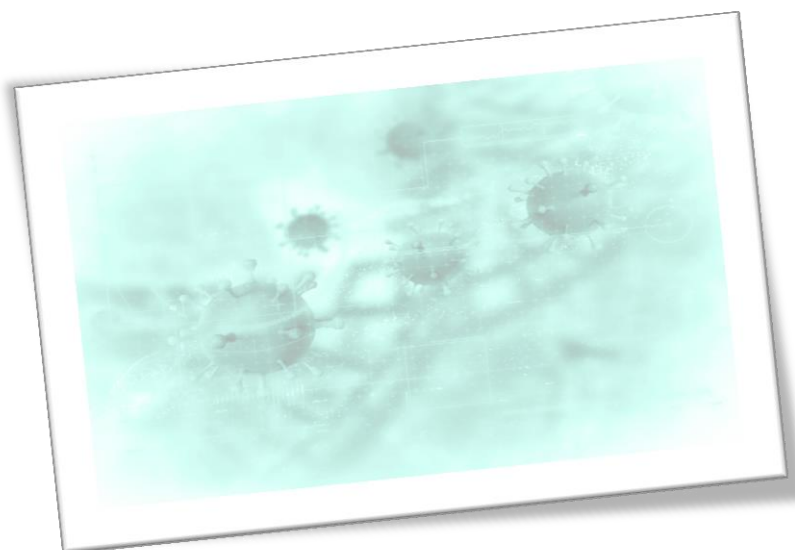




Algerian Journal of Health Sciences

Numéro Hors série (2021)

The National Day on SARS-CoV-2 Bioinformatics & Biotechnology



Edition de l'Agence Thématique de Recherche en Sciences de la Santé
ATRSS



Algerian Journal of Health Sciences

The National Day on SARS-CoV-2 Bioinformatics & Biotechnology

Abstracts

Intérêt de la Bioinformatique dans le diagnostic des maladies infectieuses émergentes et Covid-19 **BITAM Idir**

Establishment and validation of a risk score for the early prediction of COVID-19 severity **ABDI Samia**

Vitamin D deficiency and low serum calcium as predictors of poor prognosis in patients with severe COVID-19 **BENNOUAR Salam**

The different treatments and vaccines Anti-COVID-19 **BELHOCINE Mohamed**

Les biotechnologies au service de la lutte contre la pandémie du Covid 19 **KEBBOUCHE-GANA Salima**

Virtual screening and molecular dynamics simulation aided the identification of potential natural inhibitors of the SARS CoV-2-Mpro **OUNISSI Mourad**

In silico screening of plant derived nutraceuticals as potential target for inhibition of SARS-CoV-2 and its emerging variants B.1.1.7, B.1.351 and P.1

BELHI Ibrahim et Dr. KHEMILI-TALBI Souad

TRIzol-Based RNA Extraction for Detection Protocol for SARS-CoV-2 of the Coronavirus Disease 2019. **AMIROUCHE**

Détection d'anticorps spécifiques au SRAS-CoV-2 chez des travailleurs de la santé en CHU ANNABA ayant eu un contact direct avec des patients atteints de la maladie COVID-19 **MERICHE Hacène**

Accuracy of ARIMA model in predicting of COVID-19 **ADJEBLI Ahmed**

SARS-CoV-2 Mains Transmissibility factors

FESRAOUI Zahra Ainouna

Pollution atmosphérique métallique, risque de cancer et la mortalité par COVID-19 dans la wilaya de Setif **BELGUIDOUM Amina**

Base de données et COVID-19 **MERAIHI Yassine**

Apport de la métabolomique dans l'identification des troubles métaboliques au cours du SARS-CoV-2. **EDDAIKRA Atika**

Covid 19 et le système alimentaire **YAHIAOUI Karima**

Covid-19 lockdown led to significant weight gain among Algerians **BOUDOU Farouk**

La place de la phytothérapie dans la prévention de l'infection par le covid-19 **MOKHTARI Chaima**

A molecular modeling approach to identify effective antiviral FDA approved drugs against COVID-19 main protease **TACHOUA Wafa**

Inhibition of sars-cov-2 by natural compounds: in silico structure-activity relationship study **BEKKAL BRIKCI Sohayb**

Molecular Docking and Dynamic Simulation analysis shows

Thymol effective inhibition activity against Cys145-His41

Catalytic activity of SARS-CoV-2 Main Protease **ELBASYOUNI Amel**

Etudes Moléculaires de Covid-19 **DEROUICHE Louiza**

Diagnostic moléculaire de la Covid-19 grâce à la détection du virus SARS-CoV2 par RT-PCR et comparaison avec les tests antigéniques **HADJLOUM Salima & Melle. MESSAOUDI Khawla**

Etude épidémiologique du SARS-CoV-2 et malades atteints de maladies chroniques (CHU Mustafa Bacha) **BRAHMI Fairouz**

Répartition du Covid-19 en fonction des maladies chroniques Et le taux de saturation en oxygène. **TOUABIA Sarra**

Covid-19 et maladies chroniques **HEMIDI Khaoula**

La Covid-19 chez les adolescents : enquête socio-démographique et expérience avec la Maladie **BENAKLI Yasmîna**

COVID-19 et Microbiote oral **AIT IFTENE Louiza**

Changements climatiques et maladies transmissibles (Analyse et corrélation du SARS-COV-2 à ANNABA) **SAADENE Yasmine**

Traitement du COVID-19 par le Tocilizumab **RABIA Khedidja**

Vaccination contre la COVID-19 chez les patients atteints de diabète sucré **LENCHI-IZOUINE Nesrine**

Assessment the toxic effect of Fe₂O₃ nanoparticles on the physiological and energetic aspect **YAHYAOUI Amina**

Nanoparticules des bactéries halophiles contre la Covid-19 **SAYAH Amna**

L'effet inhibiteur de quelques triterpénoïdes contre l'enzyme ACE2, récepteur du SRAS-Cov-2 : Étude *in silico*. **BENSLAMA Oueded**

In silico studies of the bimolecular interactions between perillaldehyde and SARS-CoV-2 main protease.

SADAOUT-SMADHI Nesrin

Amentoflavone as potential bioactive inhibitor of SARS-CoV-2 nsp13 helicase An *in silico* study. **CHAOUCHE Tarik Moham**

QSAR Modeling and Drug-Likeness filters applied in 1,3,5-triazine derivatives **KHELFA Nadjla**

In silico identification of potent inhibitors of COVID-19 main protease (Mpro) from natural products **SEKIOU Omar**

Étude pharmacocinétique et docking moléculaire de quelques saponines comme inhibiteurs de l'enzyme ACE2, récepteur du SRAS-Cov-2 **MANSOURI Nedjwa**

Biosurfactants microbiens comme agents anti-covid19 **AKMOUSSI-TOUMI Siham**

L'utilisation de plantes médicinales dans la prévention et le traitement de l'infection virale (SARS-CoV-2) chez la population Algérienne **SADOUD Meriem**

Place des plantes médicinales dans la prévention de l'infection par le COVID-19 selon les habitants de la région de Béchar **HIBI Zin**

Extraction techniques and characterization of Origanum jorana's essential oil: A perspective application against

SARS-CoV-2. **HAFID Nourehouda**

Ethnobotanical study on sweet common centaury (Centaurium erythraea) in the Boumerdes region: A perspective application against SARS-CoV-2. **OUSSAID Sounia**

How are lichens identified? Search for potential new drug against SARS-CoV-2 **KHIARI Ouiza**

Chemical Variability and antibacterial activity of *Rhus tripartita* essential oils in Algeria. **BENLEMBAREK Khaoula**

Présentation de la revue AJHS

L'Algerian Journal of Health Sciences (AJHS) est une revue scientifique d'accès libre en ligne et à comité de lecture national et international. Aucun paiement n'est exigé pour les travaux soumis. L'AJHS est régi par la convention « Creative Commons » Attribution-Non Commercial 4.0 International (CC BY-NC 4.0).

AJHS est une revue semestrielle (deux numéros par an), dédiée à publier des articles innovants et de haute qualité, en Français, en Anglais ou en Arabe, permettant une meilleure compréhension des progrès en Sciences de la Santé.

La revue publie des mises au point, des articles originaux, des cas cliniques, des notes techniques, des communications brèves, des lettres à l'éditeur ainsi que des articles de synthèse/revue dans le domaine des Sciences de la Santé au sens large.

Des numéros spéciaux sont publiés selon les événements ou les séminaires ou workshops organisés par l'Agence Thématique de Recherche en Sciences de la Santé (ATRSS).

Étant l'organe de publication officiel de l'ATRSS, la revue est soutenue par la Direction Générale de la Recherche Scientifique et du Développement Technologique (DGRSDT) sous tutelle du Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique (MESRS).

L'AJHS est publié sous sa version électronique sur le site de l'ATRSS à la page <https://ajhs.atrss.dz/ajhs-accueil.php>.

L'AJHS, avec son caractère pluridisciplinaire et transsectoriel, est au carrefour de nombreuses spécialités dans le domaine des Sciences de la Santé. La revue se veut un véritable forum de discussions et d'échanges entre les chercheurs concernés.

Les objectifs étant de :

- Publier à périodicité régulière les résultats récents des travaux de recherche qui lui sont soumis;
- Fournir une information fiable et accessible aux chercheurs et utilisateurs;
- Valoriser et archiver les avancées significatives des savoirs scientifiques.

About AJHS

The Algerian Journal of Health Sciences (AJHS) is an international, open access and peer-reviewed journal. No payment is required for the research work submitted. AJHS is governed by the Creative Commons Attribution-Non Commercial 4.0 International (CC BY-NC 4.0) convention.

AJHS is a biannual journal (two issues per year), dedicated to publishing innovative and high-quality articles, in French, in English or in Arabic, allowing a better understanding of progress in Health Sciences.

The journal publishes updates, original articles, clinical cases, technical notes, short communications, letters to the editor as well as review articles in the field of Health Sciences.

Special issues are published according to events or seminars or workshops organized by the Thematic Agency of Research in Health Sciences (ATRSS).

Being the official publication organ of ATRSS, the journal is supported by the Directorate General of Scientific Research and Technological Development (DGRSDT) under the supervision of the Ministry of Higher Education and Scientific Research (MESRS). The AJHS is published electronically on the ATRSS website at <https://ajhs.atrss.dz/ajhs-accueil.php>.

The AJHS, with its multidisciplinary and cross-sectoral character, is at the crossroads of many specialties in the field of Health Sciences. It is therefore intended to be a real forum for discussions and exchanges between concerned researchers.

The scopes being to:

- Publish regularly the recent results of the submitted research work;
- Provide reliable and accessible information to researchers and users;
- Promote and archive significant advances in scientific knowledge.

ATRSS : Cité du Chercheur (Ex : IAP) Route de l'Aéroport Ahmed Ben Bella, Es-Sénia, Oran, Algérie.

BP 1801/08-31000 Oran El M'Naouar. Adresse électronique : ajhs@atrss.dz

Site de la revue : <http://ajhs.atrss.dz>

Algerian Journal of Health Sciences

Numéro Hors série (2021)

The National Day on SARS-CoV-2

Bioinformatics & Biotechnology

Edition de l'Agence Thématique de Recherche en Sciences de la Santé
(ATRSS)

<http://ajhs.atrss.dz>

Algerian Journal of Health Sciences

Directeur de Publication

AOUFFEN Nabil : Université Oran1 - Algérie

Rédactrice en Chef

CHENTOUF Amina: Université Oran1 - Algérie

Rédacteurs associés

AOUFFEN Nabil : Université Oran1 - Algérie

BEN SAAD Helmi : Université de Sousse - Tunisie

BOUDJEMA Abdallah: USTO- MB Oran - Algérie

***BOUGHRARA Wefa : Ecole Supérieure en Sciences
Biologiques d'Oran - Algérie***

BOUZID Abdelmalek : Université Alger - Algérie

***DJABALLAH Hakim : Memorial Sloan Kettering Cancer Center New
York -USA***

GOURINE Mouna : Université Oran1- Algérie

***HAMITOCHE Chafiaa : Institut Mines Télécom / IMT Atlantique,
Brest- France***

KHALED Meghit Boumediene: Université Sidi Bel-Abbes- Algérie

KHAN Naveed Ahmed: Université Sharjah-Emirats Arabes Unis

MERGHOUB Taha: Memorial Sloan Kettering Cancer Center, New York - USA

MERZOUK Hafida : Université de Tlemcen- Algérie

VALLAT Jean-Michel : CHU Limoges - France

ZAKHAMA Lilia : Université El Manar, Tunis - Tunisie

Secrétariat

BOUSSAFI MIRALI Linda Fatima

LALAOUI Amel

ZIRMI DJEBBOURI Messaouda



The National Day on SARS-CoV-2: Bioinformatics & Biotechnology

The National Day on SARS-CoV-2: Bioinformatics & Biotechnology was organized by:

Laboratoire de Bioinformatique, Microbiologie Appliquée et Biomolécules (BMAB), Université M'Hamed BOUGARA de Boumerdès.

Chairwoman of the Day

Dr. Khemili-Talbi Souad (UMBB, Algeria)

Vice-chairman of the Day

Dr. SADAoui-SMADHI Nesrine (UMBB, Algeria)

Scientific Committee

Chairwoman :

Pr. Kebbouche-Gana Salima (UMBB)

Members :

Pr. Abderahmani Ahmed (USTHB)
Pr. Adjlane Nourredine (UMBB)
Pr. Benslimane Hamida (ENSA)
Pr. Bissaad Fatma Zohra (UMBB)
Pr. Bitam Idir (ESSAI)
Pr. Hamidechi Mohammed Abdelatif (UMC)
Dr. Aidoud Aziouz (UMBB)
Dr. Aissat Faiza (UMBB)
Dr. Ait Idir Djouher (UMBB)
Dr. Ayati Houria (UMBB)
Dr. Belhocine Mohamed (MBG Lab, Dubai UAE)
Dr. Benzina-Tihar Farida (UMBB)
Dr. Bouchenak Ouhida (UMBB)
Dr. Daas Mohamed (INRAA)
Dr. Eddaikra Atika (USDB)
Dr. Houari Khemissi (UMBB)
Dr. Kaouche Soumeya (UMBB)
Dr. Khemili-Talbi Souad (UMBB)
Dr. Lenchi-Izouine Nesrine (U. Alger)
Dr. Mohand Kaci-Oulebsir Hakima (UMBB)
Dr. Sadaoui- Smadhi Nesrine (UMBB)
Dr. Terrachet Souhila (UMBB)
Dr. Yahiaoui Karima (UMBB)

Organizing Committee

Chairwoman :

Dr. Akmoussi-Toumi Sihem (UMBB)

Members :

Dr. Aissat Faiza (UMBB)
Dr. Angar Yasmina (UMBB)
Dr. Aroune Djamila (UMBB)
Dr. Bennai Kahina (UMBB)
Dr. Benhabyles Narimen (UMBB)
Dr. Blizak Djanette (UMBB)
Dr. Benzina-Tihar Farida (UMBB)
Dr. Bouldjennet Faiza (USTHB)
Dr. Brahmi Fairouz (UMMTO)
Dr. Eddaikra Atika (USDB)
Dr. Elhaddad Djillali (UMBB)
Dr. Henneb Mina (UMBB)
Dr. Kaouche Soumeya (UMBB)
Dr. Lenchi-Izouine Nesrine (U. Alger)
Dr. Meraihi Yassine (UMBB)
Dr. Mohammedi Zakaria (ENSA)
Dr. Mohand Kaci-Oulebsir Hakima (UMBB)
Dr. Ouzid Yasmina (UMBB)
Dr. Toubal Souheyla (UMBB)
Dr. Yahiaoui Karima (UMBB)
PhD.s. Alouache Lamia (UMBB)
PhD.s. Bouarab Ghaia (UMBB)
PhD.s. Hafid Houda (UMBB)
PhD.s. Khelfaoui Mohamed Amine (UMBB)
PhD.s. Khiari Ouiza (UMBB)
PhD.s. Mokhtari Wafa (UMBB)
PhD.s. Oussaid Sonia (UMBB)
PhD.s. Sayah Amna (UMBB)
PhD.s. Si Ahmed Dyhia (UMBB)
Mme. Ferrioune Imen (UMBB)
M. Belhi Ibrahim (UMBB)



The Organizers index



Dr. Souad Khemili-Talbi is an Associate Professor at *Université M'hamed BOUGARA de Boumerdes*, where she has been teaching Genomics and Structural Bioinformatics since 2009. She is

Team Leader of Structural Bioinformatics, Molecular Docking and Drug Design, Laboratory *Bioinformatique, Microbiologie Appliquée et Biomolécules* (BMAB) at *Université M'Hamed Bougara de Boumerdès*. She is a scientific collaborator within the Computational Biology and Bioinformatics Unit (3BIO service) at the *Université libre de Bruxelles*, since 2013. She is head of an international project in collaboration with the *Université libre de Bruxelles* and a National Project (PRFU). She was member of several international and national projects: PIC project funded by ARES-CCD (period 2008-2013), 02 CNEPRU projects and one PNR project. She has 21 and 03 international and national publications, respectively. She directs 4 PhD students (including one in co-supervision) in Bioinformatics and in Industrial and Applied Microbiology.

e-mail: s.khemili@univ-boumerdes.dz

<https://www.researchgate.net/profile/Souad-Khemili-2>

<https://scholar.google.fr/citations?user=zBdD8KsAAAAJ&hl=fr>

Citations: 220, H-Index : 8 (March 2021).



Dr. Sadaoui-Smadhi Nesrine

Doctor in Biochemistry and Biotechnology (2018), lecturer at M'hamed Bougara Boumerdes University, where she has been teaching Bioinformatics since 2013. She is member in the team of structural Bioinformatics, Molecular Docking and Drug Design, Laboratory *Bioinformatique, Microbiologie Appliquée et Biomolécules* (BMAB) at *Université M'Hamed Bougara de Boumerdès*.

Email: n.sadaoui@univ-boumerdes.dz

<https://www.researchgate.net/profile/Nesrine-Sadaoui>



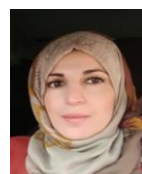
Pr. KEBBOUCHE Salima
Université M'Hamed Bougara de Boumerdes (<http://www.univ-boumerdes.dz>).

Full Professor, 22 years' experience, specializing biotechnology, industrial extreme microorganisms, microbiology and Senior Researcher and Team head in the laboratory *Bioinformatique, Microbiologie Appliquée et Biomolécules* (BMAB) and supervision of several PhDs, 1 Books and 2 Chapter books, 38 international and National publications, International Coordinator and proven experience in the implementation of international cooperation projects between UMBB and the Walloon Region (ULB Brussels) 2010-2013. Project Leader: PNR project 14/u35/1360, 7 CNEPRU Project

Email: s.ganakebbouche@univ-boumerdes.dz

https://scholar.google.fr/citations?user=8j-Z_v8AAAAJ&hl=fr

Citations 513, H-Index 11 (March 2021).



