

1 Systèmes insulaires et investigation des phénomènes d'émergences.

Auteurs : **Tortosa Pablo**, Hervé Pascalis, Vanina Guernier, Matthieu Le Corre, Steve Goodman et Koussay Dellagi
Institutions : CRVOI, Plateforme CYROI. 2 pablo.tortosa@univ-reunion.fr

L'étude de la dynamique spatiale des arbovirus zoonotiques est complexe. La transmission à l'Homme d'un arbovirus et sa diffusion sur de grandes échelles géographiques sont deux processus distincts. La transmission est assurée localement par une diversité d'arthropodes vecteurs, tandis que la diffusion sur de grandes distances met en jeu des déplacements humains ou animaux (domestiques et sauvages), ou des déplacements de vecteurs. Les écosystèmes insulaires sont des terrains particulièrement adaptés à l'étude de ces dynamiques. Ils permettent de découpler ces deux processus et facilitent l'étude de chacun d'eux séparément. En milieu insulaire, l'isolement géographique, une superficie limitée et des environnements homogènes se traduisent, en terme de biodiversité, par une faible richesse spécifique et un niveau d'endémisme élevé. Une diversité limitée de vecteurs facilite l'étude de la transmission à une échelle locale en permettant une étude exhaustive des espèces d'arthropodes potentiellement vectrices. Un endémisme élevé stimule l'émergence d'interactions virus/vecteur originales. Par ailleurs, les îles et archipels océaniques sont interconnectés par des échanges discrets: si ces territoires maintiennent des échanges humains et animaux plus ou moins importants avec le reste du monde, ces échanges sont facilement identifiables et les points d'entrée limités généralement à 1 port et/ou 1 aéroport international. Les mouvements anthropogéniques (ou non) sont donc plus aisés à identifier et à étudier que dans les systèmes continentaux. Les îles font également partie de voies de dispersion et de migration d'animaux sauvages tels que les oiseaux et les chauves-souris. Enfin, les îles sont particulièrement sensibles aux invasions et peuvent permettre d'observer in situ les déplacements d'espèces vectrices indigènes par des espèces envahissantes. Ces différents aspects seront illustrés au travers d'exemples concernant les îles du Sud-Ouest de l'Océan Indien, qui ont été dans les dernières années touchées par 4 épidémies importantes dont 3 impliquant des virus émergents : ChikV, DenV et RVFV.

2 Vet 2011

Auteurs : **Grandmontagne Claude**
Institutions : Vet 2011, VetAgro Sup

Présentation de la naissance de la profession vétérinaire dont on fête les 250 ans et de son apport dans le soin aux animaux mais aussi dans la santé de l'homme notamment par le biais de la lutte contre les zoonoses, l'alimentation et de biopathologie comparée.

3 Histoire de la médecine vétérinaire à Madagascar

Auteurs : Andriambololona H. ; Rajaonarison J.J ; Rasambainarivo J.H
Institutions : jrasamb@moov.mg

Cette communication retrace l'évolution de la médecine vétérinaire, de la recherche et des docteurs vétérinaires à Madagascar, du 19^{ème} siècle à nos jours.

Du temps du roi RADAMA 1^{er}, l'histoire mentionne l'existence de quelques « guérisseurs de bovins » qui soignaient les animaux avec des plantes médicinales. Les premiers vétérinaires étrangers faisaient parti du corps expéditionnaire français en 1895. Les premiers vétérinaires malgaches diplômés de l'École de Toulouse prirent fonction en 1925. Il faut attendre 1965 pour voir une nouvelle génération de vétérinaires malgaches toujours formés en France pour occuper certains postes stratégiques pour l'amélioration de la santé et de la production animales.

Depuis cette période à ce jour, la profession se structura l'Ordre National des Docteurs Vétérinaires Malgaches (ONDVM) fut créé en 1974. La coopération internationale dans le domaine de la santé animale se développa positivement. Le Département d'Enseignement des Sciences et de Médecine Vétérinaire accueillit les premiers étudiants en 2001. Actuellement 378 Docteurs vétérinaires sont inscrits à l'Ordre.

