 50 km et hôpital ibn sina commune de Frenda qui suite à 50 km de la commune de Tiaret (Fig. 13).

La wilaya de Tiaret est située au nord-ouest de l'Algérie. Elle compte 851 426 habitants sur une superficie de 20399,10 km².

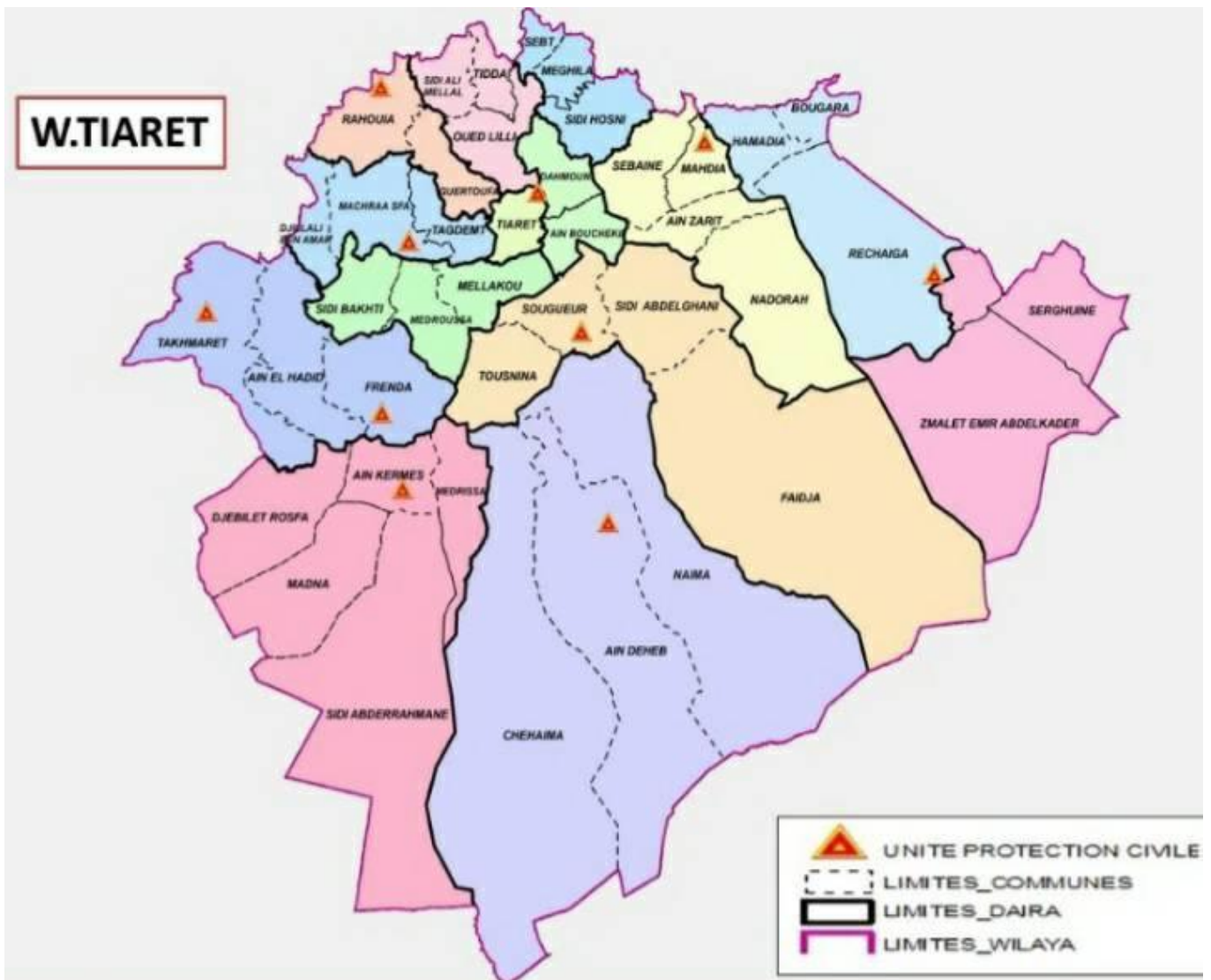


Figure 13 : Carte géographique de Tiaret (Source : Google Maps)

Notre enquête a été effectuée entre le 01 novembre 2020 et le 28 Avril 2021. Au total, les données de 172 patients ; âgés de 20 à 90 ans, confirmés comme des cas positifs du COVID-19 dans les trois hôpitaux précités, ont été collectées et analysées. Ces patients ont été choisis au hasard.

Les données ont été recueillies à partir d'un questionnaire semi-structuré préalablement établi adressé aux patients et que nous avons distribué dans différents établissements hospitaliers de la commune de Tiaret et de Mahdia et de Freneda dont le but est de tirer des informations sur l'état de santé des patients hospitalisés et de collecter des données nécessaires pour notre travail de recherche.

La fiche d'enquête (**Annexe 1**) comporte 12 questions fermées à choix multiples. Elle porte sur la tranche d'âge, le sexe, les groupes sanguins des patients, les symptômes contractés (toux, fièvre, fatigue), aussi sur la gravité de la maladie et enfin la durée de leurs confinement (à l'hôpital).

2. Traitement des données

Les informations collectées ont été classées en utilisant le tableur Excel afin d'établir l'influence des différents facteurs étudiés.

3. Analyse statistique

L'analyse statistique des résultats a été réalisée par un logiciel statistique Excel 2010.

Chapitre II

Résultats et discussions

La COVID-19 affecte les individus de différentes manières. La plupart des personnes infectées développent une forme légère à modérée de la maladie et guérissent sans hospitalisation. Dans cette étude la relation entre cette maladie et les groupes sanguins des populations de la wilaya de Tiaret a été étudiée.

1. Tranche d'âge des patients

L'âge des patients atteints de la COVID-19 lors de cette étude varie entre 20 et 90 ans, dont une forte majorité a plus de > 60 ans soit 50 % de la totalité, suivi par la catégorie des patients qui ont entre 40 et 60 ans avec un taux de 35,46 %. La tranche d'âge [30 à 40 ans] représente 9,30 % de la totalité, cependant les patients qui ont moins de 20 ans ont enregistré le taux le plus faible 1,16% (Fig.14).