Dr. Akmuoussi-Toumi Siham

Doctor in biochemistry and applied microbiology (2020), lecturer at Université M'hamed Bougara de Boumerdès, specialized in biotechnology,

industrial microbiology and extremophiles.

Researcher and member of the Metagenomics and Biomathematics team of the laboratory *Bioinformatique, Microbiologie Appliquée et Biomolécules* (BMAB). She was a member of several national projects: CNEPRU and PNR projects. She has respectively 08 and 02 international and national publications.

Email: s.akmuoussi@univ-boumerdes.dz

<https://scholar.google.fr/citations?hl=fr&user=Qb1ct-gAAAAJ>

Citations 60, H-Index 3 (March 2021).



Presentation and objectives

Dear colleagues,

We, and on behalf of the *Organizing Committee*, have a great pleasure to organize the National Day on “**SARS-CoV-2: Bioinformatics & Biotechnology**” (**JNSARSCoV2BB**) - Laboratory *Bioinformatique, Microbiologie Appliquée et Biomoélcules* (Bioinformatics, Applied Microbiology and Biomolecules) (BMAB) at the Université M’Hamed BOUGARA - Boumerdes (UMBB, Algeria).

Since the advent of the pandemic (Covid-19), many studies and analyzes have given rise to multiple types of high-throughput biological data. These include omics data, such as genomics, transcriptomics, proteomics, and other data on micro and macro-scale activities.

As you know, the scientific curiosity aroused by the Covid-19 pandemic and the interest shown by the research community in the subject in question have motivated us to devote a scientific day which will be a space for exchange open to researchers and an opportunity that will be offered to

them to expose their research results, their experiences, approaches and readings for the interest of the scientific research in Algeria. The national SARS-CoV-2 scientific day: Bioinformatics and Biotechnology is

organized via a videoconference and is animated by imminent Algerian scientific skills.

In order to contribute to this, we have proposed the following topics for the *National Day on SARS-CoV-2: Bioinformatic & Biotechnology*:

- ✚ SARS-CoV-2 sequencing and genomic analysis.
- ✚ SARS-CoV-2 phylodynamic analyzes.
- ✚ SARS-CoV-2 transcriptome and epitranscriptome.
- ✚ Databases dedicated to SARS-CoV-2 and to systemic biology research against Covid-19.
- ✚ Metabolomics and Covid-19.
- ✚ Screening for SARS-CoV-2 inhibitors.
- ✚ SARS-CoV-2 and drug design.
- ✚ SARS-CoV-2 and host cell interactions.
- ✚ Imaging related to Covid-19.
- ✚ Covid-19 and chronic diseases.
- ✚ Nanoparticles and SARS-CoV-2.
- ✚ Vaccination and SARS-CoV-2.

At the end, we wish you to have a memorable time.

Best Regards,

***Dr. Khemili-Talbi Souad
& Dr. Sadaoui-Smadhi Nesrine***
Chairwomen of the Day

Keynote guest speakers index



Pr. BITAM Idir is a permanent teacher at **ESSAI**. He is a former head of department at the Pasteur Institute of Algeria, secretary-general of ESCAR under ESCMID Group, the European

Society of Microbiology and Infectious Diseases. He is professor at the university, head of research team Parasites and vectors in Algeria at USTHB, located at ESSAIA partner team of VITROME. He is Chairman of the National Pedagogic Committee of the Graduate Schools, Nature and Life Sciences, Expert in the General Directorate of Prevention, Ministry of Health in the field of vector-borne diseases. He has more than 100 international publications and 2 book chapters in the field of vector-borne diseases.

<https://scholar.google.fr/citations?hl=fr&user=d75U5TAAAAAJ>

Citations: 4141, H-Index: 29 (March 2021)



Dr. BELHOCINE Mohamed is currently a Senior Bioinformatician at Molecular Biology & Genetics Laboratory (MBG Lab) in Dubai, where he supervises a research

projects and clinical NGS data analysis. In addition, Mohamed develops and oversees research training programs in several Algerian Universities. During his work at TAGC and Necker Hospital, Mohamed focused on the application large-scale genomic approaches to understand genetic and epigenetic mechanisms associated with normal and pathologic cell development. He identified a group of Long Non-Coding RNAs (LncRNAs) dysregulated in leukemia and perform functional assays to study their potential implications in oncogenesis.

Mohamed, also, evaluate enhancer activity in different cellular contexts, including cell stimulation, transcription factor perturbation and pathological models; and explore the dynamics of selected histone modifications and transcription factors during early T cell development in vivo. These projects were conducted in collaboration with the the European Blueprint consortium.^[1] Mohamed has acquired extensive knowledge in experimental and computational biology, specifically in transcriptome analysis and chromatin immuno-precipitation coupled with deep sequencing (CHIP-Seq) and RNA-sequencing analysis. Mohamed is proficient in R, python, Perl, JAVA and many other programming languages.

https://scholar.google.fr/citations?hl=fr&user=U1rQg_4AAAAJ

Citations: 801, H-Index: 10 (March 2021)



Dr. OUNISSI Mourad holds a PhD degree in biology option Bioinformatics from ENS-kouba, currently Lecturer and research professor at the University of Ziane Achour, Djelfa. The title of his doctoral

thesis is "Computer-assisted study for the search for new natural inhibitors of Cyclooxygenase-2". He prepared his Magister thesis on "Bioinformatics study of the structure and function of Rubisco: the possible mechanism of interaction of the natural inhibitor 2CA1P in the active site under conditions of absence of light or darkness". Mourad Ounissi is an expert in bioinformatics by his mastery of Bioinformatics tools (Schrodinger suites, Sybyl x, Pymol, GOLD, Autodock Tools, Hyperchem, BioEdit (sequence comparison), He is author of several national and international publications in bioinformatics.

<https://scholar.google.fr/citations?hl=fr&user=EihxhR8AAAAJ>

Citations: 11, H-Index: 3 (March 2021).

S o m m a i r e

Acknowledgments	11
Abstracts	
Intérêt de la Bioinformatique dans le diagnostique des maladies infectieuses émergentes et Covid-19 BITAM Idir	12
Establishment and validation of a risk score for the early prediction of COVID-19 severity6 ABDI Samia	13
Vitamin D deficiency and low serum calcium as predictors of poor prognosis in patients with severe COVID-19 BENNOUAR Salam	14
The different treatments and vaccines Anti-COVID-19 BELHOCINE Mohamed	15
Les biotechnologies au service de la lutte contre la pandémie du Covid 19 KEBBOUCHE-GANA Salima	15
Virtual screening and molecular dynamics simulation aided the identification of potential natural inhibitors of the SARS CoV-2-Mpro OUNISSI Mourad	16
In silico screening of plant derived nutraceuticals as potential target for inhibition of SARS-CoV-2 and its emerging variants B.1.1.7, B.1.351 and P.1 BELHI Ibrahim et Dr. KHEMLI-TALBI Souad	17
TRIzol-Based RNA Extraction for Detection Protocol for SARS-CoV-2 of the Coronavirus Disease 2019. AMIROUCHE	18
Détection d'anticorps spécifiques au SRAS-CoV-2 chez des travailleurs de la santé en CHU ANNABA ayant eu un contact direct avec des patients atteints de la maladie COVID-19 MERICHE Hacène	19
Accuracy of ARIMA model in predicting of COVID-19 ADJEBLI Ahmed	20
SARS-CoV-2 Mains Transmissibility factors FESRAOUI Zahra Ainouna	21
Pollution atmosphérique métallique, risque de cancer et la mortalité par COVID-19 dans la wilaya de Setif BELGUIDOUM Amina	21
Base de données et COVID-19 MERAIHI Yassine	22
Apport de la métabolomique dans l'identification des troubles métaboliques au cours du SARS-CoV-2. EDDAIKRA Atika	23
Covid 19 et le système alimentaire YAHIAOUI Karima	24
Covid-19 lockdown led to significant weight gain among Algerians BOUDOUCHE Farouk	25
La place de la phytothérapie dans la prévention de l'infection par le covid-19 MOKHTARI Chaima	26
A molecular modeling approach to identify effective antiviral FDA approved drugs against COVID-19 main protease TACHOUA Wafa	26
Inhibition of sars-cov-2 by natural compounds: in silico structure-activity relationship study BEKKAL BRIKCI Sohayb	28
Molecular Docking and Dynamic Simulation analysis shows Thymol effective inhibition activity against Cys145-His41 Catalytic dyad of SARS-CoV2 Main Protease ELBASYOUNI Amel	29
Etudes Moléculaires de Covid-19 DEROUICHE Louiza	30
Diagnostic moléculaire de la Covid-19 grâce à la détection du virus SARS-COV2 par RT-PCR et comparaison avec les tests antigéniques HADJLOUM Salima & Melle. MESSAOUDI Khawla	31
Etude épidémiologique du SARS-CoV-2 et malades atteints de maladies chroniques (CHU Mustafa Bacha) BRAHMI Fairouz	32
Répartition du Covid-19 en fonction des maladies chroniques Et le taux de saturation en oxygène. TOUABIA Sarra	33
Covid-19 et maladies chroniques HEMIDI Khaoula	34
La Covid-19 chez les adolescents : enquête socio-démographique et expérience avec la Maladie BENAKLI Yasmina	36
COVID-19 et Microbiote oral AIT IFTENE Louiza	37
Changements climatiques et maladies transmissibles (Analyse et corrélation du SARS-COV-2 à ANNABA) SAADENE Yasmine	37
Traitement du COVID-19 par le Tocilizumab RABIA Khedidja	38
Vaccination contre la COVID-19 chez les patients atteints de diabète sucré LENCHI-IZOUINE Nesrine	39
Assessment the toxic effect of Fe ₂ O ₃ nanoparticles on the physiological and energetic aspect YAHYAOUI Amina	40
Nanoparticules des bactéries halophiles contre la Covid-19 SAYAH Amna	41
L'effet inhibiteur de quelques triterpénoïdes contre l'enzyme ACE2, récepteur du SRAS-Cov-2 : Étude <i>in silico</i> . BENSLAMA Oueded	42
<i>In silico</i> studies of the bimolecular interactions between perillaldehyde and SARS-CoV-2 main protease. SADAOU-SMADHI Nesrin	43
Amentoflavone as potential bioactive inhibitor of SARS-CoV-2 nsp13 helicase An in silico study. CHAOUICHE Tarik Moham	44
QSAR Modeling and Drug-Likeness filters applied in 1,3,5-triazine derivatives KHELFA Nadja	45
<i>In silico</i> identification of potent inhibitors of COVID-19 main protease (Mpro) from natural products SEKIOU Omar	46
Étude pharmacocinétique et docking moléculaire de quelques saponines comme inhibiteurs de l'enzyme ACE2, récepteur du SRAS-Cov-2 MANSOURI Nedjwa	47
Biosurfactants microbiens comme agents anti-covid19 AKMOUSSI-TOUMI Siham	48
L'utilisation de plantes médicinales dans la prévention et le traitement de l'infection virale (SARS-CoV-2) chez la population Algérienne SADOUC Meriem	49
Place des plantes médicinales dans la prévention de l'infection par le COVID-19 selon les habitants de la région de Béchar HIBI Zin	50
Extraction techniques and characterization of Origanum jorana's essential oil: A perspective application against SARS-CoV-2. HAFID Nourehoua	51
Ethnobotanical study on sweet common centaury (Centaurium erythraea) in the Boumerdes region: A perspective application against SARS-CoV-2. OUSSAID Soumia	52
How are lichens identified? Search for potential new drug against SARS-CoV-2 KHIARI Ouiza	53
Chemical Variability and antibacterial activity of <i>Rhus tripartita</i> essential oils in Algeria. BENLEMBAREK Khaoula	54



Acknowledgments

We thank the Dean of the faculty of Technology, Université M'hamed Bougara-Boumerdes, for their welcome, precious and generous contribution to the organization of our Scientific Day.

Special thanks go to the scientific committee for their effectiveness and review for the selection of abstracts.

We are particularly grateful to Pr. Idir BITAM, Pr. Samia ABDI, Dr. Mohamed BELHOCINE and Dr. Mourad OUNISSI for the honor and the privilege of their presence and interventions.

Thanks to our wonderful sponsors for their generous contributions:



ETBPH TCE
LAZAZGA MOURAD



ARTICLES SCOLAIRES
FOURNITURES DE BUREAU



Finally, we would thank all participants for their interest and engagement to the J.N.SARSCoV2BB.

J.N.SARSCoV2BB organizers



Abstracts

Invited Speakers

Conference 1

Intérêt de la Bioinformatique dans le diagnostique des maladies infectieuses émergentes et Covid-19

Bitam Idir

Ecole Supérieure en Sciences de l'Aliment et des Industries Agroalimentaires, Alger, Algeria

VITROME, IHU Marseille

Laboratoire Biodiversité Environnement - Interactions Génomes USTHB

E-mail: idirbitam@gmail.com

Les outils Génomiques et protéomique ont nettement amélioré la santé des malades, ceci par la rapidité et spécificité des résultats en indiquant des espèces des agents pathogènes infectieux.

La PCR et le Madi-TOF sont l'un des outils qui permet de réaliser des études épidémiologiques sur les maladies dont le diagnostique est difficile à pronostiquer et du coup pas de traitement adapté aux maladies transmissibles infectieuses dont la covid-19.

Les outils de la PCR couplé avec la Bioinformatique, en utilisant des techniques de séquençage permet grâce aux banques de données des gènes disponibles d'identifier les agents infectieux et les différents variants de Sars Cov2.

L'apparition du Next Generation Sequencing dans le diagnostique des maladies infectieuses à sauver des vies et améliorer considérablement le diagnostique avec plus de spécificité et sensibilité; en effet cet outils est aussi utiliser dans monitoring et pronostic des cas de cancer et donne des résultats exceptionnel permet de sauver des vie.

Les outils permettent de faire des identifications des espèces bactériennes et virales a un temps record, car nécessitaient des cultures qui durent des semaines voire des mois !

Au cours de la conférence, on présentera l'intérêt de ces outils et les résultats obtenus dans l'expérience des laboratoires utilisant cette technologie.

Keywords: COVID-19, Maladies transmissibles, Bioinformatiques, Génomiques, Protéomique.



Conference 2

Establishment and validation of a risk score for the early prediction of COVID-19 severity

Abdi Samia*⁽¹⁾, **Bennouar Salam**⁽¹⁾

⁽¹⁾Central Laboratory of clinical biology, University Hospital center of Blida, 9000 Blida, Algeria

⁽²⁾Central Laboratory of clinical biology, University Hospital center of Blida, 9000 Blida, Algeria

E-mail : samiasarabrayan@yahoo.fr

Background and aims: Coronavirus Disease 2019 is characterized by a spectrum of clinical severity. In a previous published work we have identified six biological abnormalities as potential risk markers independently related to the severity. For a clinical convenience, this study aimed to establish a score system to identify high-risk individuals open admission, to validate this score in a separate cohort, and to test its accuracy in the prediction of in-hospital mortality.

Methods: In this is cohort study, data from 330 SARS-CoV-2 infected patients were used to establish a risk score system to predict progression toward severity. In a second stage, data from 240 additional COVID-19 patients were used to validate this score. Accuracy of the score was measured by the area under the receiver operating characteristic curve (AUC).

Results: In the establishment cohort, a step-wise increase in the incidence of both severity and mortality was observed with the increment of the risk score ($p < 0.0001$). Conversely, a progressive decrease in the average survival duration was noted with the increment of the risk score ($p_{ANOVA} < 0.0001$). A similar trend was confirmed when analyzing this association in the validation cohort ($p < 0.0001$). The AUC in the validation cohort was 0.74 [0.66-0.82] and 0.90 [0.87-0.94], $p < 0.0001$, respectively for severity and mortality prediction.

Conclusion: This study provides a useful risk score based on biological routine parameters assessed at the time of admission, which has proven its effectiveness in predicting both severity and short-term mortality of COVID-19

Keywords: COVID-19, risk score, biomarkers, severe COVID- 19, short-term mortality.



Conference 3

Vitamin D deficiency and low serum calcium as predictors of poor prognosis in patients with severe COVID-19

Bennouar Salam ^{*(1)}, **Bachir Cherif Abdelghani** ⁽²⁾, **Abdi Samia** ⁽³⁾.

⁽¹⁾⁽³⁾ Central Laboratory of clinical biology, University Hospital center of Blida, 9000 Blida, Algeria

⁽²⁾ Department of Internal Medicine and Cardiology, University Hospital Center of Blida. 9000 Blida, Algeria

E-mail : Salam_pbr2004@yahoo.fr

Background and aim: The severity of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) is a multifactorial condition. An increasing body of evidence argues for a direct implication of vitamin D deficiency, low serum calcium, and poor outcomes in COVID-19 patients. This study was designed to investigate the relationship between these two factors and COVID-19 in-hospital mortality.

Materials and methods: This is a prospective study, including 120 severe cases of COVID-19, admitted at the University Hospital of Blida. Vitamin D was assessed by an immuno-fluoroassay method. Total serum calcium by a colorimetric method, then, corrected for serum albumin levels. The association with in-hospital mortality was assessed using the Kaplan-Meier survival curve, proportional Cox regression analyses and the receiver operating characteristic curve.

Results: Hypovitaminosis D and hypocalcemia were very common, occurring in 75% and 35.8% of patients.

When analyzing survival, both were significantly associated with in-hospital mortality in a dose-effect manner ($p_{\text{Log-Rank}} = 0.009$ and 0.001 respectively). A cut-off value of 39nmol/l for vitamin D and 2.05mmol/l for corrected calcemia could predict poor prognosis with a sensitivity of 76% and 84%, and a specificity of 69% and 60% respectively. Hazard ratios were (HR=6.9, 95% CI [2.0-24.1], $p=0.002$ and HR=6.2, 95% CI [2.1-18.3], $p=0.001$) respectively.

Conclusion

This study demonstrates the high frequency of hypocalcemia and hypovitaminosis D in severe COVID-19 patients and provides further evidence of their potential link to poor short-term prognosis. It is, therefore, possible that correction of hypocalcemia as well as supplementation with vitamin D may improve the vital prognosis.

Keywords: COVID-19, vitamin D deficiency, hypocalcemia, in-hospital mortality.



