



# Caractérisation d'un cluster des cas de COVID-19 liés au variant Omicron, en Mauritanie

## Characterization of a cluster of COVID-19 cases linked to the Omicron variant, in Mauritania

### توصيف مجموعة من حالات كوفيد-19 - مرتبط بمتغير أوميكرون بموريتانيا

Sidi Mohamed Laghdaf<sup>1</sup>, Ahmed El Baraa<sup>2</sup>, Alia Mohamed Beydjeu<sup>3</sup>

1. *Professeur assistant de Santé Publique, à la Faculté de Médecine de Nouakchott. Directeur de l'Institut National de Recherche en Santé Publique (INRSP) en Mauritanie*
2. *Professeur assistant de Parasitologie à la Faculté de Médecine de Nouakchott (Mauritanie)*
3. *Etudiante en médecine à la Faculté de Médecine de Nouakchott (Mauritanie)*

#### RÉSUMÉ

**Objectif:** Décrire le profil épidémiologique et génomique de la COVID-19 au cours de la 4<sup>ème</sup> vague épidémique, en Mauritanie.

**Méthodes:** Il s'agissait d'une étude transversale en Mauritanie, du 1<sup>er</sup> octobre 2021 au 28 février 2022. Ont été incluses toutes les personnes en instance de voyage, réalisant un RT-PCR, au niveau de l'Institut National de Recherche en Santé Publique (INRSP) et les patients ayant été prélevés, pour séquençage, par les équipes de la Direction de l'Information Stratégique et de la Surveillance Epidémiologique du Ministère de la Santé en Mauritanie.

**Résultats:** Sur 37574 tests RT-PCR, colligés le 3 Mars 2022 durant la période d'étude, 1465 cas ont été diagnostiqués positifs à la COVID-19 (3,9%), avec une moyenne d'âge de 39±14,6 ans et un sex-ratio de 2,08. Sur les 112 séquençages génomiques réalisés, 75 ont été du variant Omicron (66,9%). L'âge moyen de ces patients a été de 40±15 ans, avec des extrêmes de 15 à 82 ans et un sex-ratio de 0,97. L'état vaccinal a été assuré chez 67,7% des patients et le pic du variant Omicron a été atteint durant la première semaine du mois de janvier 2022.

**Conclusion:** Le variant Omicron a été prédominant au cours de la 4<sup>ème</sup> vague de l'épidémie COVID-19 en Mauritanie. Dans le cadre de son plan de riposte, l'installation de nouvelles unités de séquençage de la COVID-19 à l'intérieur du pays et le renforcement de la formation des techniciens en laboratoire de virologie, seront actuellement indispensables.

**Mots-clés:** Santé Publique – Epidémiologie - COVID-19 – Test COVID-19– Mauritanie.

#### ABSTRACT

**Objective:** To describe the epidemiological and genomic profile of COVID-19 during the 4th epidemic wave in Mauritania.

**Methods:** This is a cross-sectional study in Mauritania, from October 1, 2021 to February 28, 2022. Were included all people in the process of travel, performing an RT-PCR, at the level of the National Research Institute in Public Health and patients who have been sampled for sequencing by teams from the Department of Strategic Information and Epidemiological Surveillance.

**Results:** Out of 37,574 RT-PCR tests collected on March 3, 2022, during the study period, 1,465 cases were diagnosed positive for COVID-19 (3.9%), with an average age of 39±14.6 years and a sex ratio of 2.08. Of the 112 genomic sequences performed, 75 were of the Omicron variant (66.9%). The average age was 40±15 years, with extremes of 15 to 82 years and a sex ratio of 0.97. The vaccination status was assured in 67.7% of patients and the peak of the Omicron variant was reached during the first week of January 2022.

**Conclusion:** The Omicron variant was predominant during the 4th wave in Mauritania. As part of its response plan against COVID-19, the installation of new sequencing units inside the country and the strengthening of the training of technicians in the virology laboratory will be essential.