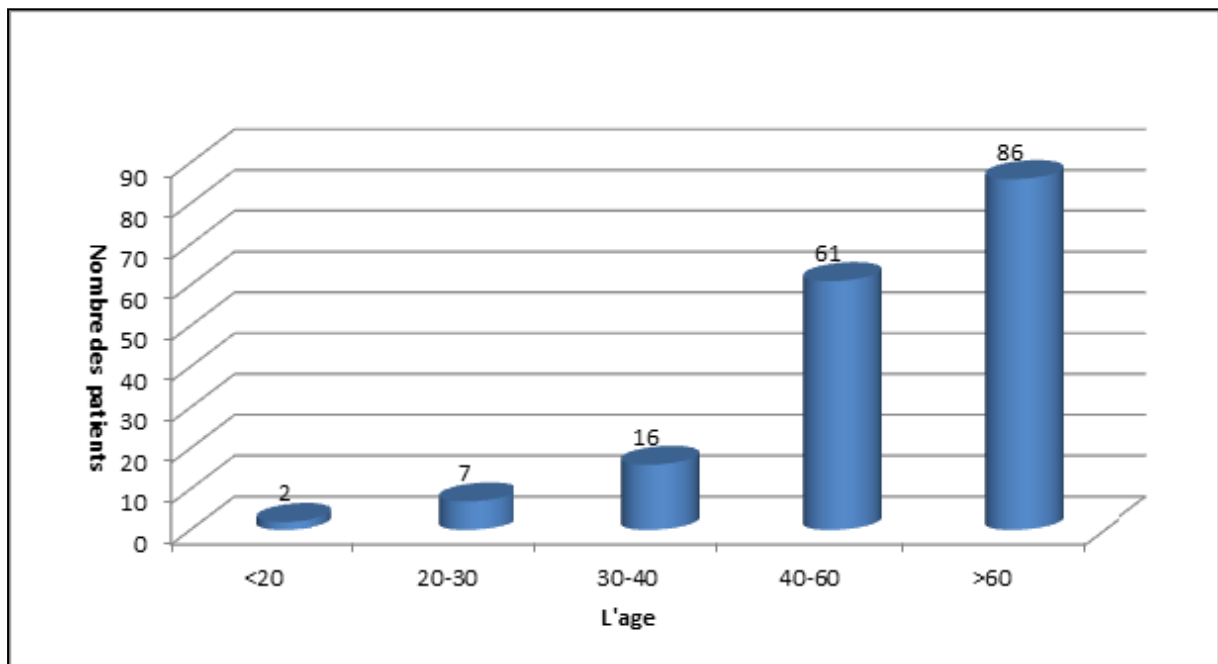


Figure 14 : Classe d'âge des patients

2. Sexe des patients

Notre enquête a révélé que 63 % des cas de la COVID 19 enregistrés dans la wilaya de Tiaret appartiennent au sexe masculin. Alors que, les femmes ont représenté un taux de 37 % (Fig. 15).

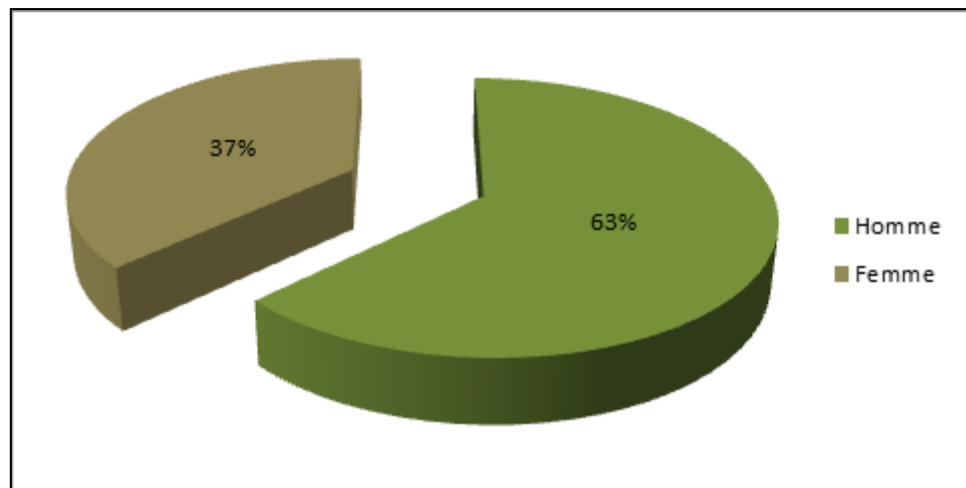


Figure 15 : Répartition des patients selon le sexe des patients

3. Groupes sanguins des patients

Les résultats de cette étude ont montré que presque la moitié des patients, soit 46 % de la totalité, ont un groupe sanguin de type O. Suivi par les patients ayant les groupes sanguins de type A et B avec des pourcentages de 28 % et 15% respectivement. Tandis que, le groupe sanguin AB a montré le pourcentage le plus faible avec 11 % (Fig. 16).

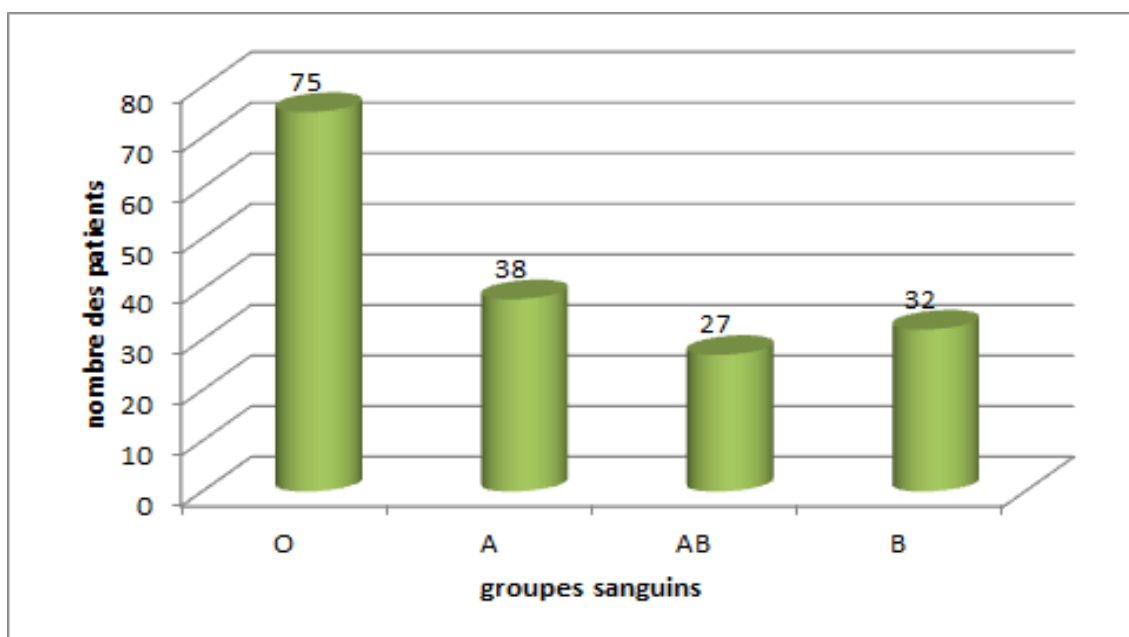


Figure 16 : Nombre de patients selon le groupe sanguin

4. Répartition des groupes sanguins et Rhésus

En outre, les résultats des groupes sanguins en fonction de leur rhésus, ont révélé que les groupes sanguins aux rhésus négatifs (A-, B-, O- et AB-) représentent 51,95 % de la totalité des cas, répartis comme suivant sur les groupes : 13,9 % pour O-, 8,2 % pour A-, 7,5% pour B- et 6,4 % pour AB-. Cependant, les 48,05% restants qui représente les groupes sanguins aux rhésus positifs sont proportionnés comme suit : 29,6 % pour O+, 13,9% pour A+, 11,1% pour B+ et enfin 9,3% pour AB+ (Fig. 17).