Conference 4

The different treatments and vaccines Anti-COVID-19

Belhocine Mohamed

*Molecular Biology & Genetics Laboratory (MBG Lab) in Dubai
mrbelhocine.mohamed@gmail.com*

The past year has seen the rapid global spread of SARS-CoV-2 the virus responsible for the ongoing COVID-19 pandemic. Vaccination is likely to constitute the definitive, long-term defence strategy against SARS-CoV-2 morbidity, mortality, and transmission, offering the best hope of a return to normal life.

As the race for the effective and safe vaccine has begun, different strategies were introduced. To date, viral vector-based vaccines, genetic vaccines, attenuated vaccines, and protein-based vaccines are the major vaccine types tested in the clinical trials or in use. Over 80 clinical trials was initiated; however, only 18 vaccines have reached the clinical phase II/III or III, and 15

vaccine candidates are under consideration or have been approved for the use so far.

In the same time, several pharmaceuticals have been studied or are still undergoing clinical trials to assess their safety and efficacy as potential treatments for COVID-19, including corticosteroids, the antiviral nucleotide analogue remdesivir, systemic interferons and in particular interferon β -1a, monoclonal antibodies against components of the immune system such as interleukin-6 (IL-6) and IL-4, other immune modulators and antibodies against components of SARS-CoV-2.

In this presentation, we will discuss the most promising treatments and anti-COVID-19 vaccines and their different strategies in order to provide more clarity into the mechanism of action.

Conference 5

Les biotechnologies au service de la lutte contre la pandémie du Covid 19

Kebbouche Gana Salima, Khemili-Talbi Souad, Akmoussi-Toumi Siham, Lenchi-Izouine Nesrine, Gana Mohamed Walid

*Laboratoire de Bioinformatique, Microbiologie Appliquée et Biomolécules
Faculté des sciences - Université M'Hamed Bougara de Boumerdès
s.ganakebbouche@univ-boumerdes.dz*

Le coronavirus Humain associé au syndrome respiratoire aigu sévère par l'épidémie de SRAS a marqué les esprits de par sa rapidité de propagation

au niveau mondial, sa virulence et surtout l'émergence d'un nouveau virus d'origine zoonotique. Il s'agit en effet d'une première pandémie, sévère et



émergente du 21^{ème} siècle qui a fait environ 3 millions de victimes. Les biotechnologies seraient l'application de la science et de la technologie à des organismes vivants, de même qu'à ses composantes, produits et modélisations, pour modifier des matériaux vivants ou non vivants aux fins de la production de connaissances, de biens et de services, ainsi, les biotechnologies ont permis au secteur de la santé de faire encore plus de progrès par l'innovation dans les organes artificiels, thérapie cellulaire, développement de biomédicaments, de vaccins, de thérapies innovantes, géniques ou cellulaires, notamment pour lutter contre la Covid 19. De ce fait, dans le domaine de la santé, et dans le cadre de cette pandémie, les biotechnologies rouges ont impliqué l'acquisition en premier lieu des connaissances du virus (structure, génome, réplication et cycle lytique), le dépistage et diagnostic par RT-PCR (*reverse transcription-polymerase chain reaction*) et la

sérologie le dosage d'anticorps spécifiques qui s'utilise aussi comme outil épidémiologique.

De plus, la recherche de nouveaux traitements englobe l'utilisation de nouvelles molécules médicamenteuses, anticorps thérapeutiques par l'isolement des lymphocytes B mémoires spécifiques du virus à partir du sang de patients en rémission et pouvoir les utiliser pour permettre la production d'anticorps. De plus, le développement de vaccins par l'utilisation d'agents infectieux inactivés, agents vivants atténués, sous-unités d'agents infectieux, ARN générant l'antigène caractéristique contre la Covid 19 a fait d'énormes progrès grâce aux biotechnologies.

Le but de cette conférence est de faire le tour sur l'utilisation des biotechnologies par l'ensemble de ces outils pour lutter contre la Covid 19.

Mots clés : Biotechnologies, Covid 19, traitement.

Conference 6

Virtual screening and molecular dynamics simulation aided the identification of potential natural inhibitors of the SARS CoV-2-M^{PRO}

Mourad OUNISSI

Département de biologie, Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie, Université de Ziane Achour, BP.3117. Djelfa, Algérie, **E-mail :** ounissi_mourad@outlook.com.

Context: The SARS CoV-2 main protease (M^{PRO}) is one of the essential therapeutic keys of the COVID-19, which ensures the replication of the virus in the host cells, causing tissue damage, for this reason, and to accelerate the research of a potential natural inhibitor that blocks this enzyme, *in silico* study was performed.

Results: This study was started with the generation and validation of a structure-based pharmacophore hypothesis that used to screen a chemical library containing 99049 natural compounds extracted, filtered, and cleaned from the Chinese universal natural products database (UNPD), the screening process using the pharmacophore hypothesis and the molecular docking yielded 16 hits. These hits were



ranked depending on their binding dG, as a result, the two compounds UNPD90246 and UNPD221225 were exhibited higher binding affinity to the catalytic site of the SARS CoV-2 Mpro interacting with important amino acids which play a crucial role in the enzyme catalysis, on the other hand, the two complexes UNPD90246/5R82 and UNPD221225/5R82 subjected to the molecular dynamic simulation shown very good stability and convergence along the trajectory of the simulation.

Conclusion: The virtual screening based on the pharmacophore and the molecular docking followed

by molecular dynamic simulation is very effective and rapid methods to search for an approved drug against a specific disease, but it is also effective to identify novel compounds (natural, semi-synthetic or synthetic) as a scaffold for developing another series of optimized and potent compounds. However, this type of study requires experimental studies and approval tests for these compounds.

Keywords: COVID-19, SARS CoV-2 M^{pro}, Pharmacophore, UNPD, Docking, Molecular dynamics.

Conference 7

In silico screening of plant derived nutraceuticals as potential target for inhibition of SARS-CoV-2 and its emerging variants B.1.1.7, B.1.351 and P.1

Belhi Ibrahim⁽¹⁾, **Khemili-Talbi Souad**^{(1),(2)}, **Sadaoui-Smadhi Nesrine**^{(1),(2)}, **Kebbouche-Gana Salima**^{(1),(2)}, **Lenchi-Izouine Nesrine**^{(2),(3)}, **Akmoussi-Toumi Siham**^{(1),(2)}

¹⁾ Département de Biologie, Faculté des Sciences, Université M'Hamed Bougara, Avenue de l'indépendance Boumerdes 35000, Algeria.

²⁾ Laboratoire de Bioinformatique, Microbiologie Appliquée et Biomolécules, Faculté des Sciences, Université M'Hamed Bougara, Avenue de l'indépendance Boumerdes 35000, Algeria.

³⁾ Département des Sciences de la nature et de la vie, Faculté des sciences, Université Ben Youcef Benkbedda, Algiers- Algeria.

E-mail: i.belhi@univ-boumerdes.dz / s.khemili@univ-boumerdes.dz

SARS-CoV-2, which causes the COVID-19 disease, was responsible for a global mortality and the major socio-economic disruptions that it might be “the once-in-a-century pathogen”. The relationship between immunity and nutrition and their role with COVID-19 has been a valuable subject of focus. Facing this life-threatening pandemic, *in silico* studies provided a reliable alternative for a quick identification of nutraceuticals that specifically target the viral life cycle.

In this study, we present common dietary plant-based foods that contain potential inhibitory nutraceuticals of SARS-CoV-2 and its new emerging variants. A multi-step screening leads to this identification. First of all, nutraceuticals with cell-free/based inhibitory activities targeting SARS-CoV or MERS-CoV proteins were searched in literature. Secondly, the nutraceuticals were subjected to drug-likeness, bioavailability and toxicological screening to ensure that the oral administration would be



effective. Thirdly, molecular docking studies were conducted to test the nutraceuticals with their respective protein targets, as mentioned in the literature. Fourthly, the nutraceuticals were searched in various food databases. Finally, network pharmacology analysis was utilized to predict *in-vivo* effects of each nutraceutical.

Of the 150 nutraceuticals initially found, only 10 met the pharmacological screening criteria. Moreover, targeting key residues in conserved motifs located within the protein's active/binding sites gave insights on ligand binding affinity of potential inhibitors. The 10 selected nutraceuticals were found in nearly 250 plant-based foods with a content over 0.1mg/100g. Network pharmacology analysis

predicted that the *in-vivo* functions of these nutraceuticals were involved in the regulation of the immune inflammation.

Since all the selected nutraceuticals are contained in plant-based foods, showing significant interactions with the key protein residues alongside with favourable drug-like properties and poor toxicity levels, they might be considered to help in the treatment of the COVID-19 or used as prevention.

Key words: COVID-19, Coronavirus, Nutraceuticals, Molecular docking, Antiviral, Plant-based foods.

Oral Communication 1

TRIZol-Based RNA Extraction for Detection Protocol for SARS-CoV-2 of the Coronavirus Disease 2019

Amirouche Adel¹, Ait-Ali Djida², Nouri Hamid³, Boudrahme-Hannou Lila^{2,4}, Tliba Souhil^{2,5}, Ghidouche Abderrezak² and Bitam Idir⁶⁻⁷

¹Laboratoire de Biochimie Appliquée, Université de Bejaia, Bejaia, Algérie.

²Laboratoire de Génie Biologique des Cancers, Université de Bejaia, Bejaia, Algérie.

³Laboratoire de Microbiologie Appliquée, Université de Bejaia, Bejaia, Algérie.

⁴Service des maladies infectieuses, CHU de Bejaia, Algérie.

⁵Service de Neurochirurgie, CHU de Bejaia, Algérie.

⁶Ecole Supérieure en Sciences de l'Aliment et des Industries Agroalimentaires (ESSAIA), El Harrach, Alger, Algérie.

⁷Aix Marseille Univ, IRD, VITROME, IHU Méditerranée Infection, Marseille, France.

Coronavirus disease 2019 (SARS-CoV2) was discovered in Wuhan, Hubei Province, China in December 2019. The first case of COVID-19 in Algeria was reported on February 25, 2020. The diagnostic is an important intervention for the

management of the 2019 novel coronavirus. Real-time reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR) is used as a diagnostic tool using nasal swab, tracheal aspirate or bronchoalveolar lavage samples. Here, RNA



extraction was performed using three different procedures ((TRIzol, Qiamp, VMT-TRIzol) from 28 throat swab specimens and SARS-CoV-2 was detected by RT-PCR assay using a detection kit for SARS-CoV-2 (Sun Yat-sen University). Two genes sequences, ORF1b and N gene that are highly conserved amongst sarbecoviruses were chosen for probe and primer designs. Our results show nine patients were detected positive with $Ct \leq 40$ which was consistent CT-scan and rapid diagnostic test. Comparison of Real-time

RT-PCR results, there were no differences in detection rates when comparing the three different extraction procedures (TRIzol, Qiamp, VMT-TRIzol). Based on these results we decided to use TRIzol as media transport and for RNA extraction method for SARS-CoV-2 detection.

Key words: SARS-CoV-2, Diagnostic techniques, Thorat swab, RT-PCR.

Oral Communication 2

Détection d'anticorps spécifiques au SRAS-CoV-2 chez des travailleurs de la santé en CHU ANNABA ayant eu un contact direct avec des patients atteints de la maladie COVID-19

Hacene Meriche⁽¹⁾, M.Assous⁽¹⁾, F.AOUADI⁽¹⁾, I.Ouadi⁽¹⁾, S.Gadiri⁽¹⁾,

⁽¹⁾ Service d'Immunologie, Clinique Sainte Thérèse, CHU Annaba, Annaba, Algérie.

E-mail : meriche.h23@gmail.com

Introduction: Le personnel de santé est exposé à un risque d'infection exceptionnellement élevé, car il travaille en première ligne de cette pandémie. La principale voie de transmission est la propagation de personne à personne. Les travailleurs de la santé constituent une cohorte vulnérable à l'infection en raison de contact fréquent et étroit avec les patients atteints de COVID-19. L'infection par le SARS Cov-2 entraîne généralement une séroconversion 11 à 14 jours après les premiers symptômes. Cependant, en raison des infections asymptomatiques et Oligo symptomatiques, le fait de ne tester que les individus symptomatiques peuvent conduire à une sous-

estimation significative de la séroprévalence du SARS Cov-2.

Objectif : Evaluation de la séroprévalence des anticorps anti-SARS-CoV-2 chez les travailleurs de santé asymptomatiques de CHU d'Annaba, en Algérie.

Matériels et méthodes : 167 participants ont été regroupés en fonction de la fréquence des contacts avec les patients du COVID-19 ; il s'agit d'un groupe à haut risque avec contact quotidien avec des patients COVID-19 dans les services désignés et dans les unités de soins intensifs (n=87), le 2^{ème} groupe est à risque intermédiaire avec contact quotidien avec des patients non COVID-19 (n=48) et Comme groupe contrôle qui est à faible risque sans



contact quotidien avec les patients (n= 35). Les sérologies anti-SARS-CoV 2 ont été réalisées par test ELISA « EUROIMMUN »

Résultats : Les anticorps anti SARS-CoV2 IgM sont négatifs dans toute la population étudiée. Des anticorps anti-SARS-CoV 2-IgG ont pu être détectés chez 59 des 167 (35,32 %) professionnels de la santé. La séroprévalence était plus élevée dans le groupe à risque intermédiaire que dans le groupe à risque élevé (20/48 (41,66 %) contre 30/87 (35,71 %), avec

un OR =0,78(intervalle de confiance 95 % 0.37–1.7 ; $p \leq 0,50$).

Conclusion : La séroprévalence globale du SARS-CoV-2 chez le personnel soignant est un peu élevé (35,32%). Les données indiquent que la norme d'hygiène locale pourrait ne pas être efficace.

Mots clés : SARS-CoV-2, des anticorps anti-SARS-CoV-2, COVID Asymptomatique .

Oral Communication 3

Accuracy of ARIMA model in predicting of COVID-19

Adjebli Ahmed¹; **Messis Abdelaziz^{2,3}**; **Ayeche Riad⁴**; **Ghidouche Abderrezak²**; **Ait-Ali Djida²**

¹Laboratoire d'Ecologie Microbienne, faculté des sciences de la nature et de la vie, université de Bejaia, 06000, Bejaia, Algérie

² Université de Bordj Bou Arréridj ; El-Anasser, 34010, Bordj Bou Arréridj, Algérie;

³ Laboratoire de Génie Biologique des Cancers, Université de Bejaia 06000, Bejaia, Algérie;

⁴ Laboratoire Caractérisation et Valorisation des Ressources Naturelles, Université de Bordj Bou Arréridj, 34010, El-Anasser, Bordj Bou Arréridj, Algérie

E-mail: ahmed.ajebli@gmail.com

Background: Coronavirus disease has become a worldwide threat affecting almost every country in the world. The aim of this study is to identify the COVID-19 cases (positive, recovery and death) in Algeria using the Double Exponential Smoothing Method and an Autoregressive Integrated Moving Average model for forecasting the COVID-19 cases.

Methods: The data for this study were obtained from March 21st, 2020 to November 26th, 2020. The daily Algerian COVID-19 confirmed cases were sourced from The Ministry of Health of Algeria.

Results: Based on the results, Observed cases during the forecast period were accurately predicted and were placed within the prediction intervals generated by the fitted model.

Conclusion: This study shows that ARIMA models with optimally selected covariates are useful tools for predicting COVID-19 cases in Algeria.

Keywords: COVID-19, Time series, Double Exponential Smoothing, ARIMA; forecast, Algeria.



Oral Communication 4

SARS-CoV-2 Mains Transmissibility factors (les facteurs de transmission du SARS-COV-2)

FESRAOUI Zahra Ainouna*⁽¹⁾, **SLIMANI Miloud**⁽²⁾.

⁽¹⁾ et ⁽²⁾ Université Dr. Moulay Tahar, département de biologie, laboratoire de biotoxicologie et valorisation des plantes médicinales.

E-mail : [nzhraf@gmail.com](mailto:nzahraf@gmail.com)

Dans le présent recueil, nous nous sommes intéressés au phénomène de propagation du virus à partir de la chine, en particulier, dans les premières semaines qui ont suivie l'éclatement de la pandémie. A vouloir répondre à la problématique suivante : Pourquoi certains pays comme l'Italie, ont été plus affectés que d'autres en nombre de personnes contaminés et en nombre de décès? Notre objectif est d'essayer d'y répondre en faisant relever les facteurs apparents qui ont favorisé la dissémination, la transmission et la virulence du SARS-COV-2.

C'est porter l'axe sur les propriétés biologiques du SARS-COV-2 (structure, phylogénie, cycle biologique, tropisme cellulaire, pathogénèse, origine) en relation des facteurs de transmissibilité du virus dans la phase précoce (les premières semaines) de la pandémie qu'a connu le monde durant l'année 2020/2021.

Mots clés : SARS-COV-2, PM_{2.5}, Pollution, Immunité.

Oral Communication 5

Pollution atmosphérique métallique, risque de cancer et la mortalité par COVID-19 dans la wilaya de Setif

Belguidoum Amina, LogradaTakia, Benlembarek Khaoula and Ramdani Messaoud

Laboratory for Valorization of Natural biological Resources, SNV Faculty, Ferhat Abbas University Setif-1, Algeria.

E-mail : belguidoum.amina@yahoo.com

La pollution atmosphérique métallique est un problème environnemental important dans la plupart des régions du monde. La contamination

croissante de la biosphère par les métaux lourds crée un sérieux problème à long terme de nature irréversible. Cette étude résume l'impact des



divers polluants métallique atmosphériques sur la population de la wilaya de Sétif. La population de la wilaya de Sétif est très affectée par le cancer, elle est classée parmi les wilayas les plus touchées en l'Algérie.

L'étude de la bioaccumulation des ETM dans les thalles de *Xanthoria parietina* de la région de Sétif montre une accumulation très importante et indique une pollution atmosphérique par le Ni, Cr, Pb surtout dans les communes de Sétif, El Eulma et Ain Oulmene. On remarque une

certaines relations entre la répartition des cancers et la présence élevée des ETMs dans l'atmosphère des communes les plus touchées et que Les malades qui souffrent de cancers sont Sous-jacents courent un risque de mortalité plus élevé au COVID-19.

Mots clés: Pollution atmosphérique, Lichen, Eléments trace métalliques, Cancer, Sétif, Algérie, COVID-19.

Oral Communication 6

COVID-19 Datasets: A comprehensive survey.