**Key words:** Public Health – Epidemiology – COVID-19 – COVID-19 Testing - Mauritania.

#### Correspondance

Sidi Mohamed Laghdaf

Professeur assistant de Santé Publique, à la Faculté de Médecine de Nouakchott. Directeur de l'Institut National de Recherche en Santé Publique (INRSP) en Mauritanie

Email: mohamedlaghdafsidi@gmail.com

## ملخص

**الهدف:** وصف الصورة الوبائية والجينومية لـ COVID-19 خلال الموجة الوبائية الرابعة في موريتانيا. **الطرق:** هذه دراسة مقطعية في موريتانيا، من 1 أكتوبر 2021 إلى 28 فبراير 2022. تم تضمين جميع الأشخاص المسافرين، وإجراء اختبار RT-PCR، على مستوى المعهد القومي للبحوث في الصحة العامة، والمرضى الذين تم أخذ عينات منهم للتسلسل من قبل فرق من قسم المعلومات الاستراتيجية والمراقبة الوبائية.

**النتائج:** من بين 37574 اختبار RT-PCR جمعوا في 3 مارس 2022، خلال فترة الدراسة، تم تشخيص 1465 حالة إيجابية لـ COVID-19 (3.9%)، بمتوسط عمر  $14,6 \pm 39$  سنة ونسبة جنس 2.08، من أصل 112 تسلسلاً جينياً تم إجراؤه، كان 75 من متغير Omicron (66.9%)، متوسط عمرهم  $15 \pm 40$  سنة، مع أقصاه من 15 إلى 82 سنة ونسبة جنس 0.97. تم تأكيد حالة التطعيم في 67.7% من المرضى والوصول إلى ذروة متغير Omicron خلال الأسبوع الأول من شهر جانفي 2022

**الخلاصة:** كان متغير Omicron هو السائد خلال الموجة الرابعة في موريتانيا. كجزء من خطتها للاستجابة لـ COVID-19، سيكون من الضروري تركيب وحدات تسلسل جديدة داخل الدولة وتعزيز تدريب الفنيين في مختبر علم الفيروسات.

**الكلمات المفتاحية:** الصحة العامة - علم الأوبئة - COVID-19 - اختبار - COVID-19 - موريتانيا.

### INTRODUCTION

La COVID-19 est une maladie infectieuse due à un beta coronavirus (SARS-CoV-2) (1), un virus à ARN simple brin de polarité positive (2), transmissible entre les humains et les animaux (3). Elle a été décrite pour la première fois en décembre 2019, dans la ville de Wuhan, province de Hubei en Chine Continentale, chez des patients qui présentaient des pneumopathies sévères inexplicables (4). L'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) a déclaré cette maladie, le 11 mars 2020, comme pandémie, et l'a considérés comme urgence de santé publique à portée internationale (5;6).

En Mauritanie, le premier cas confirmé de la COVID-19 a été enregistré le 13 mars 2020 et le premier décès attribué à la COVID-19 a été survenu le 30 mars 2020, chez une femme en post-mortem (7). L'épidémie de la COVID-19 l'a placé, comme tous les pays du monde, dans une phase de réponse d'urgence (8).

Des études génomiques menées en Chine nous ont permis de comprendre que le virus pouvait accumuler des mutations tout en se propageant dans le monde (9). Cependant, la diversité génétique du SARS-COV-2 consiste essentiellement à son type de génome ARN, qui réplique, à travers sa réplique, l'ARN polymérase, ARN-dépendante (RdRp), qui ne dispose pas de la propriété de relecture et correction, et de la grande élasticité immunologique de son génome qui code pour cinq protéines structurales et 14 protéines non structurales. En plus, le virus a été un sujet de pression énorme à travers l'utilisation d'une dizaine de vaccins et une vingtaine de molécules. Les mutations adaptatives du génome viral peuvent modifier le potentiel pathogène du virus avec

l'émergence des souches hautement pathogènes, et permettre l'apparition des souches non reconnues par les outils de diagnostic conventionnel et la modification de la sensibilité du virus à certaines thérapies. Ces mutations impactent également la capacité du virus à échapper au système immunitaire, ce qui peut compliquer la mise au point d'un vaccin efficace contre ce virus (10).