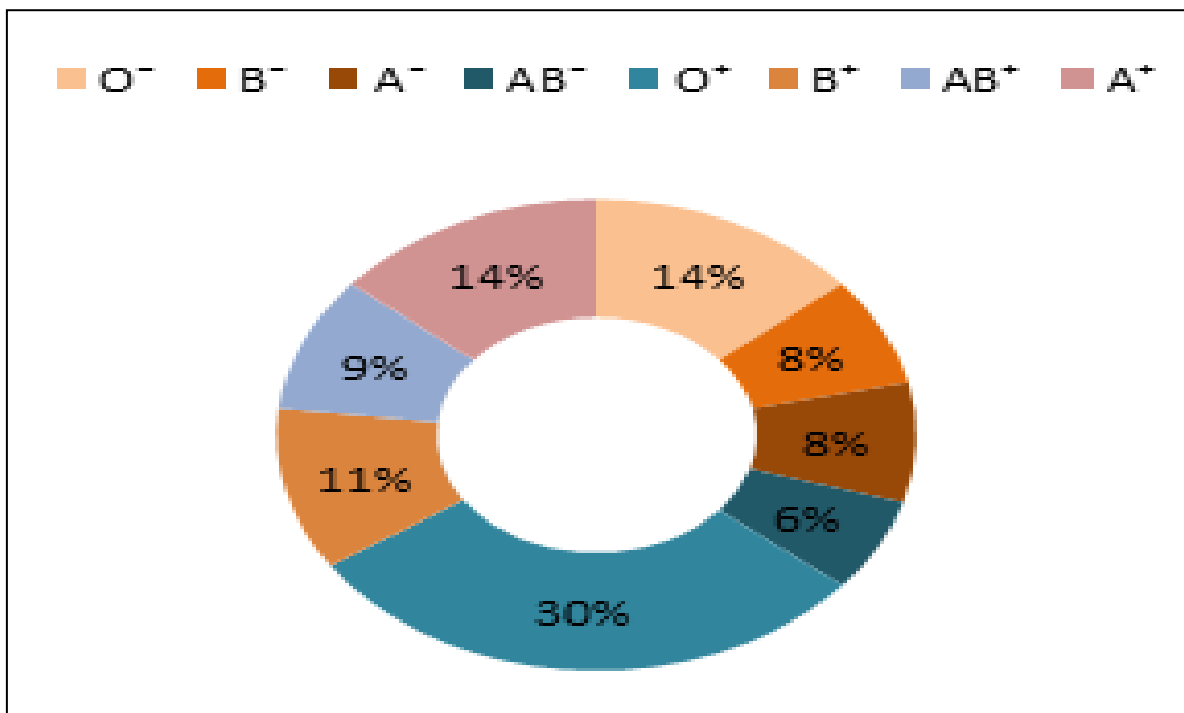


Figure 17 : Répartition des groupes sanguins selon le Rhésus

5. Symptômes

Les symptômes les plus courants de la COVID 19 sont la fièvre, fatigue générale, toux sèche, diarrhée, maux de tête, courbatures. Dans notre étude, on s'est basé sur le symptôme principal : la fièvre, la toux sèche et la fatigue.

6. Fièvre chez les patients

26,74% des cas recensés ont enregistré une fièvre modérée qui situe entre 38 °C et 39 °C. Par ailleurs, 36,04% des malades ont vu leurs symptômes s'aggraver avec une augmentation de leur température corporelle (plus de 39 °C) et des gênes respiratoires. Cependant, 37,20 % des personnes n'ont montré aucun symptôme (asymptomatique) (Fig.18).

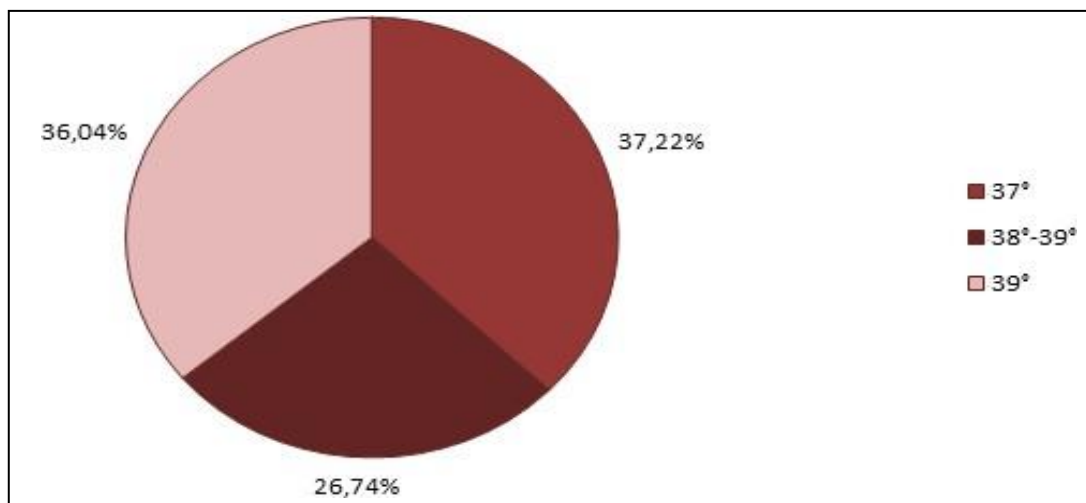


Figure 18 : Répartition des patients selon le type de fièvre

7. Durée passée en isolement

Les résultats obtenus ont montré que 31,9% des malades infectés, dans les trois hôpitaux de la wilaya de Tiaret au cours de cette étude, ont passé une durée de confinement de 7 à 14 jours, indépendamment de la gravité de leur état. Alors que, 21,6 % des malades ont passé plus de 14 jours en isolement, tandis que les 46,5% restants ont passé une période de moins de 7 jours (Fig. 19).