Yassine Meraihi ^{*(1)}, **Asma Benmessaoud Gabis** ⁽²⁾, **Dalila Acheli** ⁽³⁾

⁽¹⁾ LIST Laboratory, University of M'Hamed Bougara Boumerdes, Avenue of Independence, 35000 Boumerdes, Algeria

⁽²⁾ Laboratoire de Méthodes de Conception de Systèmes, Ecole nationale Supérieure d'Informatique, Algiers, Algeria

⁽³⁾ LAA Laboratory, University of M'Hamed Bougara Boumerdes, Avenue of Independence, 35000 Boumerdes, Algeria

* **Email:** y.meraihi@univ-boumerdes.dz

COVID-19 caused by severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) is one of the most disruptive disasters in the current century and was declared pandemic by World Health Organization (WHO) on March 11, 2020. According to WHO, there have been 123,419,065 confirmed cases of COVID-19, including 2,719,163 deaths as of 22 March 2021. The absence of a treatment has motivated scientific and researchers to deal with this pandemic. Machine Learning (ML) is one of the

most applied methods for the detection and diagnosis of available data concerning COVID-19 cases. This paper presents a survey of data sources used by ML methods; These data sources are categorized into X-ray images, Computed Tomography (CT) images, Text data, Time series, Sounds, Coughing/Breathing videos, and even Blood Samples.

Keywords: COVID-19, SARS-CoV-2, Medical Images, COVID-19 Detection, COVID-19 Datasets.



Oral Communication 7

Apport de la métabolomique dans l'identification des troubles métaboliques au cours du SARS-CoV-2

Eddaikra Atika^{1,2}, Khemili-Talbi Souad^{2,3}, Ayati Houria^{2,3}, Sadaoui-Smadhi Nesrine^{2,3}

1. Département de biologie et physiologie cellulaire, Faculté des sciences de la nature et de la vie, Université SAAD DAHLAB, Blida1.

2. Équipe de Bioinformatique Structurale, Modélisation Moléculaire et Drug Design (BSMMDD), Laboratoire de Bioinformatique, Microbiologie Appliquée et Biomolécules (BMLAB), Université M'Hamed Bougara de Boumerdès.

3. Département de Biologie, Faculté des Sciences, Université M'Hamed Bougara, Boumerdès.

E-mail : aeddaikra@yahoo.fr

Il bien établit que le métabolisme est à la base de tous les processus biologiques du corps humain, y compris les réponses immunitaires. La métabolomique est une approche prometteuse pour comprendre et explorer l'homéostasie des cellules du corps ; c'est le complément métabolique de la génomique fonctionnelle et s'est avéré très utile dans la recherche médicale et en sciences de la vie. La spectrométrie de masse à haute résolution (MS), est une technique d'analyse qui permet l'analyse sérique fine du métabolome. Ainsi, la métabolomique est devenue un membre clé de la boîte à outils omique dans la recherche biomédicale.

Les métabolites sanguins sont les produits finaux de nombreux processus systématiques et sont des indicateurs informatifs des activités biochimiques ou des phénotypes de maladies. Les données cliniques récentes montrent bien qu'une PCR positive est associé à des profils métabolomique et lipidomique perturbés.

Aussi, le syndrome de sepsis et d'insuffisance respiratoire chez les patients décédés par la COVID se présentent aux urgences et aux soins intensifs avec un profil métabolomique perturbé.

Il a été identifié chez ces patients des changements frappants de certains métabolites du métabolisme énergétique comme la fonction mitochondriale et la production d'ATP. Cette signature métabolique se caractérise par une augmentation des métabolites liée à la production de novo de nicotinamide adénine dinucléotide (NAD), des niveaux anormalement élevés de corps cétoniques (acide acétoacétique, Acide 3-hydroxybutyrique et acétone), de l'acide 2-hydroxybutyrique de la synthèse hépatique et du glutathion considéré comme un marqueur du stress oxydatif

Grace à l'analyse métabolomique, nous pouvons identifier et cibler les marqueurs du déséquilibre métabolique. De plus, l'association du test PCR à la signature métabolomique permet d'orienter le diagnostic. Ainsi, selon le profil de chaque patient la réponse aux traitements antivirale du SARS-CoV-2 peut orienter les événements cliniques à la maladie. A travers notre présentation, nous allons mettre en revue le rôle et l'intérêt des marqueurs métabolomiques dans le diagnostic.

Mots clés : Métabolomique ; COVID, SARS-CoV-2, syndrome de sepsis, Insuffisance respiratoire.



Oral Communication 8

COVID-19 et le système alimentaire

Yahiaoui Karima ⁽¹⁾, Bouchenak Ouahiba ⁽²⁾, Lefkir Soumiya ⁽¹⁾

⁽¹⁾ Food Technology Research Laboratory - Faculty of Technology
 Boumerdes University*, 35000 - BOUMERDES – ALGERIA

⁽²⁾ Laboratoire de Bioinformatique, Microbiologie Appliquée et Biomolécules. University M'hamed Bougara Boumerdes, Algeria

E-mail: k.yahiaoui@univ-boumerdes.dz

La recherche de la nourriture a été une constante préoccupation pour l'homme car l'aliment est indispensable pour le maintien de la vie. Toutefois, l'alimentation ne doit pas être envisagée comme une entité isolée mais comme l'élément d'un ensemble incluant la production et les techniques agricoles, la qualité des produits, leur conservation et les circuits commerciaux. L'ensemble des agents, des services et des institutions en charge de la production, de la transformation, de la distribution, de l'accès, de la consommation et du stockage de la nourriture constitue le système alimentaire.

La crise sanitaire du COVID-19 a généré une crise économique et accentué une crise alimentaire et nutritionnelle et a révélé la fragilité des systèmes alimentaires existants. Selon la FAO (2021), le confinement inféré par la crise sanitaire mondiale a perturbé les

systèmes alimentaires et menacé l'accès des populations à la nourriture en raison de multiples dynamiques. Au début de l'épidémie de covid-19, la demande a fortement augmenté. La production et la demande varient d'un aliment de base à l'autre, ce qui a engendré une coupure des chaînes d'approvisionnement alimentaire et un ralentissement sévère de l'économie mondiale.

Actuellement, des chercheurs admettent qu'il est nécessaire d'élaborer de nouveaux systèmes alimentaires permettant de résilier à tous les niveaux en atténuant les graves répercussions que la ou les pandémie (s) pourrait avoir sur le consommateur, et permettant une alimentation saine et équilibrée dans le futur.

Mots clés : COVID-19, système alimentaire, consommateur, santé



Oral Communication 9

Covid-19 lockdown led to significant weight gain among Algerians

Farouk Boudou ^(1,2), **Amal Belakredar** ⁽³⁾, **Abdelkrim Berroukche** ⁽⁴⁾, **Messaouda Benhamza** ⁽²⁾, **Malika Bendahmane-Salmi** ⁽²⁾

1 Djillali Liabes University, Faculty of Life and Natural Science, Department of Biology, P.O. Box 89, Sidi-bel-Abbes 22000 Algeria

2 Research Laboratory of Environment and Health (RLEH), Faculty of Medicine, Sidi-Bel-Abbes, Algeria

3 Laboratory of Eco-Development of Spaces, Department of Environmental Sciences, Faculty of Natural Sciences and Life, University Djillali Liabes, Sidi-Bel-Abbes, BP 89, 22000 Sidi-Bel-Abbes - Algeria

4 Research Laboratory of Water Resources and Environment, Biology Department, Faculty of Science, Tahar-Moulay University of Saida, Algeria

E.mail: farouk.boudou@yahoo.fr

The objective of the study was to assess the potential influence of lifestyle changes during the first month of COVID-19 lockdown on body weight gains (WG) in an Algerian population cohort. A sample survey using self-administered questionnaire was used to solicit data from 172 randomly selected participant over social networks. The recorded anthropometric (body) measurements in relation to lifestyle factors include physical activity, diet habits, sleep, and screen time. The study result reveals an over-all weight gain for men and women within the sampled population as shown in Δ -BMI (body mass index difference before and after one month of lockdown period) for the total sample, men and women respectively. Significantly, a positive correlation

exists between body WG and amount of meals/day in men ($r=0,341$, $p=0,012$), while for women there was a positive correlation between WG change and both food intake ($r=0.170$, $p=0.066$) and nighttime snacking ($r=0,228$, $p=0,013$). Furthermore, a negative correlation between WG and sport practicing was found in women ($r = -0.221$, $p=0.016$). The research therefore concluded that significant WG was found during a short Covid-19 lockdown. The WG results presented herein were positively associated with certain lifestyle variables during the Covid-19 lockdown.

Mots clés: Algerian population, BMI, COVID-19, lifestyle changes, lockdown, weight gain.



Oral Communication 10

La place de la phytothérapie dans la prévention de l'infection par le covid-19

Chaima MOKHTARI^a, Meriem GHOUL^a, Amal HELALI^a, Mohammed Said BELHADEF^a, Mustapha Kamel Dali Yahia^a

*,Laboratoire de Pharmacognosie, Département de Pharmacie- UNIVERSITÉ ABOU BEKR BELKAID- TLEMCEM
 E-mail: chaimapharmavie2017@hotmail.com*

Introduction : Avec la propagation rapide de l'infection à Coronavirus en Algérie comme dans le monde entier, la prévention reste l'une des meilleures mesures à prendre. Le recours aux remèdes naturels peut également constituer une solution alternative pour renforcer l'immunité, lutter et prévenir cette maladie. L'objectif de ce travail est de recenser et d'évaluer la fréquence d'utilisation des plantes médicinales par la population algérienne au cours de cette nouvelle pandémie.

Méthodes : Il s'agit d'une enquête déclarative par questionnaire comportant deux parties : la première concerne l'informateur et la deuxième concerne les plantes utilisées.

Résultats : Un total de 206 personnes originaires des quatre coins de l'Algérie a participé à cette étude, ce qui a permis de recenser 57 plantes utilisées pour désinfecter l'air et soulager certains symptômes pouvant être liés aux infections respiratoires ou même au Coronavirus.

Conclusion : L'usage des plantes médicinales est largement répandu en Algérie, ces plantes doivent faire l'objet d'études phytochimiques et pharmacologiques approfondies afin d'évaluer leur efficacité contre le Coronavirus.

MOTS CLÉS : COVID -19, Prévention, Plantes médicinales, Algérie.

Oral Communication 11

A molecular modeling approach to identify effective antiviral FDA approved drugs against COVID-19 main protease

Tachoua Wafa⁽¹⁾, Kabrine Mohamed⁽²⁾, Mamona Mushtaq⁽³⁾, Zaheer Ul-Haq⁽⁴⁾*

(1)Nature and Life Sciences department, Benyoucef Benkhedda University, Didouche Mourad, 16000, Algiers, Algeria



(2) *Faculty of Biological Sciences, Cellular and Molecular Biology, University of Science and Technology Houari Boumediene, BP 32, El Alia Bab Ezzouar, 16111, Algiers, Algeria*

(3,4) *Dr. Panjwani Center for Molecular Medicine and Drug Research, ICCBS, University of Karachi, Karachi-75210, Pakistan.*

E-mail: wtachoua@yahoo.fr

A novel strain of coronavirus, namely, SARS-CoV-2 identified in Wuhan city of China in December 2019, continues to spread causing a global pandemic. This situation prompted us to perform *in silico* studies on the COVID-19 main protease named M^{pro} with eight approved drugs belonging to four pharmacological classes such as: anti-malarial, anti-bacterial, anti-infective and anti-histamine to find out the best candidates which can act as potent inhibitors against M^{pro}.

The reported three dimensional structure of the target M^{pro} (6LU7) was utilized in this study. Molecular docking was performed using SwissDock to determine the binding affinities and the interactions between the selected drugs and the main protease. Docking result was analyzed by Pymol and Chimera tools. Among the eight studied compounds, Lyme cycline and Mizolastine appear as potential inhibitors of this protease. When docked against M^{pro} crystal structure, these two compounds revealed a minimum binding energy of -8.87 and -8.71

kcal/mol with 168 and 256 binding modes detected in the binding substrate pocket, respectively. Further, to validate the docking interactions and to study the conformational dynamics of protein-ligand complexes, 120 ns molecular dynamic (MD) simulation and MM/PBSA binding free calculations were performed. Our results showed that both Lyme cycline and Mizolastine bind in the active site. And exhibited good binding affinities towards target protein. Moreover, the ADMET analysis demonstrates that these two candidates appear to be safer inhibitors. Considering, the severity of the spread of coronavirus, our molecular and computational study is in-line with the concept of finding new inhibitors against the vital pathway of the SARS-CoV-2 virus to expedite the process of drug discovery.

Key words: COVID-19 Main Protease, SwissDock, Approved Drugs, Binding Free Energy, MD Simulation, ADMET.



Oral Communication 12

Inhibition of SARS-CoV-2 by natural compounds: in silico structure-activity relationship study

Bekkal Brikci S¹, Abdelli I^{2,3}, Hassani F¹, Bereksi Reguig M¹

1: Ecology and Management of Natural Ecosystems Laboratory, Department of Ecology and Environment-Faculty SNV-STU- University- Tlemcen-Algeria

2: Higher School of Applied Sciences- Tlemcen-Algeria

3: Laboratory of Natural and bio-actives Substances, Faculty of Science- University- Tlemcen -Algeria

Email: sohaybtlemcen@gmail.com

Barbary thuja (*Tetraclinis articulata*), is an aromatic species that is essentially confined to the western Mediterranean region. It plays an important socioeconomic role in North Africa; it constitutes a pasture land for livestock and provides products for domestic use, and it is widely used in traditional medicine for its multiple therapeutic virtues. The Essential oils (EOs) extracted from medicinal plants gained interest in research due to their potential effectiveness as antimicrobial compounds that can substitute chemical drugs for treatment of different diseases. This study aims to use natural compounds extracted from medicinal plants to block the activity of the SARS-CoV-2. Our study reveals that some natural compounds extracted from *Tetraclinis articulata* give the best molecular docking scores, compared to the co-crystallized inhibitor of SARS-CoV-2 protein, to Chloroquine, and Hydroxychloroquine antiviral drugs also involved in other mechanisms as inhibition of protein cellular receptor. This study revealed for the first time that the components of *Tetraclinis*

articulata essential oils can be used as potential inhibitors of SARS-CoV-2.

Keywords: Essential oils, *Tetraclinis articulata*, SARS-CoV-2, Molecular docking

native R85 or the mutated W85 and the surrounding residues were studied using Accelrys Discovery Studio Visualizer software. *In silico* analysis conducted through SIFT, PolyPhen-2, PROVEAN, MutationTaster2 and SNAP2 softwares, predict a strong effect of R85W mutation occurred in the glucokinase. This effect is evident on protein function as well as on the high scores disease occurrence. R85W, predicted as destabilizing mutation, seems to alter Glucokinase stability. Overall, our results corroborate with the previous metabolic study which associates R85W mutation to the MODY phenotype. However, functional study is needed to highlight altered enzyme's parameters resulting from detected mutation.

Key words: *In silico*, GCK-MODY, glucokinase, R85W mutation, conservation, stability.



Oral Communication 13

Molecular Docking and Dynamic Simulation analysis shows Thymol effective inhibition activity against Cys145-His41 Catalytic dyad of SARS-CoV2 Main Protease

¹Amel Elbasyouni* and L. Saadi^{1,2}

¹Cell and Molecular Biology Laboratory, Department of Cell Biology and Physiology, SNV Faculty, Blida 1 University - Algeria

²Animal Ecobiology Laboratory, Higher Normal School, Kouba, Algiers

E-mail: elbasyouni.amel@hotmail.com

Objective: The SARS-CoV2 main protease is a flip-flop dimer responsible of the polyproteins autocleavage and the maturation of COVID-19 virion due to two functional Cys145–His41 catalytic dyad subunit. The importance of main protease in the virus life cycle and the absence of closely related homologues in humans pose the enzyme as ideal targets for the production of rational SARS-CoV2 drug design strategies. In this study, we aimed to reveal thymol inhibition activity against covid-19 main protease through molecular docking process and Molecular dynamic simulation study.

Methods: We retrieved the crystallographic structure of the enzyme from PDB database (ID:6XB2). We purified it and prepared it for molecular docking using Chimera software. In the same time, we retrieved Thymol secondary structure from PubChem database (ID:6989). We minimized ligand energy, added hydrogen and charges. After performing the molecular docking process, the best pose was chosen and we visualize the complex structure using Discovery Studio in order to display

intermolecular interaction. In addition, the complex was further simulated with 5000 step number and 1fs for time step.

Results: Molecular docking yielded 10 highest score of enzyme-Thymol conformations. The conformation shows a score of -4.1 and zero Root Mean Square Deviation value shosen. Thymol display one conventional hydrogen bond with Glycine A: 143, Pi-Sigma bond with Histidine A: 41 and Pi-Sulfur bond with Cysteine A: 145. Thymol show also an Alkyl and Pi-Alkyl interaction with Cysteine A: 145 and Histidine A: 163, respectively. Moreover, no fluctuation was recorded until the end of simulation time.

Conclusion: Taken together, we successfully identified Thymol as an attractive, safe, stable and effective inhibitor for antiviral drug design against Cys145-His41 Catalytic dyad of SARS-CoV2 Main Protease.

Keywords: Thymol, SARS-CoV2, Main protease, Catalytic dyad, molecular docking, Dynamic simulation, Drug design.



Poster Code: P1

Études moléculaires de Covid-19.

Derouiche Louiza

Ecole Supérieure des Sciences de l'Aliment & des Industries Agroalimentaires (ESSAIA), Alger.

E-mail : derouiche_fatma@yahoo.fr

Parmi les évènements qui marquent et même bouleversent la planète au cours de ce siècle la pandémie du coronavirus, affectant jusqu'à ce jour plus de 115.740.910 personnes et mettant fin à la vie de au moins 2.571.604 de personnes à travers le monde ainsi que son impact sur l'économie mondiale. Pour mettre fin à cette pandémie, l'humanité a mis à la disposition des scientifiques des budgets énormes ainsi que des matériaux scientifiques très poussés entre autres les outils de bioinformatique afin de traiter et analyser le torrent d'informations fourni, à chaque instant, de différents laboratoires de recherche scientifique. Parmi les informations fournies sur ce ravageur des vies humaines nous avons des données sur sa structure moléculaire ; sachant que le coronavirus (exprimé cliniquement par un syndrome de détresse respiratoire aiguë (SDRA)) fait partie de la famille Coronaviridae, organisé en 2 sous-

familles, 5 genres, 26 sous-genres et une quarantaine d'espèces. Une famille représentée par plus de 75668 séquences d'ADN qui code pour plus de 491415 protéines ; le virus en question fait partie de la sous-famille Orthocoronavirinae et au genre Betacoronavirus à qui est réservé plus de 48372 séquences d'ADN codants pour plusieurs marqueurs moléculaires de 450021 protéines (Ex : gène RdRP, gène E et gène N utilisé dans la PCR de diagnostic de certitude de l'attente par le Covid-19). Afin de suivre le développement de ce virus, les séquences d'ADN analysées sont extraites non seulement des souches qui ont infecté l'homme mais de plusieurs espèces entre autres : chauves-souris, hérisson, chameaux.