4 Les vecteurs du virus de la fièvre de la vallée du Rift dans l'Océan Indien : deux ans d'étude de la diversité, de la dynamique, des préférences trophiques et de l'infection des moustiques de Mayotte

Auteurs : T. Balenghien¹, B. Zumbo², C. Toty², C. Garros¹, D. Chavernac¹, C. Cêtre-Sossah¹, D. Martinez¹, J. Thiria²

Institutions : 1 CIRAD, UMR Contrôle des maladies, F-34398 Montpellier, France

2 Service de lutte anti-vectorielle, Agence de santé océan Indien, Délégation de l'île de Mayotte, BP-410 Mamoudzou, France, thomas.balenghien@cirad.fr

La région de l'océan indien est une zone de migrations et d'échanges depuis longtemps entre les continents et les îles ou entre les îles. Aujourd'hui, l'intensification des transports, de plus en plus rapides, d'hommes et de marchandises est associée à l'émergence de maladies, en particulier vectorielles, par l'introduction d'hôtes ou/et de vecteurs infectés. Le sud-ouest de l'océan Indien – composé des côtes africaines, de Madagascar et d'archipels d'îles plus petites – est donc un lieu privilégié pour l'étude de l'introduction et de l'émergence des maladies vectorielles, d'autant que l'insularité est souvent associée à une biodiversité toute particulière.

La fièvre de la vallée du Rift (FVR) est une zoonose transmise principalement au sein des populations animales par la piqûre de moustiques, et à l'homme par manipulation ou contact avec des tissus, du sang ou d'autres liquides biologiques de bétail infectieux. La FVR a été responsable d'épizooties et d'épidémies dévastatrices, comme en 1978, le long du Nil (200 000 personnes infectées, environ 600 morts recensés), avec en 2007 et 2008, des épisodes importants de transmissions en Afrique de l'Est, s'étendant à Madagascar, puis à l'Archipel des Comores. En 2008, la circulation du virus est confirmée à Mayotte (tests biologiques positifs chez des résidents mahorais et séroprévalence de 10,5 % chez les ruminants domestiques). En 2009, 2 cas humains sont détectés.

Les études montrent que le virus de la FVR peut être transmis par un grand nombre d'espèces de moustiques appartenant à différents genres. La compétence vectorielle ne semblant pas être un facteur limitant, les facteurs écologiques doivent donc être déterminants pour la transmission. Afin de comprendre les mécanismes d'émergence et l'épidémiologie de la FVR sur l'île de Mayotte, une étude a été mise en place pour deux ans (2010-2012) pour déterminer la diversité, la dynamique, les préférences trophiques et le taux d'infection des espèces de moustiques présents dans 5 élevages représentant différentes zones éco-climatiques. Des collectes par pièges lumineux et au CO₂ ainsi que des prospections larvaires sont effectuées toutes les 4 semaines, pendant 3 nuits consécutives, sur chacun des 5 sites d'études afin de déterminer la diversité et la dynamique saisonnière des moustiques. De plus, sur l'un des sites, des captures de 24 heures sur appâts homme, mouton et chèvre sont réalisées toutes les 8 semaines pour confirmer leurs préférences trophiques et déterminer le rythme circadien. Les femelles sont mises en lot et conservées à - 80 °C pour recherche virale.

Actuellement, une année complète de suivi a été réalisée permettant de lister les espèces présentes dans les élevages, de décrire leurs préférences trophiques ainsi que leurs dynamiques journalière et saisonnière. Ces informations, couplées aux données de la littérature concernant leur compétence vectorielle, permettent de lister les vecteurs potentiels de virus de la FVR à Mayotte.