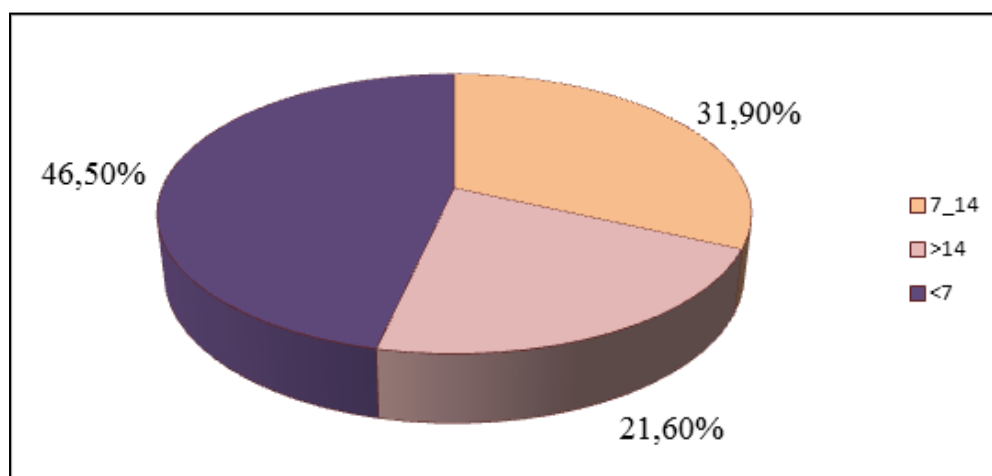


Figure 19 : Répartition des patients selon leur durée d'isolement

8. Etat des patients

Dans la période entre Novembre 2020 et Avril 2021, sur 172 patients infectés par le COVID 19 à Tiaret, 46 cas sont décédés ce qui donne un taux de mortalité de 27% par cette maladie (Fig. 20). Un taux relativement élevé si on prend en considération le nombre des patients et aussi la vaccination qui été commencé durant cette période.

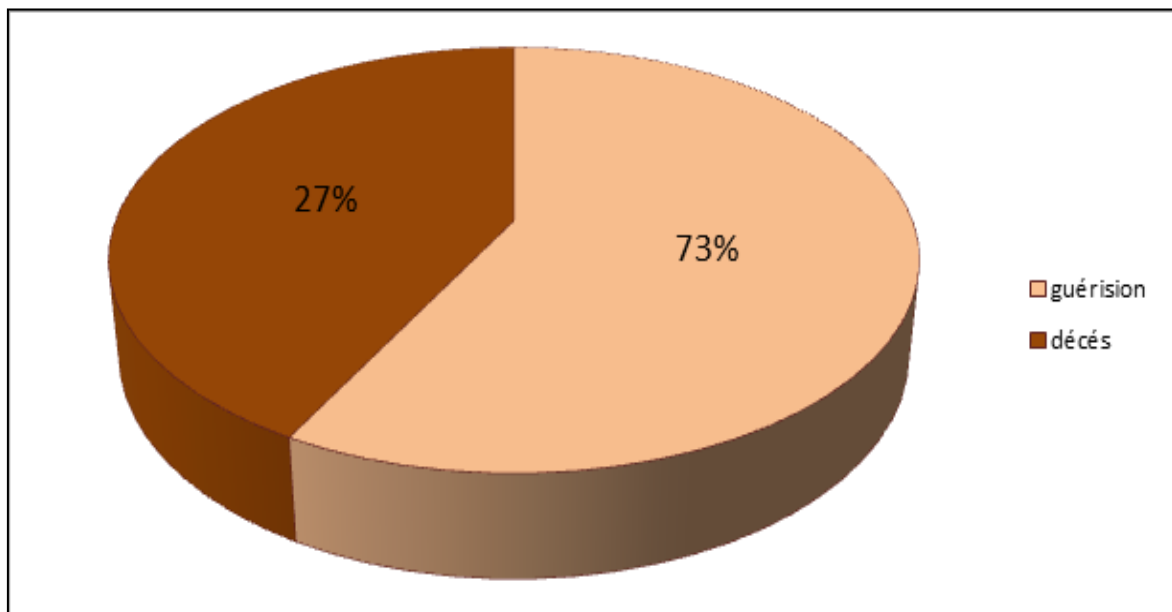


Figure 20 : Etat final des patients

9. Le décès en fonction d'âge et sexe

Nos données ont révélé l'existence d'une relation entre l'âge des malades et leurs sexe avec la létalité, en effet, plus l'âge des patients augmente plus le taux de guérison diminue et vice-versa. De même, on remarqué que les femmes ont plus d'immunité que les hommes contre la maladie.

Pour les malades âgés de plus de 60 ans, 69,56% ont succombé à la maladie et pour leur sexe on a trouvé que 52,17% sont des mâles et 17,39% sont des femelles. Suivie par les patients qui appartiennent à la tranche d'âge comprise entre 40 et 60 avec 26.08% de décès avec 19,56% male et 6.52% femelle.

En revanche, les jeunes adultes âgés de moins de 40 ans ont un taux de mortalité moins élevé, soit 4,34% de décès. À cet âge, nous avons constaté que les proportions sont égales à 2,17% pour les deux sexes (Fig. 21).

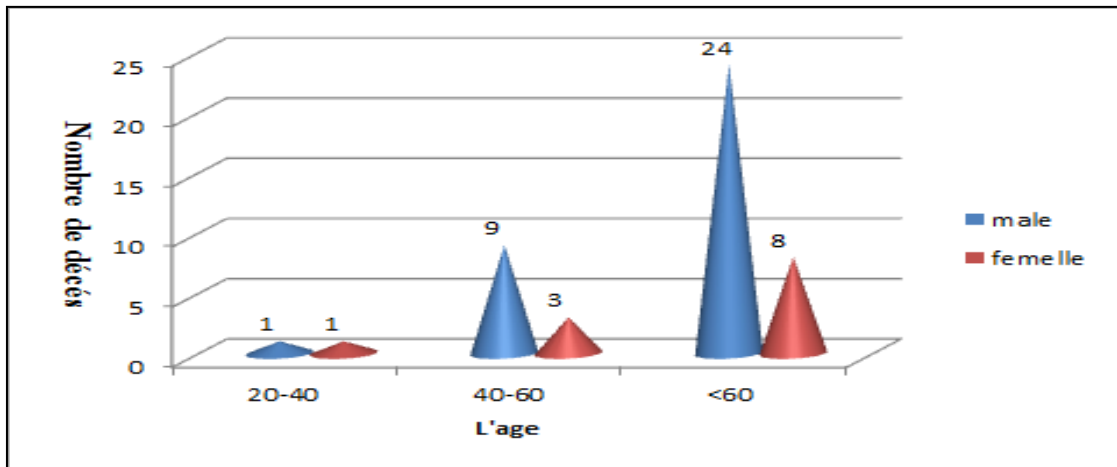


Figure 21 : Le nombre de décès en fonction du sexe et d'âge

10. Cas de décès selon les groupes sanguins

Dans cette étude, on a constaté que le nombre de décès pour chaque groupe sanguin est directement proportionnel au nombre de personnes guéries, à l'exception des patients du groupe sanguin AB, le taux de mortalité de ces patients est relativement plus élevé que celui des autres groupes sanguins. En fait, 18 des 29 patients ayant un groupe sanguin AB sont décédés, c'est-à-dire que le taux de mortalité était de 67,85 %. Suivi par le groupe A dont 11 sur 38 patients sont décédés après infection, avec un taux de mortalité de 23,91 %. Par la suite, on trouve le groupe sanguin B avec 10 décès parmi 22 patients ce qui représente un taux de mortalité 21,73%. En revanche, dans le groupe sanguin O le plus grand nombre de cas, le taux de mortalité est le plus faible. 7 décès sur 75 cas, soit un taux de mortalité de 15,21 % (Fig. 22).