Les séquençages du génome du SARS-CoV-2 nous ont permis de comprendre l'organisation de ce virus, qui compte près de 29890 paires de bases, avec des gènes qui produisent 29 protéines. Ces protéines sont codées par dix cadres de lecture ouverts «Open Read Fram» (ORF). Les protéines virales les plus importantes sont les protéines de la Sicule (S), de l'Enveloppe (E), de la Matrice (M) et de la Nucléocapside (N). En outre, l'ORF peut traduire 16 protéines non structurales (11).

Suite à cette grande variabilité génétique de ce virus, l'OMS et les Centres du Contrôle et de Prévention de la Maladie (Centers for Disease Control and Prevention), ont mis en place un réseau mondial de surveillance génomique de SARS-CoV-2. D'après un rapport récent de cette surveillance génomique, publié par l'OMS, le 11 décembre 2021, cinq variants du SRAS-CoV-2 ont été considérés préoccupants, depuis le début de la pandémie: Alpha (B.1.1.7), Bêta (B.1.351), Gamma (P.1), Delta (B.1.617.2) et Omicron (B.1.1.529) (10).

Ce dernier variant appelé communément Omicron, identifié en Afrique du Sud, au Botswana, au début du novembre 2021, a été désigné comme (VOC) par l'OMS, le 26 novembre 2021 (12). Il a sélectionné plus de 30 mutations d'acides aminés au niveau des protéines structurales (S, E, M et N) et non structurales (NSP3,

NSP4, NSP5, NSP6, NSP12, NSP14). Ce qui pourrait être associé à une transmissibilité, une sévérité et une capacité accrue d'échappement immunitaire (13,14). Les variations épidémiologiques ont montré que ces mutations ont été associées à un taux de transmissibilité très élevé avec une sévérité relativement faible.

La Mauritanie a connu trois vagues épidémiques de SARS-CoV-2. La 4ème vague a coïncidé avec la mise en place d'une unité de séquençage au niveau du laboratoire de virologie à l'Institut National de la Recherche en Santé Publique (INRSP) avec une plateforme de Nouvelle Génération de Séquençage (NGS). A la suite de la mise en place de cette technique, nous nous sommes proposés de conduire cette étude transversale, afin de décrire le profil épidémiologique et génomique du variant Omicron à l'INRSP, au cours de la 4ème vague épidémique en Mauritanie.

## METHODES

Cette étude de surveillance épidémiologique de la COVID-19, s'est étendue sur une période de cinq mois, allant du 1er octobre 2021 au 28 février 2022, au niveau de l'INRSP de la Mauritanie: le seul institut de référence, chargé du séquençage. Ont été incluses dans cette étude, toutes les personnes en instance de voyage, réalisant une RT-PCR au niveau de l'INRSP et les patients ayant été prélevés, pour séquençage, par les équipes de la Direction de l'Information Stratégique et de la Surveillance Epidémiologique (DISSE) au Ministère de la Santé de la Mauritanie. N'ont pas été incluses, les personnes désireuses de connaître leurs statuts PCR, après un épisode de COVID-19, ainsi que les voyageurs dont les dossiers étaient incomplets. Les données ont été colligées à partir des registres du service de virologie, au niveau de l'INRSP. En Mauritanie, chaque voyageur, qui devrait faire le test PCR, passait par les étapes suivantes:

**La réception:** où ont été inscrites, les coordonnées du voyageur et ses métadonnées (âge, sexe, numéro de passeport, numéro de téléphone ou de WhatsApp). Un code, lui étant attribué, sera porté sur son écouvillon et sur son attestation de résultat.

**La Caisse:** soit la caisse des voyageurs exonérés de toute taxe (étudiants, malades évacués et missionnaires de l'état); soit la caisse de paiement (paiement créé par décret conjoint des Ministres des Finances et de la Santé numéro 0002 du 12/02/2022). Le voyageur payait 2000 MRU (5,5 dollars américains), contre une quittance portant son code initial.