5 Fièvre de la Vallée du Rift : Les Comores: porte d'entrée du virus?

Auteurs : Roger M (1,2), Foray C (1,2), Licciardi S (1,3), Maquart M (1,3), Halifa M (4), Olive MM (1,2,5), Girard S

(2,6), Faharoudine A (4), Heraud J.M.(5), **Cardinale E** (1,2) Institutions : (1) Centre de Recherche et de Veille sur les maladies émergentes dans l'Océan Indien (CRVOI), Sainte Clotilde, La Réunion (2) Centre International de Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD), Montpellier, France (3) Cyclotron et Recherche Biomédicale de l'Océan Indien (CYROI), Sainte Clotilde, Réunion (4) Vice Présidence en charge du Ministère de la Production, de l'Environnement, de l'Industrie, de l'Energie et de l'Artisanat, Moroni, Union des Comores (5) Institut Pasteur de Madagascar (IMP), Antananarivo, Madagascar (6) Association des Eleveurs Mahorais, Mutsamudu, Mayotte eric.cardinale@cirad.fr

Identifié à Madagascar depuis 1979, le virus de la Fièvre de la Vallée du Rift (FVR) provoque régulièrement épidémies et épizooties dans la région Océan Indien. Lancé en 2009, le programme "AnimalRisk" a déjà mis en évidence lors de sa première phase, un passage important du virus dans la région et notamment dans tout l'archipel des Comores pour lequel aucune information n'était connue à ce jour. En effet, plus d'un ruminant comorien sur trois prélevé a été testé positif à la recherche d'anticorps anti-FVR. La prévalence globale de la maladie est de 32.8% (28.6% - 36.9%) et varie en fonction des îles avec Anjouan 26.6% (20.0% - 33,3%), Grande Comore 34.3% (28,7% - 40,0%) et Mohéli 45.8% (31.7% - 59.9%). Cette nouvelle donnée, aussi importante, méritait d'être complétée afin de savoir si le virus était toujours présent dans l'archipel. L'importation régulière de ruminants tanzaniens par l'Union des Comores ainsi que les échanges formels et informels de personnes et d'animaux entre les îles de la zone sont des risques d'introduction ou de réintroduction des pathogènes et notamment du virus de la FVR. Plus encore, les facteurs potentiels d'endémisation de la maladie doivent être identifiés et caractérisés afin d'évaluer le risque d'apparition de futures épidémies ou épizooties. Pour répondre à ces questions, un large dispositif a été mis en place lors de la seconde phase du programme « AnimalRisk » dans tous les pays de l'Océan Indien affectés par cette maladie. Pour deux zones de Madagascar, cinq de Mayotte et quatre de l'Union des Comores, des animaux sentinelles ont été identifiés et un suivi sérologique et virologique a été réalisé pendant au moins un an. Des nouvelles données sur les flux d'animaux ont été également collectées suite à la mise en place d'un suivi mensuel des échanges au niveau des points d'entrées/sorties probables d'animaux dans les îles de l'archipel des Comores. En parallèle, la caractérisation du milieu ainsi que des pratiques d'élevage et de commercialisation a été effectuée. Enfin, un suivi entomologique, mené en même temps que le suivi animal, a été réalisé sur les mêmes zones afin de recenser les espèces entomologiques hématophages et les vecteurs potentiels du virus de la FVR. Les résultats préliminaires de ce second volet du programme « AnimalRisk » vont tous dans le même sens. Le virus de la FVR est bien présent et circule en période inter-épidémique dans tous les pays de l'étude. Ainsi, pour la seule Union des Comores, sur une moyenne de 20 animaux suivis par site pour Anjouan et Mohéli et 35 pour la Grande Comore, onze animaux ont séroconverti. Les séroconversion ont été observées sur les trois îles mais l'incidence la plus élevée est observée à Mohéli avec 35.9% des animaux naifs de l'étude ayant séroconverti sur 15 mois.

6 Circulation de la Fièvre de la Vallée du Rift à Mayotte : Quels sont les facteurs de risque d'infection du cheptel de ruminants?

Auteurs : Girard S. (2,3), Jégo M.(2,3), Maquart M.(1), Olive M.M.(1,2), Licciardi S.(1,2), Roger M.(1,2), Biteau F. (4), Merot P. (4), **Cardinale E.**(1,2).