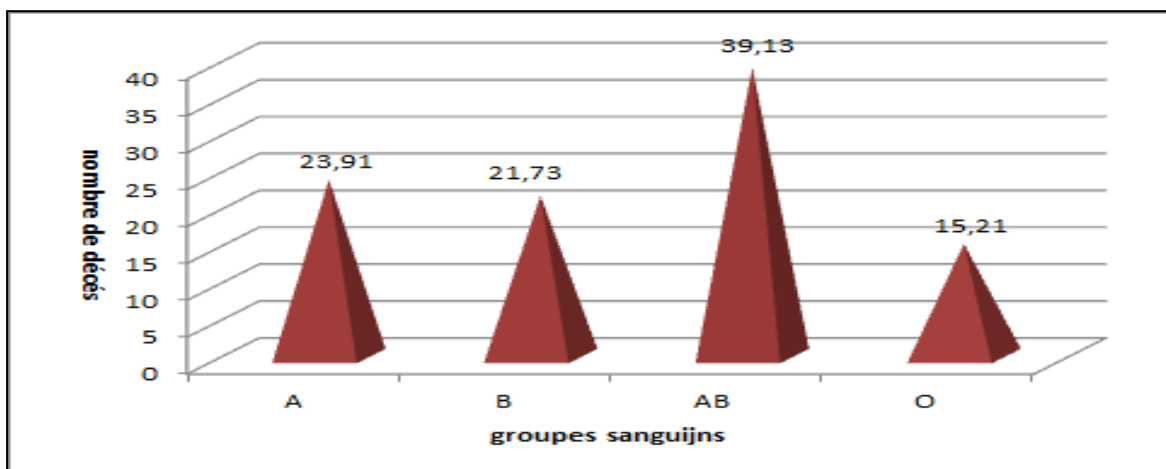


Figure 22 : Le nombre de décès selon le groupe sanguin

La propagation du nouveau coronavirus SARS-CoV-2, découvert en Chine en décembre 2019, a mené progressivement à une pandémie dès Mars 2020. Souvent à l'origine d'un syndrome infectieux sans gravité il peut aussi causer des tableaux cliniques graves et parfois de décès. Classiquement, quatre mesures majeures sont essentielles pour contrôler une maladie épidémique : identifier et contrôler l'origine de la maladie, couper la voie de transmission infectieuse, traiter efficacement les patients et améliorer l'immunité collective. En effet, les facteurs génétiques jouent un rôle important dans de nombreuses maladies, telles que les maladies cardiovasculaires, le diabète sucré, les cancers et les maladies infectieuses, dont le paludisme VIH et grippe (**Alemu et Mama, 2016**). En tant que facteur génétique, la distribution des groupes sanguins ABO a été largement étudiée dans le domaine des maladies infectieuses. Dès l'apparition du Coronavirus, les chercheurs ont signalé que le type système ABO était fortement associé non seulement à l'acquisition d'une infection par la COVID19, mais également à la survie des patients après l'infection (**Cooling, 2015**). L'étude et la compréhension de la relation entre le groupe sanguin humain et l'infection par le virus, permet de déterminer la sensibilité au virus des personnes de différents groupes sanguins.

Notre travail va dans ce sens, en effet on a réalisé une étude sur 172 personnes qui ont le COVID-19 tous groupes sanguins confondus (A, B, O, AB) dans la wilaya de Tiaret. Cette étude affirme que les individus appartenant au groupe sanguin O ont un risque supérieur (43,6 % de la totalité) aux autres groupes de contracter le virus, à l'inverse de ceux du groupe AB qui ont montré un taux faible de 15,7 %.

Cependant, le taux des patients ayant un groupe A est de 21,1%. En outre, l'analyse de la corrélation entre les groupes sanguins et le taux de mortalité au niveau des hôpitaux de la wilaya de Tiaret a révélé que les personnes du groupe sanguin O sont plus sensibles au virus COVID-19 que les autres groupes sanguins, mais ils ont le taux de guérison le plus élevé (84,79 %). Alors que, le groupe AB a montré le taux de vulnérabilité de plus grand, avec 21 personnes décès sur 32 patients ayant ce groupe, soit un taux de mortalité de 15,7%. Nos résultats rejoignent ceux de Benzrouk et Bouzana, qui ont effectué une étude sur la relation entre le système ABO et la COVID-19 Dans la wilaya de Tiaret entre Juillet et Septembre 2020. Ils ont trouvé que le groupe O est dominat par rapport aux autres avec un pourcentage de 46%. Tandis que, la majorité des travaux réalisés dans cet axe ont montré des résultats en contradiction avec les miens. (**Fan et al., 2020**), ont trouvé une forte association entre le groupe sanguin A et la COVID-19, notamment chez les femmes. Plusieurs d'autres travaux ont confirmé cette hypothèse.

Une étude chinoise a montré une fréquence accrue du groupe sanguin A et une

fréquence diminuée du groupe sanguin O chez les patients infectés par le SARS-CoV-2 par rapport à une population saine. Cette susceptibilité aux infections a aussi été observée avec le SARS-COV (Li *et al.*, 2020). En Tunisie, (Bouزيد *et al.*, 2021) ont révélé que le groupe A est lié à une plus grande susceptibilité à l'infection à SARS-COV-2. 55% des patients atteints de la maladie porte ce groupe, sachant que la fréquence des phénotypes du groupe A est de 30% en Tunisie.

Ce qui montre que les résultats et la distribution des patients est corrélé avec les fréquences phénotypiques des groupes sanguins dans la population dans une région donnée. A Tiaret 43,6% des habitants appartient au groupe sanguin O, 22,1% au groupe A, le groupe B représente 18,6% de la population et enfin le groupe AB avec 15,7% (Alkout *et al.*, 2020). Or plus le groupe sanguin est répandu dans la population, plus il est susceptible d'être positif au test de la COVID-19, ce qui explique pourquoi cette donnée remonte. Les chercheurs soulignent que les populations de référence utilisées pour comparer les distributions ABO doivent être sélectionnées avec soin et assurées une distribution régulière entre les différentes catégories (Dzik *et al.*, 2020).

D'ailleurs, Une précédente étude à propos du SARS-CoV avait déjà montré que l'association de la protéine S du virus avec le récepteur cellulaire ACE2, préalable à l'infection, est inhibée par l'anticorps anti-A (Patrice *et al.*, 2020).

Par ailleurs, la comparaison entre les types de Rhésus et l'infection par le COVID19 a révélé une supériorité du phénotype Rh+ qui représentait 63,9%, tandis que Rh- représentait 36,1% des cas. (Zietz et Tattonetti, 2020), ont constaté que le groupe sanguin Rh- ne représentait que 9,25 % des individus touchés par la COVID-19 au New York.