**Prélèvement:** le voyageur était prélevé par voie orale ou par voie nasale, sur la base de sa quittance et de son code initial d'inscription.

**Résultats:** les résultats du voyageur ont été restitués, en moyenne de quatre heures de temps, soit en présentiel, soit à distance par WhatsApp.

Les données ont été analysées au sein du laboratoire de virologie de l'INRSP. La détection de la COVID-19 a été effectuée par RT-PCR: technique Thermo-Fisher Scientifique. La recherche des mutations du SARS-COV-2, a été réalisée par PCR en temps réel, en utilisant les trousseaux de criblage de l'OMS; SNPSIG REF(D00152\_R00131); LOT (JN-03103-0007\_ JN-03023-0008); Date EXP 30-06-2022. Chaque échantillon a été sujet du processus d'extraction, de masters mixtes, et d'amplification. L'INRSP et la DISSE utilisaient les prélèvements, sous forme d'échantillons codés, respectant ainsi la confidentialité des patients et des voyageurs.

## RESULTATS

### Caractéristiques globales des tests RT-PCR

Sur 37574 tests RT-PCR, colligés le 3 Mars 2022, durant la période du 1er octobre au 28 février, 1465 cas ont été diagnostiqués positifs à la COVID-19, soit une prévalence de 3,9%, avec une moyenne d'âge de  $39 \pm 14,6$  ans et des extrêmes allant d'un mois à 95 ans. Le sex-ratio a été de 2,08 (475 cas de sexe féminin versus 990 cas de sexe masculin). Le pic de la quatrième vague de la COVID-19 se situait entre la 4ème semaine du mois de décembre 2021 (141 cas) et la 3ème semaine du mois de janvier 2022 (153 cas), avec un maximum à la première semaine du mois de janvier 2022 et un taux de positivité de 33,8% (figure n°1).

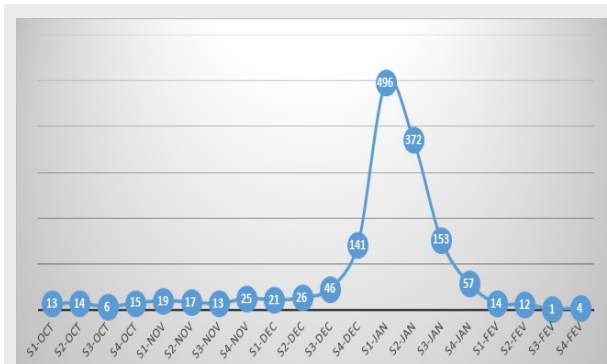
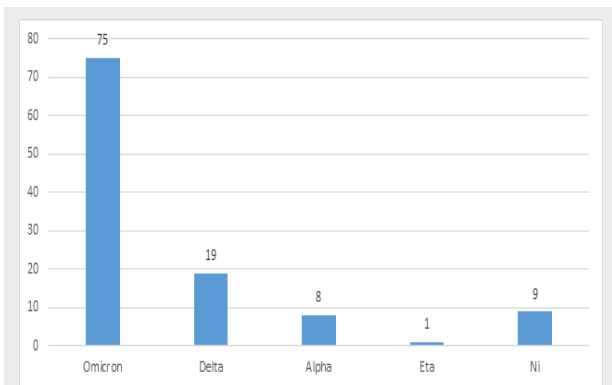


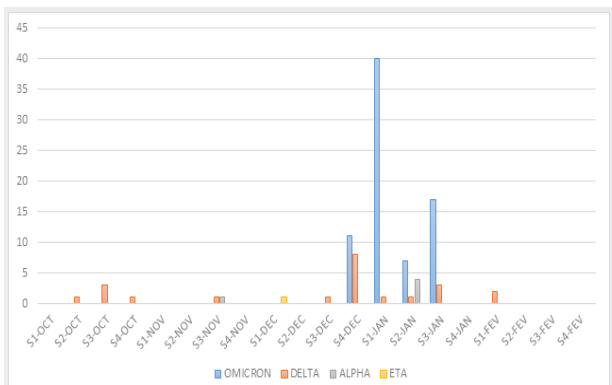
Figure 1. Répartition de la positivité aux tests RT-PCR, entre octobre 2021 et février 2022, en Mauritanie