Institutions : (1) Centre de Recherche et de Veille sur les maladies émergentes dans l'Océan Indien (CRVOI), Sainte Clotilde, La Réunion

(2) Centre International de Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD), UMR CMAEE Montpellier, France (3)

Association des Eleveurs Mahorais, Mutsamudu, Mayotte (4) Services vétérinaires de Mayotte, eric.cardinale@cirad.fr

L'arrivée de la Fièvre de la Vallée du Rift (FVR) dans la zone Océan Indien, par différentes voies, pose le problème de la circulation virale au sein des îles et entre elles. Le programme « AnimalRisk » qui a débuté en 2008 a dressé, dans une première phase, un bilan de la situation sanitaire des cheptels de ruminants dans les différentes îles de l'Océan Indien :

Comores, Madagascar, Maurice, Réunion et Seychelles. Dans une deuxième phase, il tente de comprendre les déterminants de l'épidémiologie de cette maladie. A Mayotte, après l'épizootie de 2008, de nombreuses séroconversions ont ainsi été mises en évidence au sein des troupeaux de ruminants. Les objectifs de notre étude sont de mettre en évidence une circulation virale à bas bruit chez les ruminants en période inter épizootique au sein du cheptel mahorais et identifier les facteurs de risque majeurs d'infection afin de mieux contrôler cette maladie. Pour ce faire, d'une part, un suivi sérologique mensuel (Mars à Août) a été effectué dans cinq élevages situés sur dans différentes zones de l'île. La recherche d'anticorps anti-FVR a été effectuée sur les sérums à l'aide d'un kit de diagnostic ELISA. D'autre part, une enquête sur les pratiques d'élevage et l'environnement a été conduite chez 35 éleveurs du suivi sentinelle FVR des vétérinaires sanitaires ; des prélèvements de sang sur les ruminants de l'exploitation ont accompagné chaque visite. Les résultats sérologiques mettent en lumière une circulation virale silencieuse au sein des cheptels mahorais avec une prévalence de 32% (28%-34%). L'analyse statistique par sélection de modèles (critère d'information d'Akaike) et inférence multi-modèle a permis de montrer que l'abattage sur les exploitations (OR =2.4), le contact des animaux avec un point d'eau (OR=2.6), la faible distance point d'eau/élevage (OR=3.5) et le type de végétation (OR=2.5) constituent des facteurs de risque majeurs d'infection.

7 Etudes sur la Fièvre de la Vallée du Rift à Madagascar : comprendre les mécanismes de persistance et diffusions du virus

Auteurs : Vincent Michel Rakotoharinome¹, Marie-Marie Olive^{2, 3}, Julie Ravaomanana⁴, R. Rakotondravao⁴, Nomena Andriamanampy¹, Jonia Rasolofoniaina¹, Jean-Théophile Rafisandrantsosa³, Thiery Nirina Jean Jose Nepomichene³, Lala Andrianaivolambo³, Nasolo Ratsimandresy¹, Matthieu Roger², Marianne Maquart², Nohal Elissa³, Jean-Michel Heraud³, Eric Cardinale²

Institutions : ¹ Direction des Services Vétérinaires (DSV) ; ² UMR CMAEE CIRAD / CRVOI ; ³ Institut Pasteur de Madagascar ; ⁴ Département de recherches Zootechniques et Vétérinaires (FOFIFA - DRZV). rakotoharinomevincent@yahoo.fr

Introduction : A Madagascar, les premières épidémies et épizooties de Fièvre de la Vallée du Rift (FVR) ont été rapportées en 1990-1991. A la suite des épidémies et épizooties de FVR en Afrique de l'Est en 2006-2007, la FVR a été détectée dans les îles du sud ouest de l'Océan Indien (Union des Comores, Madagascar) en 2007 et 2008. A Madagascar, le premier cas humain a été détecté en Janvier 2008 suivi de nombreux cas humains et animaux jusqu'en mars 2009. Des études rétrospectives ont montré que le VFVR avait largement circulé dans le pays depuis 2007. Au cours d'une épidémie, des moustiques ont été collectés autour des cas et des pools de femelles non gorgées composées d'*Anopheles coustani*, *Anopheles squamosus/cyldippis* et *Culex antennatus* ont été trouvés infectés par le VFVR, suggérant que ces espèces auraient pu jouer un rôle dans la transmission du virus. Les analyses phylogénétiques des souches ayant circulé lors des épisodes de 2008-2009 ont montré que le virus était génétiquement proche de celui ayant circulé en 2006-2007 au Kenya suggérant une nouvelle introduction du virus à Madagascar depuis l'Afrique de l'Est. Les mécanismes d'introduction, de maintenance et de diffusion du VFVR à Madagascar restent à élucider. Pour une meilleure compréhension de ces mécanismes, plusieurs études ont été mises en place dans le cadre du programme de coopération scientifique sur les maladies émergentes dans l'Océan Indien (OI) : le PCSMAE AnimalRisk avec pour objectifs (i) détecter une circulation à bas-bruit du VFVR, (ii) déterminer les espèces de moustiques pouvant être impliquées dans cette circulation à bas-bruit, (iii) déterminer si le virus circulant actuellement est génétiquement similaire à celui circulant en 2008-2009 et enfin (iv) identifier des facteurs de risque et les mécanismes associés à cette circulation et à la dissémination de VRFV à Madagascar, (v) étudier les flux de ruminant à l'intérieur du pays et entre les îles du sud ouest de l'OI