Mot-clés : Covid-19, ADN, marqueurs moléculaires, gène.



Poster Code: P2

Diagnostic moléculaire de la Covid-19 grâce à la détection du virus SARS-COV2 par RT-PCR et comparaison avec les tests antigéniques

Hadjloul Salima⁽¹⁾, *Messaoudi Khawla*⁽¹⁾ et *Mahiddine Leila*^{(1)*}

⁽¹⁾ *Master II Génétique, Département de Biologie, Faculté des Sciences, Université M'hamed Bougara, Boumerdes.*

E-mail : *mahiddineleila@hotmail.fr*

La pandémie de la COVID-19 est une maladie infectieuse émergente à l'origine d'une crise sanitaire mondiale. Elle est provoquée par le nouveau coronavirus SARS-CoV-2 du genre *betacoronavirus*, apparue en Chine en 2019 avant de se propager dans le monde. Le génome du coronavirus est constitué d'un ARN simple-brin de 30 Kb soit 29903 nucléotides et 11 gènes. Les manifestations cliniques de cette infection peuvent varier du simple rhume jusqu'au syndrome respiratoire aigu sévère. Cette crise sanitaire mondiale présente un défi majeur en matière de diagnostic. En effet, la détection rapide et spécifique de ce virus permet une bonne maîtrise de la pandémie. Plusieurs tests de dépistage ont été développés et sont utilisés pendant la phase précoce de l'infection. En l'occurrence la RT-PCR (Réaction de transcription inverse combinée à la polymérisation en chaîne en temps réel) qui cible le gène E ou RdRp pour l'identification de l'ARN du SARS-CoV-2 ainsi que le test de

ELISA ou autres méthodes immuno-chromatographiques suite à un prélèvement nasopharyngé. Bien que la spécificité de la RT-PCR dans le diagnostic de la COVID soit élevée, sa sensibilité dépend de la charge virale, de la qualité de l'échantillon et du moment de son prélèvement. Cette analyse moléculaire vient toutefois en complément à d'autres investigations. Pour les tests antigéniques, ils sont moins sensibles que la RT-PCR. Mais vu leur rapidité et leur coût relativement peu onéreux, ils pourraient être intéressants pour le dépistage de masse ou lors de situations d'urgence. Quant aux tests sérologiques, ce sont des indicateurs de la prévalence du SARS-CoV-2 et de l'immunité collective. Ils permettent de définir la cinétique des anticorps. Des études évaluant la concordance entre tous ces tests seraient nécessaires à ce stade de la pandémie.

Mots clés : Coronavirus, SARS-CoV-2, Pandémie, RT-PCR, Tests antigénique.



Poster Code: P3

Etude épidémiologique du SARS-CoV-2 et malades atteints de maladies chroniques (CHU Mustafa Bacha)

Brahmi Fairouz*, Brahmi Imen

*Laboratoire de recherche: Bioinformatique, Université de Tizi-Ouzou, Algérie.

Email :braha.f@hotmail.fr

Laboratoire de Biotechnologie Microbienne.

Laboratoire de Microbiologie appliquée, CHU MUSTAFA BACHA

E-mail : braha.f@hotmail.fr

Plusieurs études nationales et internationales ont montré qu'ils existent plusieurs facteurs de risque de forme grave du SARS-CoV-2 à considérer l'âge comme le facteur le plus fortement associé au risque d'hospitalisation ou de décès. Si le rôle du sexe masculin est établi dans une moindre mesure et reste à documenter, il convient toutefois de souligner que les femmes n'échappent pas aux hospitalisations, aux admissions en soins intensifs ni aux décès associés à la Covid-19.

En outre, les comorbidités identifiées à ce stade comme à risque avéré d'hospitalisations ou de décès sont : L'obésité (IMC >30), la BPCO et l'insuffisance respiratoire, l'hypertension artérielle compliquée, l'insuffisance cardiaque, le diabète (de type 1 et de type 2), l'insuffisance rénale chronique, les cancers et maladies hématologiques malignes actifs et de moins de 3 ans et la trisomie 21. Il est à noter

que toutes n'ont cependant pas le même poids. Le cumul de ces comorbidités est également à risque. Une étude qui a été faite au niveau du CHU MUSTAFA sur 100 patients atteints du SARS-CoV-2 dont la moyenne d'âge est de 52 ans entre le 17 mars et 17 avril 2020 a montré que 47 malades atteints de maladies chroniques ont été hospitalisés à cause de certaines complications alors que les autres (53 malades) ont pris un traitement avec des visites médicales régulières.

L'étude a aussi confirmée que les hommes sont plus à risque que les femmes néanmoins, les personnes les plus âgées sont les plus fragiles face au Covid.



Poster Code: P4

Répartition du Covid-19 en fonction des maladies chroniques Et le taux de saturation en oxygène

Touaïbia Sarra ^{*(1)}, **Amoura Kamel** ⁽²⁾, **Benzaid Chahrazad** ⁽³⁾, **Aidaoui Mekki** ⁽⁴⁾, **Boukhris Nadia** ⁽⁵⁾

⁽¹⁾ ¹ Université Badji Mokhtar, Faculté des Sciences, Laboratoire des Préparations pharmaceutiques hospitalières, Annaba, (Algérie)

⁽²⁾ ¹ Université Badji Mokhtar, Faculté des Sciences, Laboratoire des Préparations pharmaceutiques hospitalière, Annaba, (Algérie)

⁽³⁾ ¹ Université Badji Mokhtar, Faculté des Sciences, Laboratoire de Biochimie et de Microbiologie Appliquée, Annaba, (Algérie)

⁽⁴⁾⁽⁵⁾ Hôpital Ibn Rochd – Annaba, (Algérie).

E-mail: touaibiasarah23@gmail.com

Contexte: Plus de 3,3 millions de personnes dans le monde ont été infectées Par le coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2) au 1er mai 2020. Bien que la plupart des cas de COVID-19 soient bénins, la maladie peut être grave et entraîner une hospitalisation, une insuffisance respiratoire ou la mort. A côté du facteur d'âge la présence de certaines maladies chroniques augmente le risque de présenter une forme grave à l'infection par le covid-19 et provoque une désaturation en taux d'oxygène qui nécessite une hospitalisation. Le but de ce travail est d'étudier la répartition du covid-19 selon les maladies chroniques et le taux de saturation en oxygène. Il s'agit d'une étude rétrospective sur 20 cas de malades atteints du covid-19 hospitalisés au niveau des services d'infectiologie et médecine interne.

Résultats: Les résultats montrent que l'âge moyen des patients est 64.05 ans. De plus,

l'analyse statistique des données relatives aux maladies chroniques nous fait constater que 20% des malades représentent un diabète de type 2, 15% représentent une hypertension artérielle, 10% représentent une pathologie respiratoire et 5% représentent un cancer. En revanche 25% des cas représentent 2 maladies chroniques et 25% des cas représentent une pathologie cardiovasculaire associée à 2 maladies chroniques. Les résultats montrent aussi une saturation en oxygène normale présentée par 4 cas, une insuffisance respiratoire chez 3 cas et une désaturation en oxygène chez 14 cas.

Conclusion: En conclusion, la présence de certaines pathologies chroniques est un facteur de risque de développement de formes graves du covid-19

Mots clés : Covid-19, Maladies chroniques, taux de saturation en oxygène.



Poster Code: P5

COVID-19 in people with chronic diseases: understanding the reasons for worse outcomes

HEMIDI Khaoula^{1*} DEHIMAT Abdelouahab¹

(1): Département des Sciences de la Nature et de la Vie, Faculté des Sciences exactes et des Sciences de la Nature et de la Vie, Université de Biskra, Biskra 07000, Algérie.

E-mail: khaoulahemidi13@gmail.com

Background: The COVID-19 virus has reached a 20% death rate amongst chronically ill people; it has been proved that they are predisposed to hospitalization.

But the works published lack regarding the risk and impact of the SARS-CoV-2.

Objective: This study aims to assess the statistical data of the outcomes of related chronic diseases to SRAS-COVID 19 infection.

Methods: Through recently published papers, the association of COVID-19 and chronic diseases (cardiovascular disease (CVD), chronic liver disease (CLD), diabetes type 2, and hypertension fatal outcomes) in patients with COVID-19 was evaluated to understand and interpret the relationship between COVID-19 and those diseases.

Results: Among 187 patients with confirmed COVID-19, 43 patients (23%) died. With mortality levels of 69.44% for those with underlying CVD and elevated troponin T levels [1]. The acute cardiac injury occurs in 8-12% of patients and is the most commonly reported cardiac abnormality in COVID-19 [2]. Among patients with COVID-19, >7% of patients experience myocardial injury from the infection [3]. Chronic Liver disease: the strongest effect

was observed in patients with chronic non-alcoholic liver disease, followed by chronic hepatitis C [4]. For Diabetes, negative outcomes during COVID-19 have been reported in two clinical cases of diabetic ketoacidosis and hyperglycaemic hyperosmolar syndrome. In one analysis, ketosis occurred in 6,4% of patients with COVID-19 and its prevalence rose to 11,6% in patients with COVID-19 with diabetes, resulting in a high mortality rate (33,3%) [5]. Hence, these different studies found that the association between the renin-angiotensin-aldosterone system's (RAAS) master regulator ACE2 and susceptibility to COVID19 has disadvantages such as uncontrolled hypertension and cardiac function deterioration [6]. Pre-existing cardiovascular disease increases the risk of death in patients with COVID-19, whereas COVID-19 itself can also induce myocardial injury, arrhythmia and acute coronary syndrome [7]. Binding with ACE2 receptors that are also expressed in pancreatic tissue's β -cells induces an acute loss of insulin secretory capacity which could lead to rapid metabolic deterioration with the development of diabetic ketoacidosis [5].

Conclusion: The presence of preexisting chronic diseases makes the patient not only more



susceptible to die after infection but also at higher risk of catching the virus than other healthy individuals.

Keywords: COVID-19, Chronic diseases, Chronic liver disease, Cardiovascular disease, Diabetes, Hypertension.

References:

- [1]: T. Guo, Y. Fan, M. Chen, X. Wu, L. Zhang, T. He, H. Wang, J. Wan, X. Wang, Z. Lu, Cardiovascular Implications of Fatal Outcomes of Patients With Coronavirus Disease 2019 (COVID-19). *JAMA cardiology* 5(7) (2020), 811-818.
- [2]: M. Bansal, Cardiovascular disease and COVID-19. *Diabetes & Metabolic Syndrome: Clinical Research & Reviews* 14 (2020), 247-250.
- [3]: K. Clerkin, J. Fried, J. Raikhelkar, G. Sayer, J. Griffin, A. Masoumi, S. Jain, D. Burkhoff, D. Kumaraiah, L. Rabbani, L. Schwartz, N. Uriel, COVID-19 and Cardiovascular Disease. *Circulation* 141 (2020), 1648–1655.
- [4]: Q. Wang, P. Davis, R. Xu, COVID-19 risk, disparities and outcomes in patients with chronic liver disease in the United States. *EClinicalMedicine* 31, (2021), 100688.
- [5]: M. Apicella, M. Campopiano, M. Mantuano, L. Mazoni, A. Coppelli, S. Del Prato, COVID-19 in people with diabetes: understanding the reasons for worse outcomes. *Lancet Diabetes Endocrinol* 8 (2020), 782–92.
- [6]: M. Tadic, C. Cuspidi, G. Mancia, , R. Dell’Oro, G. Grassi, COVID-19, hypertension and cardiovascular diseases: Should we change the therapy. *Pharmacological Research* 158 (2020), 1043-6618.
- [7]: M. Nishiga, D. Wang, Y. Han, D. Lewis, J. Wu, COVID-19 and cardiovascular disease: from basic mechanisms to clinical perspectives. *Nature Reviews Cardiology* 17(9) (2020), 543-558.



Poster Code: P6

La Covid-19 chez les adolescents : enquête socio-démographique et expérience avec la maladie.

BENAKLI Yasmina⁽¹⁾ et HOUALI Karim⁽²⁾

(1) : Laboratoire de biochimie analytique de biotechnologie (LABAB) université Mouloud Mammeri Tizi Ouzou (UMMTO), Doctorante.

(2) : Laboratoire de biochimie analytique de biotechnologie (LABAB) université Mouloud Mammeri Tizi Ouzou (UMMTO), Grade : Professeur, enseignant à l'UMMTO.

E-mail : benakli.yasmina@yahoo.com

Résumé

Comparativement aux adultes, les jeunes de moins de 18 ans semblaient peu touchés par la COVID-19, cependant depuis peu, un portrait différent de la maladie est observé. Nous avons porté un intérêt particulier à cette tranche d'âge, allant de 14 ans à 18 ans, le but de cette enquête exploratrice était d'arriver à réaliser une analyse qualitative/quantitative du vécu des adolescents durant leur expérience avec la pandémie de Covid-19, notamment la description de la symptomatologie. Notre enquête étalée sur 3 mois dans la région de Boghni, TiziOuzou, chevauchant avec la rentrée scolaire, a été réalisée par entretien direct avec cette population juvénile, qui ont répondu

à un questionnaire (données socio-démographique / expérience et gestion de la maladie). Les répondants étaient de 25 sur 73, tous ont vécu la maladie, sans forme aggravée, une symptomatologie assez commune et semblant comparable à celle des adultes, qui partagent leurs quotidiens, soulignant des structures de foyers différentes. Cependant, des incertitudes demeurent sur leur contribution dans la transmission du virus, d'autant plus que pour la plupart des répondants, les symptômes observés ont été les seuls témoins de leur infection au corona virus.

Mots clés : adolescents, Covid-19, symptomatologie.



Poster Code: P7

COVID-19 et Microbiote oral

AIT IFTENE.L,⁽¹⁾ *LATTAFLI.*,⁽²⁾

⁽¹⁾ *service de pathologie et chirurgie buccale*

⁽²⁾ *CHU Beni Messous.*

E-mail : aitiftenelouiza@hotmail.com

La cavité orale comprend sur le plan microbiologique une diversité d'espèces bactériennes qui peuvent être retrouvés également dans l'intestin et le poumon. Les agents pathogènes liés aux parodontopathies et à une mauvaise hygiène bucco-dentaire ont été impliqués dans le développement de l'inflammation intestinale ainsi que dans les maladies respiratoires telles que la pneumonie.

Par ailleurs, les études sur des patients infectés par le coronavirus ont révélé la présence de parodontopathies et un indice cariogène élevé, mettant en évidence un lien entre le microbiome oral et les complications du COVID19.

Il est donc essentiel de garder une bonne hygiène bucco-dentaire pour contrôler la charge bactérienne totale en bouche, maintenir ou rétablir l'équilibre symbiotique oral et empêcher la dissémination des bactéries buccales vers d'autres sites du corps. Nous exposons dans ce travail, les rapports existant entre COVID-19 et microbiote oral et l'impact sur la maladie ainsi que les mesures préventives possibles.

Mots clés : COVID-19, microbiote orale, pneumonie, parodontopathies.

Poster Code: P8

Analyse et corrélation du SARS-COV-2 à Annaba

*Saadene yasmine**⁽¹⁾, *Mesbahi Amina*⁽²⁾, *Kimour Tahar*⁽³⁾

⁽¹⁾ ⁽²⁾ ⁽³⁾ *Université Badji Mokhtar – Annaba-*

E-mail : yassminesaadane@gmail.com

Les changements climatiques sont la question déterminante de notre époque et nous sommes à un moment décisif de l'évolution des conditions météorologiques, qui ont des effets sur notre

santé. Actuellement le monde est confronté aux défis d'une pandémie appelée maladie à coronavirus (COVID-19) causée par une souche mutée de coronavirus préexistants (WHO).



Notre étude a pour but d'examiné des données épidémiologiques (SARS-COV-2) et d'observations climatiques sur une période de dix mois au niveau de la wilaya de Annaba (EST), Nous cherchons à étudier les relations significatives entre les cas d'une maladie transmissible tell que le Covid-19 et les principaux facteurs climatiques comme la température moyenne, l'humidité. L'étude statistique est basée sur le coefficient de Pearson pour les valeurs a distribution normale et les coefficient de Spearman pour les autres valeurs.

Résultat et Conclusion : L'études c'est basée sur la corrélation entre ces facteurs épidémiologiques (nouveaux cas, cas cumulés, nouveaux décès et décès cumulés ainsi que le taux d'incidence de cette maladie) et ces

facteurs climatiques (température, humidité, précipitation et vitesse du vent.)

Les résultats obtenues démontrent une relation direct entre le COVID-19 et la haute temperature ainsi que les précipitation ou l'humidité.

Notre étude est la première de ce genre ici en Algérie, elle montre d'une manière explicite la relation entre les facteurs environnementaux et l'émergence et la propagation de certaines maladies, toutes fois elle reste beaucoup négliger de la part de notre organisme de santé, bien que au contraire il faut absolument intégrer ce genre d'études pour prévenir et gérer ce genre de pandémies.

Mots Clés : Changements climatiques, maladies transmissibles, santé, réchauffement planétaire , émergence, covid-19.

Poster Code: P9

Traitement du COVID-19 par le Tocilizumab

RABIA Khedidja*(1), SLIMANI Hayat (1), BELDJOUDI Mona Féryale (1)

(1) Département de Pharmacie, Faculté de Médecine, Université Mostefa Benboulaïd (Batna 2)

E-mail : r.khedidja@univ-batna2.dz

Depuis que le premier cas d'infection par le coronavirus respiratoire aigu sévère 2 (SRAS-CoV-2) a été identifié à la fin de 2019, la maladie coronavirus 2019 (COVID-19) est devenue une énorme menace pour la santé mondiale.

Le spectre complet des manifestations cliniques de COVID-19 va du transport asymptomatique et des maladies respiratoires aiguës légères, à la

pneumonie grave et même au syndrome aigu de détresse respiratoire (ARDS : Acute respiratory distress syndrome).

COVID-19 est une nouvelle maladie infectieuse émergente associée à une pathogénie compliquée ; cependant, le syndrome de libération de cytokines (CRS : Cytokine Release Syndrome) joue un rôle pathogène crucial. Bien que beaucoup de cytokines soient impliquées



dans CRS, l'interleukine-6 (IL-6) est le plus important. Des agents anti-IL-6 ont été proposés comme traitement prometteur pour COVID-19. Le Tocilizumab est un anticorps monoclonal humanisé qui peut cibler à la fois les formes liées à la membrane et solubles du récepteur IL-6. Il est utilisé pour son action immunosuppressive dans le traitement de la polyarthrite rhumatoïde (PAR). Plusieurs études ont évalué son efficacité dans le traitement du COVID-19 sévère compliqué par

le syndrome aigu de détresse respiratoire et le syndrome hyperinflammatoire.