### Caractéristiques spécifiques de l'échantillon du variant Omicron

Sur les 1465 cas des prélèvements RT-PCR positifs, seuls 112 séquençages génomiques ont été réalisés, dont 75 ont été du variant Omicron, soit une proportion de 66,9% (figure n°2). L'âge moyen était de  $40 \pm 15$  ans, avec des extrêmes de 15 à 82 ans. Le sexe féminin représentait 38 cas/75 et le sexe masculin 37 cas/75, soit un sex-ratio de 0,97. L'état vaccinal était connu chez 31 patients; dont 67,7% ont été vaccinés ou ont reçu au moins une dose. Le pic du variant Omicron a été atteint durant la première semaine du mois de janvier 2022 (figure n°3).



**Figure 2.** Répartition des différents variants des virus de la COVID-19 entre octobre 2020 et février 2021, en Mauritanie.



**Figure 3.** Répartition de l'échantillon du variant Omicron, entre octobre 2021 et février 2022, en Mauritanie

## DISCUSSION

Cette étude de surveillance épidémiologique de la COVID-19 et de son profil génomique en Mauritanie, s'est limitée d'une part à une période de cinq mois et d'autre part à une population asymptomatique des voyageurs. Des rares cas diagnostiqués dans les wilayas (préfectures) de la Mauritanie, outre la capitale de Nouakchott, à travers l'appareil Genexpert, auraient échappé à l'inclusion à cette étude.

En effet, au cours de la période d'étude, la majorité de cas de la COVID-19 des voyageurs a été asymptomatique et les quelques cas de la DISSE ont été soit symptomatiques, soit consultants des hôpitaux pour autres motifs tel qu'un bilan préopératoire.

### Une prévalence peu élevée de la COVID-19

Au cours de la période d'étude, avec une prévalence de 3,9%, la COVID-19 a été peu élevée par rapport aux autres taux enregistrés en Mauritanie ou dans les pays du voisinage lors des procédures méthodologiques différentes. Sur un collectif de 133769 prélèvements en Mauritanie, la prévalence de la COVID-19, a été de 10,7% (15). En Espagne et au Maroc, les taux de positivité au virus de la COVID-19 ont été

respectivement de 12,4% (16) et de 30,9% (17). Avec un âge moyen de  $39 \pm 14,6$  ans, le profil épidémiologique national de la COVID-19 en Mauritanie, a été similaire à l'Afrique du Sud (18) et au Ghana (19), avec des âges moyens respectifs de 39 et de 33 ans. D'autres séries ont rapporté des moyennes d'âge des patients positifs à la COVID-19, plus élevées que celle enregistrée dans notre étude en Mauritanie, dont Wang Y et al. (20), Boushab BM et al. (21) et Krishnan A et al. (22), respectivement de 49, 50,5 et 51 ans. Ces différences pourraient être expliquées par l'âge cible de la stratégie de vaccination contre la COVID-19. Avec un sex-ratio de 2,08, le portait des patients positifs à la COVID-19 en Mauritanie a été similaire à celui retrouvé par Mekolo D et al. au Cameroun (4), Kenu E et al. au Ghana (19) et Boushab B et al. en Mauritanie (23) qui ont rapporté des valeurs de ce ratio, respectivement de 2,1, de 1,36 et de 1,2, contrairement aux deux autres séries chinoises (20) et algérienne (24), rapportant des ratios respectifs de 0,67 et 0,92. Dans cette série, la vague s'est située entre la 4ème semaine du mois de décembre 2021 et la 3ème semaine du mois de janvier 2022, avec un pic à la 1ère semaine du mois de janvier 2022. Ces résultats ont été comparables aux résultats obtenus par Network for Genomic Surveillance in South Africa (NGS-SA) (25), ayant rapporté que la 4ème vague s'est située entre 14 novembre et 11 décembre 2021.