Méthodes : Un troupeau sentinelle a été mis en place dans deux zones agro-écologiques différentes à Tuléar (Sud) et Mampikony (Nord-Ouest). Cent cinquante zébus (60 à Mampikony et 90 à Tuléar) âgés de 6 mois à 13 mois au début de l'étude ont été identifiés et prélevés mensuellement. Les prélèvements de sérums ont été testés pour une recherche en Immunoglobuline (Ig) M et Ig G dirigées contre le VFVR par ELISA sandwich et ELISA indirect respectivement. Des captures entomologiques ont été organisées dans les sites d'étude en mai et septembre 2010 et mars 2011 pour Tuléar ainsi qu'en avril 2010 et avril 2011 à Mampikony. Enfin une étude sur les flux commerciaux de ruminants dans le pays et entre les îles de l'OI a été menée.

Résultats : Durant la période d'étude 53 animaux ont été détectés positifs en IgM dirigées contre le VFVR, traduisant une circulation récente du VFVR. Le nombre d'animaux positif en IgM est plus élevé à Tuléar qu'à Mampikony (respectivement 38 et 15 animaux). Le pic de nouveaux individus en contact avec le VFVR est situé en janvier 2011. La détection du VFVR par RT-PCR dans les sérums récoltés est en cours. Les enquêtes menées dans les ports situés au nord et au nord ouest de Madagascar ne nous ont pas permises d'identifier des importations illicites d'animaux vivants ou denrées alimentaires d'origine animale (DAOA) depuis l'Afrique de l'Est ou l'Archipel des Comores. En revanche, nos enquêtes nous ont permis de déterminer que des exportations de bovins avaient eu lieu depuis le port de Manjunga à destinations des Comores. L'étude sur les flux de bovins dans le pays, nous a permis de déterminer et quantifier les flux d'animaux entrant et sortant des marchés à zébus d'Ambalavao, Ihosy et Ampanotonkana et les flux entrant à Antananarivo. Au total, 10 849 moustiques dont 5 genres et 31 espèces à Mampikony et 5 706 moustiques dont 4 genres et 16 espèces à Tuléar ont été identifiés. En 2010, les vecteurs potentiels (seules les trois espèces citées plus haut sont concernées) représentaient 67,2% des 5 871 moustiques capturés à Mampikony contre 28,9% des 547 capturés à Tuléar; en 2011, ces taux étaient de 44,6% et 18,5% pour un total de 4 978 et 5 159 moustiques capturés à Mampikony et Tuléar respectivement.

Discussion et conclusions : Nos premiers résultats montrent que le VFVR circule au sein des troupeaux sentinelles sans qu'aucune alerte (mortalité de jeunes ou avortements) n'ait été détectée dans les zones d'études. Le VFVR semble circuler à bas bruit et sans provoquer d'épizooties tout au long de l'année avec cependant une probable augmentation durant le début du mois de la saison des pluies. Les analyses des résultats notamment des facteurs de risque pouvant être associés à ces circulations est en d'animaux vivants ou DAOA. Cependant, ce type d'enquêtes est difficile à mener et il est donc important de toujours considérer le risque d'introduction du VFVR par des importations illicites d'animaux sur pieds ou de DAOA. Certains grands marchés à zébus du pays restent encore à enquêter notamment ceux de Tsiroanomandidy et Mampikony. Cette étude sur les flux de bovins pourrait nous permettre de mieux comprendre la dissémination de la maladie lors des épidémies de 2008-2009. Les résultats de ces études pluridisciplinaires, nous permettrons de mettre en place des mesures de prévention et de lutte contre la FVR à Madagascar.