L'utilisation de Tocilizumab a montré une réponse rapide et soutenue et a également été associée à une amélioration clinique significative.

Mots-clés : COVID-19, Tocilizumab, Interleukine-6, ARDS, CRS.

Poster Code: P10

Vaccination contre la COVID-19 chez les patients atteints de diabète sucré

Nesrine LENCHI-IZOUINE ^{(1) (2)}, **Souad KHEMILI-TALBI** ⁽²⁾⁽³⁾, **Salima GANA-KEBBOUCHE** ⁽²⁾⁽³⁾, **Siham AKMOUSSI-TOUMI** ⁽²⁾⁽³⁾

¹⁾ Département des Sciences de la nature et de la vie, Faculté des sciences, Université Ben Youcef Benkhedda, Algiers-Algeria

²⁾ Laboratoire de Bioinformatique, Microbiologie Appliquée et Biomolécules, Faculté des Sciences, Université M'Hamed Bougara, Avenue de l'indépendance Boumerdes 35000, Algeria.

³⁾ Département de Biologie, Faculté des Sciences, Université M'Hamed Bougara, Avenue de l'indépendance Boumerdes 35000, Algeria.

Email : n.lenchi@univ-alger.dz / nesrine.lenchi@hotmail.fr

La nouvelle maladie à coronavirus (COVID-19) a affecté plus de 100 millions de personnes et causé plus de 2 millions de décès dans le monde. Plusieurs études récentes ont montré que les patients atteints de diabète de type 2 et de diabète de type 1 ont une vulnérabilité accrue au COVID-19 par rapport aux personnes sans diabète. En effet, cette maladie virale tend à laisser présager un mauvais pronostic chez les patients atteints de diabète sucré. La prévention

primaire reste alors le pilier de l'atténuation des risques associés au COVID-19 chez ce type de patients. La vaccination en temps opportun est une étape importante de la prévention primaire. La vaccination contre la pneumonie à pneumocoque, la grippe et l'hépatite B est recommandée chez les patients atteints de diabète avec une bonne efficacité. Avec des données cliniques soutenant une réponse d'anticorps neutralisants efficaces chez les patients



diabétiques atteints de COVID-19, la vaccination de ces personnes est alors justifiée et doit être une priorité.

Ce début d'année 2021 marque le lancement des campagnes de vaccination contre la Covid-19 à travers le monde. Toutefois, on compte d'ores et déjà plus d'une dizaine de vaccins administrés. Cependant, de nouvelles recherches doivent être impérativement entreprises afin de déterminer le type

de vaccin à administrer, son efficacité, sa durabilité et sa fréquence d'administration chez les patients diabétiques. De plus, reste encore d'autres problèmes non encore résolus notamment la vaccination chez les enfants de moins de 18 ans ainsi que les femmes enceintes et allaitantes.

Mots clés : COVID-19, diabète, vaccins.

Poster Code: P11

Assessment the toxic effect of Fe₂O₃ nanoparticles on the physiological and energetic aspect

YAHYAOUI Amina¹, DJEBAR M^{ed} Réda¹, KHENE Lyes¹, BERREBBAH Houria¹.

¹Cellular Toxicology Laboratory (LTC), Badji Mokhtar University, Annaba –ALGERIA.

Email: amina.yahyaoui@yahoo.com

Nanoparticles are at the heart of the technologies used by several vaccines. Those that rely on developed messenger RNA and use lipid nanoparticles, RNA in lipid nanoparticles (fat) that allow it to be encapsulated and protected from destruction once in the body.

Nanomaterials see their properties evolve depending on their size of the nanoparticles they contain, so thanks to their very specific structural characteristics are used in the manufacture of plant protection products, drugs and textiles, especially in many fields, which suggests the possibilities for revolutionary technological advances. This work focuses

assessment the impact of Fe₂O₃ NPs on wheat: *Triticum aestivum* L. For that we followed development of seeds by monitoring physiological parameters cell turgor, membrane integrity, photosynthetic pigments at leaves as well as mitochondrial respiration in roots treated.

The results obtained illustrate a physiological disturbance elucidated by a decrease in turgor at the cellular level resulting in a very significant reduction in the fresh and dry biomass of the leaves treated, also a highly significant increase in the percentage of membrane integrity expressed by a high rate of electrolytic leakage



at the cellular level of the leaves treated at different concentrations of NPs compared to the controls. On the other hand the demonstration on disturbance of the energetic metabolism allows us to see fluctuations in the mitochondrial respiration on roots treated compared to the controls, more over a decrease in the content of photosynthetic pigments is recorded at the leaf level with the all of NPs concentrations tested.

Our results suggest the presence of oxidative stress due to the decrease in water transpiration and photosynthesis on leaves as well as a disturbance of the energy metabolism in roots, consequently leading to the release of free radicals at the cellular level.

Keywords: Oxidative stress, Nanoparticles, Virus.

Poster Code: P12

Nanoparticules des bactéries halophiles contre la Covid-19

SAYAH-SALMI Amna^{#1}, KHEMILI-TALBI Souad^{#2}, AKMOUSSI-TOUMI Sihem^{#2}, FERRIOUNE Imène^{#1}

^{1#} Laboratoire Valorisation et Conservation des Ressources Biologiques (VALCORE), Faculté des Sciences, Université M'Hamed Bougara de Boumerdes.

^{2#} Laboratoire Bioinformatique Microbiologie Appliquée et Biomolécule), Faculté des Sciences, Université M'Hamed Bougara de Boumerdes.

E-mail : a.sayah@univ-boumerdes.dz

Introduction : Dans le contexte actuel de crise sanitaire, les nanotechnologies recèlent un énorme potentiel pour combattre le virus de la Covid-19. Les nanoparticules métalliques synthétisées par les bactéries halophiles peuvent provoquer l'inactivation des microorganismes et des virus en endommageant potentiellement leurs composants tels que la membrane, les protéines et l'ADN/ARN. La virucité des nanoparticules dépend (i) de leurs propriétés physiques qui permettent la pénétration de la membrane et la liaison, (ii) des propriétés biomimétiques importantes pour se lier aux particules virales ou aux cellules hôtes et (iii)

aussi de leur stabilité assurée par les exopolysaccharides (EPS) secrétés par les bactéries halophiles. Les (EPS) possèdent de nombreuses propriétés importantes à la fois dans la réduction des ions métalliques et la stabilisation des nanoparticules.

Méthodologie : Cette étude consiste en l'isolement des bactéries résistantes aux métaux lourds (Ag, Cu, et Zn...ect) à partir de sebkhas et chotts dans le sud-est de l'Algérie et l'étude de leurs tolérances à ces métaux par un criblage sélectif en milieu SH à 15% de NaCl incorporé aux différentes concentrations des métaux



lourds. La formation des nanoparticules métalliques est mise en évidence par spectroscopie UV-Visible et par diffraction X-ray après lavage et centrifugation des cultures.

Résultats : Après l'incubation, la croissance bactérienne en milieu SH à 15% de NaCl est examinée et la présence ou pas des spectres de réflexion UV-Vis et les pics du diagramme identifiants les nanoparticules métalliques.

Conclusion : Les fortes teneurs en métaux lourds présentes dans les eaux salées polluées

sont très toxiques pour la vie. Cependant, certaines espèces microbiennes ont développé des mécanismes particuliers pour s'adapter au stress métallique. Parmi ces mécanismes, la production des EPS et la réduction des ions métalliques en nanoparticules métalliques qui peuvent aujourd'hui trouver des applications en nanotechnologie notamment contre le virus de la Covid-19.

Mots clés : Stress métallique, Bactéries halophiles, EPS, Nanoparticules métalliques, Covid-19.

Poster Code: P13

L'effet inhibiteur de quelques triterpénoïdes contre l'enzyme ACE2, récepteur du SRAS-Cov-2 : Etude *in silico*

BENSLAMA Ouided⁽¹⁾, **MANSOURI Nadjwa**⁽²⁾, **ARHAB Rabah**⁽³⁾

⁽¹⁾⁽²⁾⁽³⁾ Laboratoire des substances naturelles, biomolécules et applications biotechnologiques. Université Larbi Ben M'Hidi Oum El Bouaghi

E.mail : benslama.wided@hotmail.fr

Contexte : À l'heure actuelle, plus de 120 millions de cas d'infection par le SRAS-Cov-2 ont été diagnostiqués dans le monde. L'activité inhibitrice de la chloroquine contre le SRAS-Cov-2 a été démontrée par plusieurs études cliniques. Il a été démontré que la chloroquine interfère avec l'enzyme de conversion de l'angiotensine-2 (ACE2) qui est le récepteur cellulaire du SRAS-Cov, inhibant ainsi l'entrée du virus dans les cellules cibles. Mais, la chloroquine présente certains effets indésirables

comme des risques cardiaques. En raison de la gravité de l'infection au COVID-19 et de sa propagation rapide, il est essentiel de découvrir de nouvelles molécules thérapeutiquement efficaces contre le SRAS-Cov-2 et ayant moins d'effets indésirables que la chloroquine. Nous avons donc élaboré une étude *in silico* par docking moléculaire sur l'effet inhibiteur de quelques triterpénoïdes sur le SRAS-Cov-2.



Résultats : D'après les résultats obtenus à partir de l'amarrage moléculaire des sept molécules phytochimiques au sein de la poche catalytique du récepteur ACE2 et leur comparaison avec les résultats trouvés pour la molécule de référence co-cristallisée XX5 et la chloroquine, on a constaté que l'acide glycyrrhétic, l'acide ursolique, l'acide bétulinique et l'acide quinovique sont les triterpénoïdes les plus intéressants dans cette étude. Dans ce groupe de molécules, l'acide glycyrrhétic possède une énergie de liaison de -9,9 Kcal/mol, qui est inférieure à celle de la molécule de référence et à celle de la chloroquine. Ce ligand a également montré un nombre d'interactions (12) proche de celui de la molécule de référence et supérieur à celui de la chloroquine. D'un autre côté, l'acide

glycyrrhétic a donné de résultats satisfaisants en ce qui concerne l'ADMAT et les propriétés pharmacocinétiques. La molécule a vérifié la majorité des règles étudiées, elle a vérifié le critère de biodisponibilité et de solubilité et ne présente pas de risque de cardio ou d'hépatotoxicité.

Conclusion : Avec ses propriétés favorables, l'acide glycyrrhétic, peut être considéré comme un inhibiteur efficace du récepteur ACE2, et peut être qualifié de bon candidat médicamenteux dans le traitement contre le COVID-19.

Mots clés : SARS-Cov-2; COVID-19; ACE2; docking moléculaire; triterpénoïdes.

Poster Code: P14

Études *in silico* des interactions biomoléculaires entre le périllaldéhyde et la protéase principale du SRAS-CoV-2.

SADAOUI-SMADHI Nesrine ⁽¹⁾, KHEMILI-TALBI Souad ⁽¹⁾, TOUBAL Souheyla ⁽¹⁾, BENHABYLES Narimen ⁽²⁾, AKMOUSSI-TOUMI Sihem ⁽¹⁾, MOKHTARI Wafa ⁽²⁾⁽³⁾

¹ Laboratoire de Bioinformatique, Microbiologie Appliquée et Biomolécules (BMAB), Université M'Hamed Bougara de Boumerdès, Avenue de l'indépendance, Boumerdès 35 000, Algérie.

² Laboratoire VALCORE, Université M'Hamed Bougara, avenue de l'indépendance Boumerdes 35000, Algeria

³ Unité Computational Biology and Bioinformatics (service 3BIO, EPB), Université libre de Bruxelles, CP 165/61, avenue F. Roosevelt 50, 1050 Bruxelles, Belgium

E-mail : n.sadaoui@univ-boumerdes.dz

La propagation mondiale rapide du SRAS-CoV-2, l'agent causal du COVID-19, a déclenché les alarmes des systèmes de santé du monde entier, la situation est exacerbée car aucun traitement

efficace n'est disponible à ce jour. Une stratégie thérapeutique consiste à arrêter la réplication du virus en inhibant la protéase principale du SRAS-CoV-2, une enzyme importante dans le



traitement des polyprotéines à partir de l'ARN viral. En appliquant des techniques telles que le criblage virtuel et l'amarrage moléculaire, notre étude a évalué les interactions biomoléculaires générées entre une la structure du perillaldehyde, composé majoritaire de l'huile essentielle de la plante *Ammodaucus leucotrichus* et du principal site actif de protéase. Grâce à des filtres

d'amarrage successifs, nous avons identifié la molécule perillaldehyde testé a un faible profil d'affinité pour l'enzyme.

Mots clés : SARS-COV-2, perillaldehyde, *A.leucotrichus*, covid-19 et docking moléculaire

Poster Code: P15

Amentoflavone as potential bioactive inhibitor of SARS-CoV-2 nsp13 helicase An *in silico* study

Chaouche Tarik Mohammed ⁽¹⁾, **CHERRAK Sabri Ahmed** ^(b), **Haddouchi Farah** ^(a).

⁽¹⁾ Natural Products Laboratory, Department of Biology, Aboubekr Belkaïd University, B.P 119, Tlemcen 13000, Algeria

⁽²⁾ Laboratory of Physiology, Pathophysiology and Biochemistry of Nutrition, Department of Biology, Aboubekr Belkaïd University, B.P 119, Tlemcen 13000, Algeria

E-mail : tarikmohammed.chaouche@univ-tlemcen.dz

Background and Aims: Phenolic compounds are bioactive molecules exhibiting a lot of scientific attention due to their multiple biological activities, especially the antiviral activity, which makes them interesting to investigate molecules to test as inhibitors of the SARS-CoV-2 virus life cycle. In this perspective, testing natural products as inhibitors of the nsp13 helicase is a good approach. HPLC-DAD-ESI-MSn analysis of needle methanolic extract of *Juniperus oxycedrus* subsp. *Oxycedrus* led to the identification of 27 molecules, among them biflavones (Amentoflavone).

Methods: Amentoflavone structure was downloaded from PubChem and Nsp13 (6ZSL) was from the Protein Data Bank site. Molecular docking study was performed using AutoDock Vina.

Results: Amentoflavone showed a high binding affinity (-9,7 kcal/mol). Molecular dynamics simulation were further performed with GROMACS to evaluate the dynamic behavior and stability of protein-ligand contact.

Conclusion: *In silico* studies showed that Amentoflavone may be a good inhibitor for



SARS-CoV2 Nsp13 and could be further investigated by *in vitro* and *in vivo* experiments for further validation and is therefore a potential drug to limit the spread of Coronavirus.

Keywords: SARS-CoV2, Nsp13, Molecular docking, Amentoflavone, Molecular dynamics

Poster Code: P16

QSAR Modeling and Drug-Likeness filters applied in 1,3,5-triazine derivatives

N. Khelfa ⁽¹⁾, S. Belaidi ⁽²⁾

Group of Computational and pharmaceutical Chemistry, LMCE Laboratory, Department of chemistry, Faculty of sciences, University of Biskra, 07000, Biskra, Algeria

E-mail: khelfanedjla@gmail.com

This study is a fundamental and original research for discuss and predict the activity of a series of twenty-eight 1,3,5-triazine derivatives as **PFDFR** inhibitors that may be potential antimalarial agents .

Different calculation methods were used to carry out our work: PM3, ab initio / HF and DFT / B3LYP. These methods were used to determine the structural and electronic parameters associated with the studied molecules and the **DFT** method was the most appropriate to deepen our study .

Quantitative activity-structure relationship is among the most practical tool in computational chemistry. The fundamental idea of QSAR is the possibility of establishing relationship between a set of structural properties and a particular type of biological activity. The correlation between biological activities and expressed descriptors is the following:

$$\text{Log (1/IC50)} = -30.351 + 0.241 \log p - 0.049 \text{ ref} + 0.571 \text{ NRB} - 10.795 E_{\text{HOMO}} + 20.402 \text{ nN}=23 ;$$

$$\mathbf{R}^2 = 0.895 \quad ; \quad \mathbf{R} = 0.946 \quad ; \quad \mathbf{F} = 29,087; \quad \mathbf{p}\text{-value} < 10^{-4}$$

Then, a drug-likeness study of the structure-activity relationship was also performed for a bioactive series of 1,3,5-triazine derivatives using different **MPO** methods with the aim to select the lead compounds. Through the obtained results , all compounds satisfy the rules of Lipinski rules of the five and Veber, suggesting that these compounds theoretically have ideal oral bioavailability. These physicochemical parameters are associated with acceptable aqueous solubility and intestinal permeability that are the first steps in oral bioavailability.

Finally, in the present work, and by using this model, we have successfully determined qualitatively and quantitatively the necessary parameters needed to predict the studied



activities. From the present investigation it can be concluded that the model was found to be more efficient for its use in predicting the anti-Sarscov-2 of the compounds.

Keywords : 1,3,5-triazine , PfDHFR, DFT , QSAR , MPO, Sarscov-2.

Poster Code: P17

In-silico identification of potent inhibitors of COVID-19 main protease (M^{pro}) from natural products

Sekiou Omar^{1,*}, **Ismail Bouziane**², **Frissou Nadjat**¹, **Zihad Bouzlama**¹, **Honcharova Olena**³, **Abdelhak Djemel**¹, **Aissa Ben Selhoub**¹

¹Environmental Research Center (C.R.E), Campus, Sidi Amar, Annaba 23001; Algeria.

²Laboratory Result Center LLC. Kansas, United States of America.

³Kherson State Agrarian and Economic University, Ukraine

*Corresponding author: **Dr. Sekiou Omar**

E-mail: sekiouomar@yahoo.fr; omar.sekiou@univ-annaba.org

COVID-19 is rapidly spreading and there are currently no specific clinical treatments available. The absence of an immediate available vaccine against SARS-CoV-2 made it hard for health professionals to tackle the problem. Thus, the need of ready to use prescription drugs or herbal remedies is urgent. SARS-CoV-2 main protease (M^{pro}) protein structure are made available to facilitate finding solutions to the present problem. In this brief research, we compare the efficacy of some natural compounds against COVID-19 M^{pro} to that of Hydroxy-Chloroquine *in silico*. Molecular docking investigations were carried out using AutoDock. Virtual screening was performed using AutoDock Vina and the best ligand / protein mode was identified based on

the binding energy. Amino Acids residues of ligands interactions were identified using free version of Discovery Studio Visualizer and PyMOL. According to present research results, Gallic acid, Quercetin, Hispidulin, Cirsimaritin, Sulfasalazine, Artemisin and Curcumin exhibited better potential inhibition than Hydroxy-Chloroquine against COVID-19 main protease active site. Our provided docking data of these compounds may help pave a way for further advanced research to the synthesis of novel drug candidate for COVID-19.