D'un autre côté, nos résultats montrent que tout le monde est sensible à la maladie, mais les symptômes cliniques de l'infection par le SRAS-CoV-2 varient considérablement d'une personne à l'autre, allant des formes asymptomatiques aux formes sévères voire mortelles. Ce contraste est dû à deux facteurs, l'âge et les comorbidités. Tel que décrit dans plusieurs études, l'âge avancé est le facteur le plus associé à la mortalité. La progression de la maladie est rapide. Selon (Williamson *et al.*, 2020), l'âge est le premier facteur de risque numéro. Lorsque les personnes ont plus de 70 ans et peuvent développer des maladies graves et plus graves, le risque de mortalité est multiplié par 5.

La deuxième catégorie de personnes à risque qui sont les adultes de tous âges qui sont touchés par des comorbidités, c'est-à-dire qu'ils ont d'autres maladies qui les font s'infecter face aux infections. à la forme sévère de la COVID-19 en faisant baisser les défenses du système immunitaire (Wei-jie Guan *et al.*, 2020) sont également arrivés à la même

conclusion.

Selon les cas enregistrés, ces maladies sont les maladies cardiaques les maladies respiratoires chroniques, le diabète, le cancer, les maladies rénales, l'hypertension artérielle et les maladies génétiques rares.

Conclusion

Conclusion

Le nouveau coronavirus SARS-CoV2 constitue à ce jour une menace pour le monde entier. Plusieurs facteurs peuvent influencer la situation des personnes atteintes du virus, comme les facteurs de l'hôte tel que l'âge et les comorbidités tel que, le diabète, l'hypertension, l'obésité, etc, ou les facteurs génétiques des populations entières, tel que les gènes du système ABO, qui pourrait être l'un des facteurs les plus déterminants, non seulement à l'infection par la COVID-19, mais aussi à la survie des patients après l'infection.

Dans ce travail qui décrit la relation entre le virus COVID19 et les groupes sanguins ABO chez les personnes infectées dans le territoire de la wilaya de Tiaret, des résultats intéressants ont été obtenus. L'étude a montré une relation étroite entre le système ABO et la sensibilité à la COVID-19, le groupe O étant plus sensible par rapport aux autres groupes avec un taux d'infection de (43,6%). Cependant, le groupe AB qui a présenté le taux le plus faible d'infection (15,7%) d'une part, il a montré, d'une autre part, le taux de mortalité le plus important, soit 18 décès sur 29 personnes infectées. En outre, les résultats montrent que les gens ayant un rhésus positif sont plus vulnérables par rapport aux porteurs du rhésus négatif avec des proportions de 64% et 36%, respectivement.

Par ailleurs, la majorité des cas infectés et hospitalisés dans la wilaya de Tiaret ayant une tranche d'âge ≥ 60 ans et la majorité appartiennent aux sexes masculins (63%).

36,04% des patients ont enregistré une fièvre grave dont les températures dépassent 39°C.

Durant la période de l'enquête, 46 patients sont été décédés après infection par la COVID19, soit un taux de létalité de 27%. L'âge et la comorbidité sont les facteurs les plus déterminants, 32 Sur 86 personnes infectés ont un âge dépasse les 60 ans ont été décédés. Ces résultats confirment ceux obtenus dans l'enquête réalisée entre la période Décembre 2020 et Avril 2021 ce qui prouve que l'infection est influencé par la répartition des groupes sanguins au sein de la population tiaretienne.

*Références
bibliographiques*

-A-

- Ad'hiah, A. H., Allami, R. H., Mohsin, R. H., Abdullah, M. H., AL-Sa'ady, A. J., & Alsudani, M. Y. (2020). Evaluating of the association between ABO blood groups and coronavirus disease 2019 (COVID-19) in Iraqi patients. *Egyptian Journal of Medical Human Genetics*, 21(1), 1-6.
- Alemu, G., & Mama, M. (2016). Assessing ABO/Rh blood group frequency and association with asymptomatic malaria among blood donors attending Arba Minch blood bank, South Ethiopia. *Malaria research and treatment*, 2016.
- Alkout, T. A., & Alkout, A. M. (2020). ABO blood groups among Coronavirus disease 2019 patients. *Iberoamerican Journal of Medicine*, 2(4), 268-274.
- Ashour, HM, Elkhatib, WF, Rahman, M., & Elshabrawy, HA (2020). Aperçu du récent nouveau coronavirus 2019 (SARS-CoV-2) à la lumière des épidémies passées de coronavirus humain. *Pathogènes* , 9 (3), 186.
- Astier, S., Albouy, J., Maury, Y., & Lecoq, H. (2001). *Principes de virologie végétale: génome, pouvoir pathogène, écologie des virus*. Editions Quae.
- Azhar, EI, Lanini, S., Ippolito, G., & Zumla, A. (2016). Le coronavirus du syndrome respiratoire du Moyen-Orient – un risque permanent pour la sécurité sanitaire mondiale. Dans *Infections virales émergentes et ré-émergentes* (pp. 49-60). Springer, Cham.

-B-

- Bourhy, H., Reynes, J. M., Dunham, E. J., Dacheux, L., Larrous, F., Huong, V. T. Q., ... & Holmes, E. C. (2008). The origin and phylogeography of dog rabies virus. *The Journal of general virology*, 89(Pt 11), 2673.
- Bouzid, NM, Archie, JW, Anderson, RA, Grummer, JA et Leaché, AD (2021). Preuve de la formation d'espèces annulaires éphémères au cours de l'histoire de la diversification des lézards des clôtures occidentales (*Sceloporus occidentalis*). *Ecologie Moléculaire*.
- Brass, A. L., Huang, I. C., Benita, Y., John, S. P., Krishnan, M. N., Feeley, E. M., ... & Elledge, S. J. (2009). The IFITM proteins mediate cellular resistance to influenza A H1N1 virus, West Nile virus, and dengue virus. *Cell*, 139(7), 1243-1254.

- Bréard, E., Lara, E., Comtet, L., Viarouge, C., Doceul, V., Desprat, A., ... & Zientara, S. (2013). Validation d'un ELISA indirect disponible dans le commerce utilisant une protéine recombinante de nucléocapside pour la détection des anticorps du virus de Schmallenberg. *PloS un* , 8 (1), e53446.

-C-

- Castillo, A., & Gayme, DF (2014). Applications de stockage d'énergie à l'échelle du réseau dans l'intégration des énergies renouvelables : une enquête. *Conversion et gestion de l'énergie* , 87 , 885-894.
- Chan, J. F. W., Lau, S. K. P., & Woo, P. C. Y. (2013). The emerging novel Middle East respiratory syndrome coronavirus: the “knowns” and “unknowns”. *Journal of the Formosan Medical Association*, 112(7), 372-381.
- Cooling, L. (2015). Blood groups in infection and host susceptibility. *Clinical microbiology reviews*, 28(3), 801-870.
- Courtesy of H. Gelderblom, Robert- Koch-Institute, Berlin.