### Une domination du variant Omicron

Au niveau de l'INRSP, six séquençages ont été réalisés, lors des dates différentes, durant la période concernée (octobre 2021- février 2022), sur 174 échantillons dont 112 répondaient à nos critères d'inclusion confirmant la prédominance du variant Omicron (66,9%). D'autres variants notés NI, signifiaient des variants en évolution où les informations générées par les kits ne permettaient pas de trancher sur leurs stades. Dans notre série, l'âge moyen des sujets porteurs du variant Omicron en Mauritanie a été de  $40 \pm 15$  ans, comparable aux séries du Norvège (26), de la France (27) et du Danemark (28), respectivement de 39, 35 et 32 ans, ainsi qu'en Afrique du Sud (29). La légère prédominance féminine du variant Omicron (sex-ratio de 0,97) concordait avec les études de la Corée (30) et de la France (27), ayant noté toutes les deux un sex-ratio respectif de 0,82, ce qui a été différent des résultats retrouvés en Norvège (26) et au Danemark (28), avec des sex-ratio respectivement 1,32 et 1,22.

Dans cette étude, parmi les patients dont le statut vaccinal était connu, 67,7% étaient vaccinés. Ce résultat a été comparable à ceux rapportés par Brandal LT et al. (26) et Espenhain L et al. (28), ayant rapporté des proportions plus élevées, respectivement de 96% et de 85,5% (ayant reçu au moins une dose du vaccin dont la dose de renforcement). Ceci pourrait signifier que le virus, en sélectionnant le variant Omicron, a eu un grand risque d'échapper au système immunitaire et à la vaccination.

Le pic d'infection par Omicron correspondait au pic de la 4ème vague de la COVID-19 en Mauritanie ayant enregistré, au cours de cette période, un nombre de cas très élevé mais



par contre un nombre de décès plus bas, par rapport aux vagues précédentes, reflétant une contagiosité très élevée et une moindre virulence que les variants précédents. Le pic du variant Omicron, enregistré en Mauritanie, la première semaine du mois de janvier 2022, a été différent de ceux notifiés par NGS-SA (25), ayant rapporté que les mois de novembre et décembre 2021 ont été dominés par Omicron, respectivement dans à 81% et 95% des cas. Au Sénégal, selon Padane A et al. (31), le variant Omicron a passé de 4,2%, au début du mois de décembre 2021 à 83,3% à sa fin. Cette différence pourrait être expliquée par le fait qu'Omicron avait débuté en Afrique du Sud, puis s'est propagé ensuite probablement vers le Sénégal puis secondairement en Mauritanie.

Au total, le variant Omicron a été dominant au cours de la 4ème vague de la COVID-19 en Mauritanie, dont le Ministère de la Santé devrait, dans le cadre de son plan de riposte, installer de nouvelles unités de séquençage à l'intérieur du pays. A la Direction de l'INRSF, le renforcement de la formation des techniciens en laboratoire de virologie est aujourd'hui indispensable.