Keywords: COVID-19 main protease (M^{pro}), SARS-CoV-2, molecular docking, Gallic acid, Quercetin



Poster Code: P18

Étude pharmacocinétique et docking moléculaire de quelques saponines comme inhibiteurs de l'enzyme ACE2, récepteur du SRAS-Cov-2

MANSOURI Nedjwa⁽¹⁾, **BENSLAMA Ouided**⁽²⁾, **ARHAB Rabah**⁽³⁾

⁽¹⁾Laboratoire des substances naturelles, biomolécules et applications biotechnologiques. Université Larbi Ben M'Hidi Oum El Bouaghi

⁽²⁾Laboratoire des substances naturelles, biomolécules et applications biotechnologiques. Université Larbi Ben M'Hidi Oum El Bouaghi

⁽³⁾Laboratoire des substances naturelles, biomolécules et applications biotechnologiques. Université Larbi Ben M'Hidi Oum El Bouaghi

E-mail: najwamansouri94@gmail.com

Contexte : L'épidémie COVID-19, suscite des inquiétudes en matière de santé mondiale. En raison de la gravité de l'infection au virus SRAS-Cov-2 et de sa propagation rapide, il est essentiel de découvrir de nouvelles molécules thérapeutiquement efficaces. L'enzyme de conversion de l'angiotensine-2 (ACE2) qui est le récepteur du SRAS-Cov-2, pourrait être utilisée comme molécule de découverte de nouveaux médicaments. Nous avons donc étudié par docking moléculaire l'effet inhibiteur de quelques composés chimiques naturels de la famille des saponines sur le SRAS-Cov-2 en utilisant le programme Chimera.

Résultats : Les résultats ont montré que la pregneneet la gypsogénine interagissent intensément avec le site de liaison du récepteur ACE2 en donnant une énergie de liaison de -11 et -8,9 Kcal/mol, respectivement, qui est supérieure à celle du ligand co-cristallisé, le XX5.

La pregneneet gypsogénine ont montré 5 et 3 interactions avec les résidus du site actif du récepteur, respectivement, dont 2 liaisons d'hydrogènes chacun. En plus, l'analyse ADMET et pharmacocinétique a révélé que les deux saponines respectent la majorité des filtres et des propriétés pharmacocinétiques nécessaires au choix d'une molécule thérapeutique efficace, dont la règle de cinq de Lipinski et de Veber.

Conclusions : Cette étude a montré que la pregneneet la gypsogénine peuvent servir d'inhibiteurs potentiels du récepteur ACE2, et peuvent faire l'objet d'un processus de développement de médicaments pour lutter contre le COVID-19.

Mots clés : SARS-Cov-2; COVID-19; ACE2; docking moléculaire; saponine ; pregneneet ; gypsogénine.



Poster Code: P19

Le biosurfactant comme bio additif dans la lutte du COVID 19

Akmoussi- Toumi Siham ⁽¹⁾, *Salima Kebbouche-Gana* ⁽¹⁾, *Khemili-Talbi Souad* ⁽¹⁾, *Sayah Amna* ⁽²⁾, *Nesrine Lenchi-Izouine* ^(1,3), *Najjari Afef* ⁽⁵⁾, *Ferioune Imen* ⁽²⁾.

¹ Laboratoire de Bioinformatique, Microbiologie Appliquée et Biomolécules (BMAB), Université M'Hamed Bougara de Boumerdès, Avenue de l'indépendance, Boumerdès 35 000, Algérie.

² Laboratoire VALCORE, Université M'Hamed Bougara, avenue de l'indépendance Boumerdes 35000, Algeria.

³ Département Sciences de la nature et de la vie, Faculté des sciences, Université Benyoucef Benkheda (Alger1), 2 Rue Didouche Mourad, Alger, Algérie

⁴ Université de Tunis El Manar, Faculté des Sciences de Tunis, LR03ES03 Microorganismes et Biomolécules Actives, 2092, Tunis, Tunisia

E-mail : s.akmoussi@univ-boumerdes.dz

En 2020, le monde a connu une extrême pandémie causant des centaines de milliers de morts dans le monde; la COVID-19 qui est causée par un nouveau coronavirus hautement pathogène (SRAS-CoV-2). À ce jour, aucun médicament n'est prescrit pour la COVID-19. Le lavage fréquent des mains avec du savon et l'utilisation de désinfectants pour les mains à base d'alcool sont recommandés par l'OMS pour l'hygiène des mains et pour prévenir la propagation du COVID-19. Cependant, il existe des problèmes de santé et d'environnement associés à l'utilisation fréquente de savons/détergents et de désinfectants. Les biosurfactants peuvent jouer un rôle important dans la prévention de cette épidémie. ces biomolécules ont le potentiel d'inhiber les espèces microbiennes aux caractéristiques intrinsèques virulentes, capables de développer des maladies à forte morbidité et mortalité, ainsi que d'interrompre leur propagation grâce à des interventions environnementales et d'hygiène.

Cela est possible en raison de leur activité antimicrobienne, de leur capacité à interagir avec les cellules formant des micelles. Elles peuvent donc être appliquées dans le développement de produits durables et respectueux de l'environnement, tel que des formulations de bio-détergent moins toxiques et d'agents de nettoyage plus efficaces. Les propriétés telles qu'antiviral, antimicrobien, faible toxicité, biocompatibilité cutanée et la mouillabilité, font des biosurfactants microbiens comme étant des candidats appropriés pour la composante principale des formulations d'hygiène des mains. Les biosurfactants peuvent être considérés comme étant des molécules utiles dans la lutte contre les agents pathogènes microbiens connus et inconnus auparavant, tels que la COVID-19.

Mots clés : COVID-19, biosurfactant, bio-additif, détergent.



Poster Code: P20

L'utilisation de plantes médicinales dans la prévention et le traitement de l'infection virale (SARS-CoV-2) chez la population Algérienne

Sadoud Meryem and Riazi Ali

Laboratory of Beneficial Microorganisms, Functional Foods and Health, Department of biology, Faculti of natural and life sciences, University of Mostaganem, 27000, Algeria.

E-mail: ms-sadoud@univ-chlef.dz, biologiste-ing@hotmail.fr

En Chine, et en fin de l'année 2019, un nouveau coronavirus SARS-CoV-2 est apparu, le virus s'est propagé rapidement dans le monde à l'aube de l'année 2020. Les symptômes observés chez les personnes atteintes par ce virus comprennent une pneumonie caractérisée par une fièvre, toux sèche, troubles respiratoires aigus graves....voire la mort. La chloroquine et l'azithromycine est le traitement qui a été proposé pour la prise en charge des personnes atteintes du virus. Toutefois, ce traitement avait des complications chez certaines personnes et particulier celles souffrantes de maladies chroniques (diabète et maladies cardiovasculaires). Ceci a encouragé les gens à recourir à la médecine traditionnelle pour booster et renforcer le système immunitaire, de plus des résultats publiés en montré la richesse de certaines plantes en particules qui peuvent avoir une action antivirale

(acide chlorogénique, luteolin, rutine...). L'objectif de cette étude est de recenser les plantes médicinales utilisées chez la population algérienne et leur rôle préventif ou curatif de l'infection virale à SARS-CoV-2. Une enquête a été menée sur la base d'un questionnaire rempli par des participants choisi au hasard atteints ou non de l'infection. Les résultats ont montré que 71% des enquêteurs déclarent recourir aux plantes médicinales, 45% d'entre eux était satisfaits de leur rôle dans la prévention des infections par le virus. Cependant, des études approfondies sur l'effet antiviral SARS-CoV-2 des nanoparticules contenues dans les plantes médicinales sont nécessaires pour confirmer ces résultats.↵

Mots clés : SARS-CoV-2, plante médicinale, prévention, traitement.



Poster Code: P21

Place des plantes médicinales dans la prévention de l'infection par le COVID-19 selon les habitants de la région de Béchar

Hibi Zineb

Laboratoire de développement des ressources végétales et la sécurité alimentaire en régions semi-arides du Sud-Ouest de l'Algérie, BP417, Université de Béchar, Algérie

E-mail : zineb4@yahoo.fr

Avec la propagation rapide de l'infection à Coronavirus en Algérie comme dans le monde entier, la prévention reste l'une des meilleures mesures à prendre. Le recours aux remèdes naturels peut également constituer une solution alternative pour renforcer l'immunité, lutter et prévenir cette maladie. L'objectif de ce travail est de recenser et d'évaluer la fréquence d'utilisation des plantes médicinales par la population algérienne au cours de cette nouvelle pandémie.

Il s'agit d'une enquête déclarative par questionnaire comportant deux parties: la première concerne l'informateur et la deuxième concerne les plantes utilisées.

Un total de 169 personnes originaires de la région de Béchar a participé à cette étude, ce qui a permis de recenser 23 plantes utilisées pour désinfecter l'air et soulager certains symptômes pouvant être liés aux infections respiratoires ou même au Coronavirus.

Ces plantes doivent faire l'objet d'études phytochimiques et pharmacologiques approfondies afin d'évaluer leur efficacité contre le Coronavirus.

Mots clés : coronavirus, Béchar, plantes, médicinales.



Poster Code: P22

Extraction methods and physico-chemical analysis of *Origanum majorana*'s essential oil : A perspective application against SARS-CoV-2

HAFID Nourehouda*⁽¹⁾, **BOUCHENAK Ouhiba**⁽¹⁾, **KHIARI Ouiza**⁽¹⁾, **OUSSAID Sonia**⁽¹⁾

⁽¹⁾Laboratoire de Bioinformatique, Microbiologie Appliquée et Biomolécules

E-mail: n.hafid@univ-boumerdes.dz

Context : With the SARS-COV pandemic the search for the cure is a priority, which led the researchers to combine biotechnology and phytotherapy to identify secondary metabolites that can have an antiviral properties, the *origanum majorana*'s essential oil is reported to have an antiviral proprieties, which can be used against SARS-COV.

In this research, screening approaches permitted the evaluation of the effects of two extraction methods: microwave assisted extraction (MAE) and conventional hydrodistillation (HD) method in order to identify the most influential method on essential oil(EO) yield, this study was carried out with liquid extraction on both marjoram's dried and fresh plant. Physical and chemical characterizations were performed on the essential oil obtained by hydrodistillation.

Results : It was found that the yield of essential oil in MAE fresh plant was (9.4%), followed by the MAE dried plant with (4.2%), the extraction yields in HD were respectively (3.33%) for dried plant, (2.08%) for fresh plant. the physical characterization analysis on EO obtained by HD were based on organoliptical criterias: aspect, color and smell and relative density 1.056gwich is close to water density, for the chemical criteria the acidity index was performed and the result showed that marojoram's acidity index is 0.28

Conclusion : The use of unconventional essential oil extraction process such as Solvent-pretreatment Microwave Extraction has yielded convincing results. It is a gentle process that saves time, energy and months of rejection.



Poster Code: P23

Ethnobotanical study on sweet commoncentaury (*Centaurium erythraea*) in the Boumerdes region: A perspective application against SARS-CoV-2

OUSSAID S.*⁽¹⁾, BOUCHENAK O.⁽¹⁾, YAHIAOUI K.⁽²⁾, HAFID N.⁽¹⁾, KHIARI O.⁽¹⁾

⁽¹⁾Laboratoire de Bioinformatique, Microbiologie Appliquée et Biomolécules (BMAB)

⁽²⁾Laboratoire de recherche en technologie alimentaire (LRTA)

Email: s.oussaid@univ-boumerdes.dz

Description of the subject: The appearance of COVID-19 has highlighted the need to strengthen health systems and accelerate research and development programs, particularly on traditional medicines for the development of new therapies within the framework of the search for potential treatments for coronavirus disease 2019 (COVID-19).

Objective: the main objective of our study is to enhance the floristic heritage for therapeutic use of two regions of the wilaya of Boumerdes by an ethnobotanical study and a monograph of the medicinal plant identified.

Methodology: we used for our study 600 questionnaires in french and in arabic, adapted to the objectives of our study. The questionnaire first draw up a profile of the users interviewed (age, gender, education level...), and to collect a lot of information about the medicinal plants themselves (the parts used, the preparation method, diseases treated).

Results: The use of medicinal plants is observed in different age groups where the age group (50-

70) is the holder of the ancestral know-how with 50,66 %. Women use medicinal plants much more than men with a percentage of 74% against 26%.the use of medicinal plants is more important for the population with a secondary education level, this explains that the level of education is not a limiting factor. Moreover, the imported plant is widely used with a rate of 46,29%. The aerial part is the most used part. The majority of the remedies are prepared in the form of macerate with the dry plant. Of all diseases treated, digestive pathologies and are the most cited.

Conclusion: *Centauriumerythraea* has several therapeutic virtues that make it a source of active principles for the pharmaceutical field and that must be developed and explored.

Keywords: COVID-19, therapeutic potential; *Centauriumerythraea*; Boumerdes; macerate; digestive pathologies.

**Poster Code: P24****HOW ARE LICHENS IDENTIFIED ? Search for potential new drug against SARS-CoV-2**

KHIARI Ouiza ^{*(1)}, **BOUCHENAK Ouahiba** ⁽¹⁾, **KHEDIM Rabah** ⁽²⁾, **YAHIAOUI Karima** ⁽³⁾, **HAFID Nourhouda** ⁽¹⁾, **OUSSAID Sounia** ⁽¹⁾

⁽¹⁾Laboratoire de Bioinformatique, Microbiologie Appliquée et Biomolécules (BMAB)

⁽²⁾University Amar Telidji of Laghouat 03000, Algeria.

⁽³⁾Laboratoire de Technologie Alimentaire

E-mail: o.khiari@univ-boumerdes.dz

For a long time, scientists have always been interested in looking after new bioactive molecules, recently, the use of phytochemicals as therapeutic agents has increased. Lichens are one of the most interesting organisms, for the specific variety of compounds which have confirmed biological activities (antioxidant, anti-inflammatory, antiviral, antibacterial...etc). Since the last pandemic of Coronavirus (SARS-CoV-2) that appeared in December 2020, which caused death, several scientific research on the possible plants and secondary metabolites against SARS-CoV-2 infection was reviewed. Otherwise, the precise identification of lichens is difficult in situ and critical for taxonomy; and needs some special techniques. This research aims to characterize the different methods of species identification and elucidate some of the essential confirmation techniques in order to find new molecules. Although, morphological and anatomical features have been used in this study to classify lichens. The Color Spot Tests is a crucial step for all species, four chemical reagents are directly added to the lichen thallus

(K: potassium hydroxide solution, C: sodium hypochlorite solution, I: iodine solution, and Pd: Paraphenylenediamine solution), more test reagents followed, Thin-Layer Chromatography (TLC) is now the most commonly carried out method for unidentified specimens, this technique detect obviously the special metabolites of lichens from acetone extract. Samples were collected from four sites in the region of Boumerdès, recently explored, where we were able to record 31 species, among them 5 species were confirmed by TLC technique. Therefore, the study of lichens which is still unfortunately misunderstood, is interesting not only from an ecological and taxonomical point of view, but especially, to find a potential new drug against the novel Corona Virus SARS-CoV-2, however, further investigations and *in silico* screening for bioactive molecules are still required.

Key words: Lichens; color spot test, TLC, bioactive metabolites, SARS-CoV-2.



Poster Code: P25

Chemical Variability and antibacterial activity of *Rhus tripartita* essential oils in Algeria

Benlembarek Khaoula, LogradaTakia, Ramdani Messaoud and Belguidoum Amina

Laboratory of Valorization of Natural and biological Resources, SNV Faculty, Ferhat Abbas University Setif-1, Algeria.

E-mail : benkhaoula72@yahoo.com

Our study aims to identify the variation of the chemical composition of the essential oils of *Rhus tripartita* in Algeria and to evaluate their antibacterial and antifungal activity. The aerial parts of *R. tripartita* were collected from seven localities in eastern Algeria and subjected to hydro-distillation. The chemical composition of the essential oils obtained was determined by gas chromatography / mass spectrometry (GC / MS). The antibacterial activity of essential oils was carried out by the disk diffusion method, against three Gram-negative bacteria (*Escherichia coli* ATCC 25922, *Proteus mirabilis* ATCC 35659 and *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853); and two Gram positive bacteria (*Staphylococcus aureus* ATCC 25923 and *Enterococcus faecalis* ATCC 51299). The essential oil yield of *R. tripartita* was low with an average of $0.16 \pm 0.017\%$. Seventy-eight chemical compounds were identified in the oil, with an average of $92.3 \pm 26.4\%$ of the total oil.

Statistical analyzes made it possible to identify four chemotypes in the essential oils of *R. tripartita*: the chemotype (Δ^3 -carene, α -pinene; limonene) characterizes the male populations of Tamnrasset and Boussaada.

The chemotype (α -pinene - Δ^3 -carene - caryophyllene-Z) characterizes the populations of male M'sila and Mergueb. The female population of M'sila is characterized by the α -pinene - Δ^3 -carene - Δ -cadinene chemotype. The other populations present the α -pinene - β -pinene - caryophyllene-Z chemotype. The results of the antibacterial activity show that the essential oils of *R. tripartita* have moderate activity against the bacterial strains tested. Bacteria, *E. faecalis* and *P. aeruginosa* are the most sensitive to oils, while *S. aureus*, *E. coli* and *P. mirabilis* are the most resistant.

Keywords: Algeria, antibacterial activity, chemotypes, essential oils, *Rhus tripartita*.

RECOMMANDATIONS

AUX AUTEURS

1. REGLES DE PUBLICATION

L'*Algerian Journal of Health Sciences* (AJHS) est l'organe d'édition et d'information officiel de l'Agence Thématique de la Recherche en Sciences de la Santé (ATRSS). Il s'agit d'une revue semestrielle à accès libre en ligne, sans frais de soumission ou de publication et à Comité de lecture national et international. Elle publie des articles innovants, offrant une meilleure compréhension des progrès réalisés dans tous les domaines des Sciences de la Santé.

Les travaux soumis doivent être conformes aux instructions ci-dessous, qui sont en harmonie avec les normes de présentation des manuscrits proposées par le Comité International des Rédacteurs de Journaux Médicaux, également connu sous le nom de Groupe de Vancouver (*International Committee of Medical Journal Editors. Uniform requirements for manuscripts submitted to biomedical journals. N Engl J Med*1997; 336:310–315).

Tout manuscrit adressé à l'AJHS doit être original, c'est-à-dire qu'en totalité ou dans ses parties essentielles, il ne doit pas avoir fait l'objet d'une publication préalable ni simultanée à la parution dans la revue.

Si des extraits d'autres travaux ou documents sous copyright sont inclus dans l'article, les auteurs doivent fournir une autorisation écrite émanant des détenteurs du copyright et citer les sources de la publication princeps dans l'article.