-D-

- Daussy, C. (2016). *Rôle de l'autophagie sélective au cours de l'infection par le VIH-1 des lymphocytes T CD4* (Doctoral dissertation, Université Montpellier).
- Dzik, S., Eliason, K., Morris, E. B., Kaufman, R. M., & North, C. M. (2020). COVID-19 and ABO blood groups. *Transfusion*.

-F-

- Floriane valdayron. DR-MICROBE/ISTOCK, 2019).
- Frauger, E., Fouilhé, N., Lacroix, C., Mallaret, M., & Micallef, J. (2021). Augmentation des surdosages et des décès en lien avec la consommation de méthadone durant la crise sanitaire liée au COVID 19 au regard des tendances observées en 2019. *Therapies*, 76(2), 171.

-G-

- Gagneur, A., Legrand, M. C., Picard, B., Baron, R., Talbot, P. J., De Parscau, L., & Sizun, J. (2002). Nosocomial infections due to human coronaviruses in the newborn. *Archives de pediatrie: organe officiel de la Societe francaise de pediatrie*, 9(1), 61-69.
- Guan, W. J., Liang, W. H., Zhao, Y., Liang, H. R., Chen, Z. S., Li, Y. M., ... & He, J. X. (2020). Comorbidity and its impact on 1590 patients with COVID-19 in China: a nationwide analysis. *European Respiratory Journal*, 55(5).

-H-

- Hassan, S. A., Sheikh, F. N., Jamal, S., Eze
- h, J. K., & Akhtar, A. (2020). Coronavirus (COVID-19): a review of clinical features, diagnosis, and treatment. *Cureus*, 12(3).

-L-

- Lamotte Castillo, J. A. (2014). Infección por VIH/sida en el mundo actual. *Medisan*, 18(7), 993-1013.
- Li, J., Wang, X., Chen, J., Cai, Y., Deng, A., & Yang, M. (2020). Association between ABO blood groups and risk of SARS-CoV-2 pneumonia. *British journal of haematology*, 190(1), 24-27.
- Lodigiani, C., Iapichino, G., Carenzo, L., Cecconi, M., Ferrazzi, P., Sebastian, T., ... & Force, T. (2020). Venous and arterial thromboembolic complications in COVID-19 patients admitted to an academic hospital in Milan, Italy. *Thrombosis research*, 191, 9-14.
- Lorenzini, D. (2021). Biopolitics in the Time of Coronavirus. *Critical inquiry*, 47(S2), S40-S45.
- López Guerrero, J. G. (2021). *Estudio in vitro de la actividad antiviral de J. dioica contra el virus de hepatitis C (VHC) y el virus del dengue (DENV-2)* (Doctoral dissertation, Universidad Autónoma de Nuevo León).

-M-

- McIntosh, K., Hirsch, MS et Bloom, A. (2020). Maladie à coronavirus 2019 (COVID-19). *Mise à jour Hirsch MS Bloom*, 5 (1).
- Messaoudi, I., Amarasinghe, GK, & Basler, CF (2015). Pathogénie des filovirus et évasion immunitaire : aperçu du virus Ebola et du virus de Marburg. *Nature Reviews Microbiology*, 13 (11), 663-676.
- Meulenber, J. J. (2000). PRRSV, the virus. *Veterinary research*, 31(1), 11-21.

-P-

- Patrice, S. (2020). Article Effet Non Linéaire De L'endettement Sur La Croissance Dans l'UEMOA (the Non Linear Effect of Debt to Economic Growth in WEAMU Countries). *Available at SSRN 3631079*.
- Perry, K. L. (2004). Transmission of plant viruses by aphid vectors. *Molecular plant pathology*, 5(5), 505-511.
- Prescott, J., Falzarano, D., de Wit, E., Hardcastle, K., Feldmann, F., Haddock, E., ... & Munster, V. J. (2018). Pathogenicity and viral shedding of MERS-CoV in immunocompromised rhesus macaques. *Frontiers in immunology*, 9, 205.
- Prescott, L. M., Willey, J. M., Sherwood, L. M., & Woolverton, C. J. (2018). *Microbiologie*. De Boeck Supérieur.

-R-

- Redha, A. M. (2020). Etude épidémiologique de l'efficacité des différents traitements utilisés contre le Coronavirus (COVID-19) (Doctoral dissertation)
- Ruiz, G. P. I., & León, A. C. I. (2020). Evolución de la enfermedad por coronavirus (COVID-19) en Ecuador. *La Ciencia al Servicio de la Salud*, 11(1), 5-15.

-S-

- Scott, F. W. (1999). Evaluation of risks and benefits associated with vaccination against coronavirus infections in cats. *Advances in veterinary medicine*, 41, 347.
- Somma, A., Adler, LA, Gialdi, G., Arteconi, M., Cotilli, E., & Fossati, A. (2021). La validité de l'échelle d'auto-évaluation des troubles de l'attention et de l'hyperactivité chez l'adulte de l'Organisation mondiale de la santé pour le manuel diagnostique et statistique des troubles mentaux, in Adolescence. *Journal de psychopharmacologie de l'enfant et de l'adolescent*.

-T-

- Tan, TY, Fibriansah, G., Kostyuchenko, VA, Ng, TS, Lim, XX, Zhang, S., ... & Lok, SM (2020). La structure de la protéine de capsid dans le virus Zika révèle le processus d'assemblage des flavivirus. *Communications nature*, 11 (1), 1-13.

-V-

- Vabret, A., Dina, J., Brison, E., Brouard, J., & Freymuth, F. (2009). *Pathol. Biol*, 57, 149-160.
- Vabret, A., Dina, J., Brison, E., Brouard, J., & Freymuth, F. (2009). Coronavirus humains (HCoV) Human coronaviruses. *Pathol. Biol*, 57, 149-160.
- Voet, D., & Voet, J. G. (2016). *Biochimie*. De Boeck Supérieur.

-W-

- Wilemon, K. A., Patel, J., Aguilar-Salinas, C., Ahmed, C. D., Alkhnifsawi, M., Almahmeed, W., ... & Gidding, S. S. (2020). Reducing the clinical and public health burden of familial hypercholesterolemia: a global call to action. *JAMA cardiology*, 5(2), 217-229.
- Williamson, E. J., Walker, A. J., Bhaskaran, K., Bacon, S., Bates, C., Morton, C. E, & Goldacre, B. (2020). Factors associated with COVID-19-related death using OpenSAFELY. *Nature*, 584(7821), 430-436.
- Woo, PC, Huang, Y., Lau, SK, & Yuen, KY (2010). Analyse génomique et bioinformatique des coronavirus. *virus*, 2 (8), 1804-1820 .
- Wu, Y., Xu, X., Chen, Z., Duan, J., Hashimoto, K., Yang, L., ... & Yang, C. (2020). Atteinte du système nerveux après une infection par COVID-19 et d'autres coronavirus. *Cerveau, comportement et immunité*, 87, 18-22.