## REFERENCES

1. Coronavirus [Internet]. [cité 19 mars 2022]. Disponible sur: <https://www.who.int/fr/health-topics/health-systems-governance>
2. Mousavizadeh L, Ghasemi S. Genotype and phenotype of COVID-19: Their roles in pathogenesis. *J Microbiol Immunol Infect.* avr 2021;54(2):159-63.
3. Hassanin AA, Haidar Abbas Raza S, Ahmed Ujjan J, Aysh Al-rashidi A, Sitohy BM, Al-surhane AA, et al. Emergence, evolution, and vaccine production approaches of SARS-CoV-2 virus: Benefits of getting vaccinated and common questions. *Saudi J Biol Sci* [Internet]. 13 déc 2021 [cité 19 mars 2022]; Disponible sur: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8667566/>
4. Mekolo D, Bokalli FA, Chi FM, Fonkou SB, Takere MM, Ekukole CM, et al. Clinical and epidemiological characteristics and outcomes of patients hospitalized for COVID-19 in Douala, Cameroon. *Pan Afr Med J.* 2021; 38: 246.
5. Koyama T, Weeraratne D, Snowdon JL, Parida L. Emergence of Drift Variants That May Affect COVID-19 Vaccine Development and Antibody Treatment. *Pathogens.* 26 avr 2020;9(5):E324.
6. Jamai Amir I, Lebar Z, Yahyaoui G, Mahmoud M. Covid-19 : virologie, épidémiologie et diagnostic biologique. *Option/Bio.* juill 2020;31(619-620):15-20.
7. El Vally A, Bollahi MA, Ould Ahmedou Salem MS, Deida J, Parola P, Basco L, et al. Retrospective overview of a COVID-19 outbreak in Mauritania. *New Microbes New Infect.* Nov 2020;38:100788.
8. Chen M, Li M, Hao Y, Liu Z, Hu L, Wang L. The introduction of population migration to Seiar for COVID-19 epidemic modeling with an efficient intervention strategy. *Informat Fusion.* dec 2020;64:252-8.
9. Wang C, Liu Z, Chen Z, Huang X, Xu M, He T, et al. The establishment of reference sequence for SARS-CoV-2 and variation analysis. *J Med Virol.* Juin 2020;92(6):667-74.
10. Aleem A, Akbar Samad AB, Slenker AK. Emerging Variants of SARS-CoV-2 And Novel Therapeutics Against Coronavirus (COVID-19). In: *Stat Pearls* [Internet]. Treasure Island (FL): Stat Pearls Publishing; 2022 [cité 19 mars 2022]. Disponible sur: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK570580/>
11. Poterico JA, Mestanza O. Genetic variants and source of introduction of SARS-CoV-2 in South America. *J Med Virol.* oct 2020;92(10):2139-45.
12. Tracking SARS-CoV-2 variants [Internet]. [cité 19 mars 2022]. Disponible sur: <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>
13. Gu H, Krishnan P, Ng DYM, Chang LDJ, Liu GYZ, Cheng SSM, et al. Probable Transmission of SARS-CoV-2 Omicron Variant in Quarantine Hotel, Hong Kong, China, Nov 2021 - Vol 28, Number 2—February 2022 - *Emerg Infect Dis J* - CDC. [cité 19 mars 2022]; Disponible sur: [https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/28/2/21-2422\\_article](https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/28/2/21-2422_article)
14. Chen J, Wang R, Gilby NB, Wei G-W. Omicron (B.1.1.529): Infectivity, vaccine breakthrough, and antibody resistance. *ArXiv.* 1 déc 2021;arXiv:2112.01318v1.
15. Ahmed MLCB, Zehaf S, El Alem MM, Elbara A, Ely Mahmoud MM, Mohamed Abdellahi MV, et al. COVID-19 outbreak in Mauritania: epidemiology and health system response. *J Infect Dev Countries.* Août 2021;15(08):1048-53.
16. Torres I, Poujois S, Albert E, Colomina J, Navarro D. Evaluation of a rapid antigen test (PanbioTM COVID-19 Ag rapid test device) for SARS-CoV-2 detection in asymptomatic close contacts of COVID-19 patients. *Clin Microbiol Infect.* Avr 2021;27(4):636.e1-636.e4.
17. Diawara I, Benrahma H, Nida M, Rahoui J, Moujid F-Z, Jaras K, et al. A laboratory-based study of COVID-19 in Casablanca, Morocco. *J Public Health Afr.* 31 déc 2021;12(2):1458.
18. Abdullah F, Myers J, Basu D, Tintinger G, Ueckermann V, Mathebula M, et al. Decreased severity of disease during the first global Omicron variant covid-19 outbreak in a large hospital in tshwane, south africa. *Int J Infect Dis.* 1 mars 2022;116:38-42.
19. Kenu E, Odikro MA, Malm KL, Asiedu-Bekoe F, Frimpong JA, Calys-Tagoe B, et al. Epidemiology of COVID-19 outbreak in Ghana, 2020. *Ghana Med J.* 2020 Dec; 54(4 Suppl): 5–15..
20. Wang Y, Liu Y, Liu L, Wang X, Luo N, Ling L. Clinical outcome of 55 asymptomatic cases at the time of hospital admission infected with SARS-Coronavirus-2 in Shenzhen, China. *J Infect Dis.* 2020 Mar 17 : jiaa119.
21. Boushab BM, Koné N, Baba SWO, El Mokhtar B, Mohamed JOM, Ahmed MMO, Habiboullah HO, et al. Management of COVID-19 infection in patients undergoing hemodialysis. *Pan Afr Med J* 2021;38:13.
22. Krishnan A, Hamilton JP, Alqahtani SA, A.Woreta T. A narrative review of coronavirus disease 2019 (COVID-19): clinical, epidemiological characteristics, and systemic manifestations. *Intern Emerg Med.* juin 2021;16(4):815-30.
23. Boushab B, Fall-Malick F, Kelly M, Ould Ahmed Baba E, Ould Sidi Mohamed O, Ould Baba S, et al. Caractéristiques épidémiocliniques, biologiques et radiologiques des adultes atteints de COVID-19 au centre hospitalier de Kiffa, Assaba (Mauritanie). *Rev Mali Infect Microbiol.* 31 janv 2021;16(1):25-31.
24. Achour H, Mokrani D, Yakoub F. Contribution à l'étude épidémiologique de la Covid-19 dans la région de [Mémoire de Master]. Biskra: Faculté des sciences exactes et des