Ces mesures doivent être prises pour éviter le plagiat.

Un contrôle par un logiciel anti-plagiat est systématiquement effectué pour toute soumission. Tout plagiat entraîne le rejet de l'article et la non-considération de toute soumission ultérieure provenant de l'auteur.

Les travaux soumis à l'AJHS doivent être conformes aux recommandations éthiques de la déclaration d'Helsinki (*"WMA Declaration of Helsinki - Ethical Principles for Medical Research Involving Human Subjects"*).

Droits d'auteur : Toute reproduction partielle ou totale des résultats doit respecter les dispositions de la convention Creative Commons <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.fr>

Les articles sont soumis en français, en anglais ou en arabe sous formats Word « .doc ou.docx » et PDF ; des fichiers modèles (templates) sont téléchargeables sur le site web de la revue.

La soumission s'effectue exclusivement en ligne sur la plateforme ASJP Algerian Scientific Journal Platform en cliquant sur le lien:

<https://www.asjp.cerist.dz/en/PresentationRevue/689>

Après vérification du plagiat, tous les articles soumis sont évalués de façon anonyme par **au moins deux reviewers**.

2. TYPES DE MANUSCRITS

2.1 LETTRE A L'EDITEUR

Une lettre à l'éditeur permet soit de donner un avis sur un article déjà publié soit d'ouvrir un débat, soit de livrer une expérience personnelle. Sa parution, après accord du comité de lecture, se fait dans les délais les plus brefs. Le texte n'excède pas 1500 mots, un tableau et/ou une figure et 05 références. Elle est signée par trois auteurs au plus et ne comprend qu'une adresse pour la correspondance.

2.2 ARTICLES ORIGINAUX

Il s'agit de tout article présentant des résultats originaux dans le cadre d'essais contrôlés randomisés, d'études d'intervention, d'études de dépistage et de diagnostic, d'études descriptives, d'analyses coût-efficacité, d'études cas-témoins ou encore d'enquêtes épidémiologiques...

Le corps de l'article comprend une introduction qui expose la problématique et les objectifs, Matériels et Méthodes, Résultats, Discussion, et Conclusion. Le texte ne doit pas excéder 4500 mots et comporter au maximum 04 tableaux, 04 figures/photos et 45 références au maximum.

2.3 REVUE GENERALE (Article de Revue)

Une revue générale est une synthèse critique des travaux publiés sur un thème donné et aboutissant à des propositions utiles et constructives. Ce n'est pas une simple énumération des travaux publiés dans la littérature. Elle doit être rédigée sans parti pris et ne sert pas à démontrer une hypothèse.

La rédaction d'une revue générale est soit demandée par le rédacteur en chef à un auteur, soit proposée par ce dernier. Dans cette éventualité, l'auteur doit prendre contact avec le rédacteur en chef avant de commencer la rédaction pour s'assurer auprès de lui que le sujet intéresse le comité de rédaction et qu'aucun travail similaire n'est en cours de publication. Une revue générale n'excède pas 5000 mots et peut aller jusqu'à 120 références.

2.4 MISE AU POINT

Une mise au point traite les développements récents sur un sujet d'actualité. Elle obéit aux mêmes instructions que celles de la revue générale dont elle diffère par son caractère moins exhaustif. Le texte ne doit pas excéder 3000 mots et 50 références.

2.5 CAS CLINIQUE

Il permet de publier une ou plusieurs observations originales et bien documentées, à valeur didactique et scientifique. Il comprend une courte introduction, l'observation réduite aux faits significatifs, une discussion et une conclusion. Le texte ne dépasse pas 2500 mots, un tableau et/ou une figure et 15 références au maximum.

3. PRESENTATION DU MANUSCRIT

3.1 TITRE, AUTEURS ET AFFILIATIONS

- Le titre doit être suffisamment explicite, reflétant en particulier les objectifs de l'étude, la population de l'étude et le lieu.
- Le titre doit être rédigé en français et en anglais.
- Pour les articles soumis en arabe, le titre doit être rédigé en arabe, en français et en anglais.
- Un **titre court** devra être fourni par l'auteur pour l'entête de l'article.
- Les **noms complets des auteurs, adresses électroniques et affiliations de chacun des auteurs** doivent être mentionnés.
- Préciser le **nom et le numéro de téléphone et l'adresse e-mail de l'auteur correspondant** à qui seront adressés les commentaires des reviewers et les tirés à part.
- Dans le cas où il y aurait deux auteurs principaux, les auteurs sont tenus de le mentionner.

3.2 RESUMES ET MOTS-CLES

Hormis la lettre à l'éditeur, chaque article devra comporter un **résumé et des mots clés en français et en anglais**. Pour les articles soumis en arabe, un résumé et des mots clés en arabe et en anglais sont requis.

Le résumé ne doit contenir aucune abréviation non définie ni référence.

- Pour les articles originaux, le résumé n'excède pas 300 mots ; il doit être structuré : Introduction, Matériels et Méthodes, Résultats, et Conclusion. 05 mots clés sont requis au maximum.
- Pour les revues générales et les mises au point, un résumé non structuré n'excédant pas 300

mots et 05 mots clés au maximum.

- Pour les cas cliniques, un résumé structuré : Introduction et observation n'excédant pas 200 mots et 05 mots clés au maximum.

3.3 TABLEAUX

Les tableaux doivent être numérotés en chiffres arabes et indexés dans le texte par ordre d'apparition entre parenthèses. Le titre est placé au-dessus du tableau et les notes explicatives éventuelles au-dessous.

3.4 FIGURES

Toutes les figures doivent être numérotées en chiffres arabes. Les chiffres doivent toujours être cités dans le texte dans un ordre numérique consécutif. Les parties des figures doivent être désignées par des lettres minuscules (a, b, c, etc.). Le titre est placé au-dessous de la figure et doit comporter une référence si la figure est extraite d'un autre travail publié.

3.5 ABREVIATIONS

Les abréviations dans le texte doivent être définies à la première mention et utilisées de manière cohérente par la suite. Dans les tableaux et les figures, les abréviations doivent être précisées en dessous des tableaux et des figures avec une police de 8.

3.6 REMERCIEMENTS

Les remerciements peuvent être mentionnés. Si des financements doivent être déclarés, les noms des organismes de financement doivent être précisés en entier.

3.7 CONFLITS D'INTERET

Les auteurs doivent déclarer tout lien d'intérêt en rapport avec leur travail de recherche. Un lien d'intérêts existe quand un auteur ou un coauteur a des relations financières ou personnelles avec d'autres personnes ou organisations qui sont susceptibles d'influencer

ses jugements professionnels concernant une valeur essentielle.

3.8 REFERENCES

Dans le texte, les numéros de référence doivent être mis entre crochets [] et avant la ponctuation; par exemple [1], [1-3] ou [1,3]. Lorsque la référence comprend plusieurs auteurs, **il convient de les citer tous**.

Les références sont présentées selon le style **APA** comme indiqué ci-dessous :

1. **Exemple de citation d'un article de périodique:** Blom, M., Norrehed, S., Andersson, C. H., Huang, H., Light, M. E., Bergquist, J., Grennberg, H., & Gogoll, A. (2015). Synthesis and Properties of Bis-Porphyrin Molecular Tweezers: Effects of Spacer Flexibility on Binding and Supramolecular Chirogenesis. *Molecules* (Basel, Switzerland), 21(1), E16. <https://doi.org/10.3390/molecules21010016>
2. **Exemple de citation d'un chapitre de livre:** Brenner, R., & Wilcox, K. S. (2012). Potassium Channelopathies of Epilepsy. In J. L. Noebels (Eds.) et. al., *Jasper's Basic Mechanisms of the Epilepsies*. (4th ed.). National Center for Biotechnology Information (US).
3. **Exemple de citation d'un ouvrage:** Epstein, C. M. (1990). Epilepsy. In H. K. Walker (Eds.) et. al., *Clinical Methods: The History, Physical, and Laboratory Examinations*. (3rd ed.). Butterworths.
4. **Exemple de citation d'un site web:** Outbreak notice: Cholera in Haiti. Centres for Disease Control and Prevention Web site. [notice/haiti-cholera.htm](http://www.cdc.gov/od/oc/media/pressrel/r011010.htm). Disponible en ligne le 22 Octobre 2010. Consulté le 1er Février 2012.

5. Décision du comité de rédaction

4.1. Acceptation du manuscrit

Un avis d'acceptation du manuscrit est adressé aux auteurs via la plateforme ASJP lorsque le comité éditorial a considéré cette acceptation, **après avis d'au moins deux reviewers**. Les auteurs pourront encore se voir réclamer des modifications de forme et/ou de fond, parfois nécessaires pour la préparation des épreuves de leur article.

Les versions corrigées des articles doivent respecter les indications suivantes :

- être accompagnées d'une lettre reprenant chacune des modifications demandées par les reviewers, et qui précise :
 - soit la modification effectivement apportée au texte par l'auteur
 - soit la raison pour laquelle celui-ci n'a pas souhaité apporter la modification demandée, ou n'a pas été en mesure de le faire,
- sur la version corrigée du manuscrit, la modification apportée doit être signalée (au moyen de soulignements, surlignages, caractères en couleur, etc.)

4.2. Refus du manuscrit

Le Comité éditorial se réserve le droit de refuser les manuscrits non conformes aux instructions précédemment citées et en avisera l'auteur correspondant.

4.3 Corrections d'épreuves

Après acceptation définitive de l'article, la version finale est envoyée à l'auteur via la plateforme ASJP. Seules les fautes typographiques pourront être corrigées. Aucun additif ne pourra être fait par rapport au manuscrit accepté définitivement.

Une fois validé, un **DOI est attribué à l'article** qui est **immédiatement mis en ligne** dans la rubrique « articles à paraître ».

INSTRUCTIONS FOR AUTHORS

1. GENERAL RULES

The Algerian Journal of Health Sciences (AJHS) is the official publishing and information body of the Thematic Agency for Research in Health Sciences (ATRSS). It is a **biannual free online journal with a national and international reading committee, with no submission or publication costs**. The journal publishes innovative articles, offering a better understanding of the progress made in **all fields of Health Sciences**.

Submitted research works must comply with the instructions below, which are in line with the manuscript presentation standards proposed by the International Committee of Medical Journal Editors, also known as the **Vancouver Group** (International Committee of Medical Journal Editors Uniform requirements for manuscripts submitted to biomedical journals. *N Engl J Med* 1997; 336: 310–315).

All manuscripts submitted to AJHS must be **original**: they must not have been published prior to or simultaneously with publication in the journal.

If extracts from other copyrighted works or documents are included in the article, authors must **provide written permission from copyright holders and cite the sources for the original publication in the article**. These steps must be taken to avoid plagiarism.

A check by anti-plagiarism software is systematically carried out for any submission. Any plagiarism results in the rejection of the article and the non-consideration of any subsequent submission from the author.

The work submitted to AJHS must comply with **the ethical recommendations of the Helsinki Declaration** (“WMA Declaration of Helsinki - Ethical Principles for Medical Research Involving Human Subjects”).

Any partial or total reproduction of the results must respect the provisions of the **Creative Commons convention** <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.fr>

Articles are submitted in French, English or Arabic in Word ".doc or .docx" and PDF formats; model files (**Templates**) are published on the Journal website.

The submission is done exclusively on the **Algerian Scientific Journal Platform ASJP** by clicking on the link:
<https://www.asjp.cerist.dz/en/PresentationRevue/689>

After checking for plagiarism, all submitted articles are evaluated anonymously by **at least two reviewers**.

2. TYPES OF MANUSCRIPTS

2.1. LETTER TO THE EDITOR

A letter to the editor allows either to give an opinion on a previously published article either to open a debate or to deliver a personal experience. Its publication, after agreement of the editorial board, is done as soon as possible. The text does not exceed 1500 words, one table and / or one figure and 05 references. It is signed by up to three authors and includes only one address for correspondence.

2.2. ORIGINAL ARTICLES

Any article presenting original results of randomized controlled trials, intervention studies, screening and diagnostic studies, descriptive studies, cost-effectiveness analyzes, case-control studies or even epidemiological surveys. The body of the article includes an introduction that sets out the problem and the objectives, Materials and methods, Results, Discussion, and Conclusion. The text must not exceed 4500 words and contain a maximum of 04 tables, 04 figures/Pictures and 45 references.

2.3. REVIEW

A review is a critical synthesis of the work published on a given theme and leading to useful and constructive proposals. It is not a simple list of works published in the literature. It must be written without bias and is not used to demonstrate a hypothesis.

The writing of a general review is either requested by the editor-in-chief or proposed by the latter. In this event, the author should contact the editor before starting writing to make sure that the subject is of interest to the editorial board and that no similar work is being published. A general review does not exceed 5000 words and can go up to 120 references.

2.4. UPDATES

An update deals with recent developments on a topical subject. It obeys the same instructions as those of the REVIEW, from which it differs in its less exhaustive character. The text should not exceed 3000 words and 50 references.

2.5. CLINICAL CASES

It allows one or more original and well-documented observations to be published, for educational and scientific purposes. It includes a short introduction, observation reduced to material facts, a discussion and a conclusion. The text does not exceed 2500 words, one table and / or one figure and a maximum of 15 references.

3. PRESENTATION OF THE MANUSCRIPT

3.1. TITLE, AUTHORS AND AFFILIATIONS

- Title should be explicit enough, particularly reflecting the objectives of the study, the study population and location. **It is written in French and English.**
- For articles submitted in Arabic, the title should be written in Arabic, French and English.
- A **short title** should be provided by the author for the article header.
- The **full names of the authors, e-mail addresses and affiliations of each author must be mentioned.**
- Specify the **name and phone number, fax number and e-mail address of the corresponding author** to whom the comments of the reviewers and reprints will be sent.
- If there are two main authors, the authors are required to mention this.

3.2. SUMMARIES AND KEYWORDS

Except for the letter to the editor, each article must include a **summary and keywords in French and English**. For articles submitted in Arabic, an abstract and keywords in English are required. The abstract should not contain any undefined abbreviations or references. [1]

- For original articles, the abstract does not exceed 300 words; it must be structured: Introduction, Materials and Methods, Results, and Conclusions. 05 keywords are required.
- For reviews and updates, an unstructured summary not exceeding 300 words and 05 keywords are required.
- For clinical cases, a structured summary: Introduction and observation not exceeding 200 words and 05 keywords are required.

3.3. TABLES

Tables should be numbered in Arabic numerals and indexed in the text in order of appearance in parentheses. The title is placed above the table and any explanatory notes below.

3.4. FIGURES

All figures must be numbered in Arabic numerals. Numbers should always be cited in the text in consecutive numerical order. The parts of the figures must be designated by lowercase letters (a, b, c, etc.). The title is placed below the figure and must include a reference if the figure is taken from another published work.

3.5. ABBREVIATIONS

Abbreviations should be defined at first mention and used consistently thereafter. In tables and figures, the abbreviations must be specified below the tables and figures with a font of 8.

3.6. ACKNOWLEDGMENTS

Acknowledgments of people, grants, funds, etc. should be declared. If funding must be declared, the names of the funding organizations must be specified in full.

3.7. CONFLICTS OF INTEREST

Authors must disclose any conflicts of interest related to their research work. A conflict of interest exists when an author or co-author has financial or personal relationships with other people or organizations that are likely to influence his professional judgments concerning an essential value.


3.8. REFERENCES

In the text, reference numbers must be put in square brackets [] and before punctuation; for example [1], [1-3] or [1,3].

When the reference includes several authors, **they should all be cited**.

References are presented according to **APA referencing system**, for example:

1. **Journal article (with DOI):** Blom, M., Norrehed, S., Andersson, C. H., Huang, H., Light, M. E., Bergquist, J., Grennberg, H., & Gogoll, A. (2015). Synthesis and Properties of Bis-Porphyrin Molecular Tweezers: Effects of Spacer Flexibility on Binding and Supramolecular Chirogenesis. *Molecules* (Basel, Switzerland), 21(1), E16. <https://doi.org/10.3390/molecules21010016>
2. **Book Chapter:** Brenner, R., & Wilcox, K. S. (2012). Potassium Channelopathies of Epilepsy. In J. L. Noebels (Eds.) et. al., *Jasper's Basic Mechanisms of the Epilepsies*. (4th ed.). National Center for Biotechnology Information (US).

3. **Book:** Epstein, C. M. (1990). Epilepsy. In H. K. Walker (Eds.) et. al., *Clinical Methods: The History, Physical, and Laboratory Examinations*. (3rd ed.). Butterworths.
4. **Website (online document):** Outbreak notice: Cholera in Haiti. Centres for Disease Control and Prevention Web site. notice/haiti-cholera.htm. Published October 22, 2010 Accessed February 1, 2012. 

4. Final decision

4.1. Acceptance of the manuscript

A notice of acceptance of the manuscript is sent to the authors via the ASJP platform when the editorial committee has considered this acceptance, after receiving the advice of **at least two reviewers**. Authors may still be asked to make editorial and / or substantive changes, sometimes necessary for the preparation of proofs for their article.

The corrected versions of the articles must respect the following indications:

- to be accompanied by a letter containing each of the modifications requested by the reviewers, and which specifies:

- the modification actually made to the text by the author;

- or the reason why the latter did not wish to make the requested change, or was unable to do so.

- on the corrected version of the manuscript, the modification made must be highlighted.

4.2. Refusal of the manuscript

The Editorial Committee reserves the right to refuse manuscripts that do not comply with the above instructions and will notify the corresponding author.

4.3 Proof corrections

After final acceptance of the article, the proof is sent to the author via the ASJP platform. Only typographical errors can be corrected. No additions can be made to the manuscript definitively accepted.

Once validated, a **DOI is assigned to the article**, which is immediately **published online** in the "articles to be published" section.

• Numéro hors série (2021) • ISSN : 2710-8082 • ESN : 2716-9464

Agence Thématique de Recherche en Sciences de la Santé

Adresse : Cité du Chercheur (Ex : IAP) Route de l'Aéroport Ahmed Ben Bella, Es-Sénia, Oran, Algérie. BP 1801/08–31000 Oran El M'Naouar.

Email : [AJHS @atrss.dz](mailto:AJHS@atrss.dz)

Site de l'AJHS : <http://ajhs.atrss.dz>

● Numéro hors série (2021) ● ISSN : 2710-8082 ● ESN : 2716-9464

Agence Thématique de Recherche en Sciences de la Santé

Adresse : Cité du Chercheur (Ex : IAP) Route de l'Aéroport Ahmed Ben Bella, Es-Sénia, Oran, Algérie. BP 1801/08-31000 Oran El M'Naouar.

Email : [AJHS @atrss.dz](mailto:AJHS@atrss.dz)

Site de l'AJHS : <http://ajhs.atrss.dz>