-Z-

- Zietz, M., Zucker, J., & Tatonetti, NP (2020). Tester l'association entre le groupe sanguin et l'infection au COVID-19, l'intubation et la mort. *MedRxiv*.
- Zuberi, A., Waqas, A., Sadiq, N., Hossain, M., Rahman, A., Saeed, K., & Fuhr, D. (2021). Prévalence des troubles mentaux dans la Région OMS de la Méditerranée orientale : revue systématique et méta-analyse. *Frontières en psychiatrie* .

Annexe

Annexe I : Questionnaire. N°...

Wilaya :

Hôpital :

Patient

Sexe : Masculin Féminin

Age : < 20 ans 20-30 ans 30-40 ans 40-60 60 ans <

Groupe sanguin : A B AB O

A+ A- B+ B- AB+ AB- O+ O-

Symptômes :

Fièvre : Oui Non Si **Oui**, la fièvre est : Légère (38°C) Modérée (38°C-39°C) Forte (39°C)

Toux sèche : Oui Non

Si **Oui**, la toux est : Légère Modérée Forte

Fatigue : Oui Non

Si **Oui**, la fatigue est : Légère Modérée Forte

Autres Symptômes

Etat du patient : Légère Modéré Grave Si l'état

est (était) grave, le patient est mis en Réanimation : Oui Non **Situation**

final : Guérison Décès S'il est gréé ,

Est-ce que il a reconnu une récurrence de la maladie : Oui Non

Durée passée en isolement : 7 jours 7-14 jours 14 jours

Résumé

Le monde a connu une grave crise sanitaire, d'origine de la Chine, depuis novembre 2019 jusqu'à aujourd'hui, après la propagation d'un virus appartient à la famille du SARS-CoV2 et causé une maladie appelé par la suite la COVID-19. Le plus souvent à l'origine d'un syndrome infectieux sans gravité, associant à différents degrés des symptômes bénins (fièvre, toux, myalgies, céphalées et éventuels troubles digestifs) la COVID-19 peut être à l'origine de pathologies pulmonaires graves et parfois de décès. Plusieurs hypothèses suggèrent le système ABO est un facteur de risque de l'infection à SARS-CoV2 et influant sur la sévérité de la maladie. Dans notre étude, on a utilisé des données de santé de 172 personnes infectées par cette maladie, entre Décembre 2020 et Avril 2021, pour évaluer l'association entre les groupes sanguins ABO et Rhésus et l'infection, l'intubation et la mort dans la Wilaya de Tiaret. Les résultats obtenus ont montré que le pourcentage le plus élevé a été enregistré avec le groupe O avec 43,5% (O^+ : 29,6% & O^- : 13,9%), suivi par le groupe A avec 22,1% (A^+ : 13,9% & A^- : 8,2). Le groupe B était classé en 3eme position par 18,6 % (B^+ : 11,1% & B^- : 7,5%), et enfin le groupe AB a montré le taux de risque le plus faible 15,7% (AB^+ : 6,5% & AB^- : 9,3%). En outre, un taux de décès très élevé a été enregistré : 27 % (46 personnes sur 172). Ces résultats obtenus pourront être exploités dans d'autres études, pour confirmer l'effet et les conséquences de ce virus en Algérie.

Mots clés

COVID-19 ; Pandémie ; Système ABO ; Système rhésus ; Virus ; Tiaret.

المخلص

شهد العالم أزمة صحية خطيرة ، نشأت في الصين ، من نوفمبر 2019 حتى اليوم ، بعد انتشار فيروس ينتمي إلى عائلة SARS-CoV2 وتسبب في مرض يسمى فيما بعد COVID-19. غالبًا ما يكون سبب متلازمة معدية خفيفة ، والتي ترتبط بدرجات متفاوتة من الأعراض الخفيفة (الحمى والسعال وآلام العضلات والصداع واضطرابات الجهاز الهضمي المحتملة) يمكن أن يكون COVID-19 سببًا لأمراض رئوية خطيرة وأحيانًا الوفاة. تشير العديد من الفرضيات إلى أن نظام ABO هو عامل خطر لعدوى SARS-CoV2 ويؤثر على شدة المرض. في دراستنا ، استخدمنا بيانات صحية من 172 شخصًا مصابًا بهذا المرض ، بين ديسمبر 2020 وأبريل 2021 ، لتقييم الارتباط بين فصيلة الدم ABO و Rhesus والعدوى والتنبيب والموت في ولاية تيارت. أظهرت النتائج التي تم الحصول عليها أن أعلى نسبة سجلت في المجموعة O بنسبة 43.5% (O^+ : 29.6% & O^- : 13.9%) ، تليها المجموعة A بنسبة 22.1% (A^+ : 13.9% & A^- : 8.2%). احتلت المجموعة B المرتبة الثالثة بنسبة 18.6% (B^+ : 11.1% & B^- : 7.5%) ، وأخيرًا أظهرت المجموعة AB أقل معدل خطورة بنسبة 15.7% (AB^+ : 6.5% & AB^- : 9.3%). بالإضافة إلى ذلك ، تم تسجيل معدل وفيات مرتفع للغاية: 27

% (46 شخصًا من أصل 172). يمكن استخدام هذه النتائج في دراسات أخرى لتأكيد تأثير وعواقب هذا الفيروس في الجزائر.

الكلمات الدالة

كوفيد-19 وباء ؛ نظام ABO نظام الريسوس الفيروسات. تيارت

Abstract

The world has experienced a serious health crisis, originating in China, from November 2019 until today, after the spread of a virus belonging to the SARS-CoV2 family and causing a disease later called the COVID-19. Most often at the origin of a mild infectious syndrome, associating to different degrees of mild symptoms (fever, cough, myalgia, headache and possible digestive disorders), COVID-19 can be at the origin of serious pulmonary pathologies and sometimes death. Several hypotheses suggest the ABO system is a risk factor for SARS-COV2 infection and influencing the severity of the disease. In our study, we used health data from 172 people infected with this disease, between December 2020 and April 2021, to assess the association between ABO and Rhesus blood groups and infection, intubation and death in the Wilaya of Tiaret. The results obtained showed that the highest percentage was recorded with group O with 43.5% (O +: 29.6% & O-: 13.9%), followed by group A with 22.1% (A +: 13.9% & A-: 8.2). Group B was ranked 3rd by 18.6% (B +: 11.1% & B-: 7.5%), and finally group AB showed the lowest risk rate 15.7% (AB + : 6.5% & AB -: 9.3%). In addition, a very high death rate was recorded: 27% (46 people out of 172). These results can be used in other studies to confirm the effect and consequences of this virus in Algeria.

Key words

COVID-19; Pandemic; ABO system; Rhesus system; Virus; Tiaret.