sciences de la nature et de la vie Département des sciences de la nature et de la vie. Université Mohamed Khider de Biskra, 2021.

25. Update-of-SA-sequencing-data-from-GISAID-17-Dec-21\_Final.pdf [Internet]. [cité 25 mars 2022]. Disponible sur: [https://www.nicd.ac.za/wp-content/uploads/2021/12/Update-of-SA-sequencing-data-from-GISAID-17-Dec-21\\_Final.pdf](https://www.nicd.ac.za/wp-content/uploads/2021/12/Update-of-SA-sequencing-data-from-GISAID-17-Dec-21_Final.pdf)
26. Brandal LT, MacDonald E, Veneti L, Ravlo T, Lange H, Naseer U, et al. Outbreak caused by the SARS-CoV-2 Omicron variant in Norway, November to December 2021. *Eurosurveillance* [Internet]. 16 déc 2021 [cité 19 mars 2022];26(50). Disponible sur: <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.50.2101147>
27. Maisa A, Spaccaferri G, Fournier L, Schaeffer J, Deniau J, Rolland P, et al. First cases of Omicron in France are exhibiting mild symptoms, November 2021–January 2022. *Infect Dis Now* [Internet]. 12 févr 2022 [cité 23 mars 2022]; Disponible sur: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2666991922000367>
28. Espenhain L, Funk T, Overvad M, Edslev SM, Fonager J, Ingham AC, et al. Epidemiological characterisation of the first 785 SARS- CoV-2 Omicron variant cases in Denmark, December 2021. *Euro Surveill*; 26(50)2021 12.
29. Jassat W, Karim SA, Mudara C, Welch R, Ozougwu L, Groome M, et al. Clinical Severity of COVID-19 Patients Admitted to Hospitals in Gauteng, South Africa During the Omicron-Dominant Fourth Wave. *SSRN J* [Internet]. 2021 [cité 20 mars 2022]; Disponible sur: <https://www.ssrn.com/abstract=3996320>
30. Kim M-K, Lee B, Choi YY, Um J, Lee K-S, Sung HK, et al. Clinical Characteristics of 40 Patients Infected With the SARS-CoV-2 Omicron Variant in Korea. *J Korean Med Science* [Internet]. 7 déc 2021 [cité 26 mars 2022];37(3). Disponible sur: <https://doi.org/10.3346/jkms.2022.37.e31>
31. Padane A, Mbow M, Mboup A, Diedhiou CK, Gueye K, Lo CI, et al. Rapidly rising cases with Omicron in Senegal. *New Microbes New Infect.* 1 janv 2022;45:100959.