8 Description et analyses du réseau commercial des bovins sur les Hautes Terres de Madagascar et rôle potentiel dans la diffusion de la Fièvre de la Vallée du Rift

Auteurs : **Nicolas. G.**, Durand, B., Duboz R., Rakotondravao R., Chevalier V.

Institutions : nicolas.gaelle@yahoo.fr

La Fièvre de la Vallée du Rift, isolée pour la première fois en 1979 sur les hauts plateaux malgaches, a causée des épidémies en 1991 et 2008. En 2008, des cas humains et animaux ont été identifiés dans le district d'Anjozorobe. Une étude sérologique des bovins identifiés de cette zone a montré un taux de séroprévalence de 28% pour cette même année. L'analyse des données suggère une circulation récurrente du virus de la FVR dans cette zone, favorisée par les mouvements commerciaux de bovins. Le rôle des mouvements de bétails ayant déjà été mis en évidence dans la diffusion des maladies animales, l'objectif de cette étude était de décrire et analyser le réseau commercial des bovins de la zone d'Anjozorobe et de déterminer le lien potentiel entre la structure du réseau et la circulation du virus dans la zone.

Une enquête auprès des éleveurs de la zone a été menée de Février à Juillet 2009 afin de collecter les données commerciales. Ces données ont été utilisées pour construire le réseau commercial, les villages étant définis comme nœuds et les mouvements d'animaux comme liens. Dans le même temps, les bovins qui étaient séronégatifs en 2008 ont été ré-échantillonnés en 2009 afin de détecter des séroconversions. Un taux d'incidence intra-village annuel a été estimé. Une analyse multivariée a été menée pour étudier l'association entre l'occurrence de séroconversion dans chaque village (variable binaire), et les paramètres de centralité (degrés d'échanges et d'achat/vente) ainsi qu'une variable environnementale qui avait précédemment été liée au risque de transmission (distance du village au point d'eau le plus proche) et le taux de séroprévalence en 2008 (i.e., niveau de couverture immunitaire du cheptel bovin). Du fait de la non-dépendance des observations (les villages sont liés par le commerce d'animaux), une procédure bootstrap a été utilisée pour estimer l'effet des variables explicatives.

L'enquête incluait 777 animaux et 386 éleveurs de 41 villages parmi 52 existants dans la zone d'étude. Le taux d'incidence intra-village s'étalait de 0% à 20%. Deux types de mouvements commerciaux de bovins ont été observés : échanges et achats/ventes. Deux différents réseaux ont donc été construits et analysés. La distribution des degrés suggère que les deux réseaux sont libres d'échelle avec un fort degré d'hétérogénéité. Une significative mais faible corrélation a été observée entre les deux réseaux (0.16, $p < 0.0001$). Le modèle multivarié impliquait le degré freeman de chaque réseau (échanges et achats/ventes), le niveau de séroprévalence en 2008 pour chaque village et la distance moyenne entre chaque village et le point d'eau le plus proche. Comme attendu, une association négative a été observée entre l'occurrence de séroconversion dans les villages et le niveau de couverture immunitaire de chaque village. Il en a été de même pour la distance au point d'eau le plus proche. Les degrés du réseau d'échanges étaient positivement liés à l'occurrence de séroconversions, alors qu'aucune association n'a été observée entre la variable de réponse et les degrés du réseau d'achats/ventes.

Les deux types de mouvements observés (échanges et achats/ventes) créent deux différents réseaux. Les deux sont libres d'échelle et pourraient être formés par attachement préférentiel, du fait de la meilleure réputation de quelques éleveurs ou villages. La faible corrélation des réseaux d'échanges et d'achats/ventes suggère que le critère utilisé pour établir une telle réputation est différent pour les éleveurs et les commerçants. Les résultats montrent que le réseau d'échanges pourrait être le support de l'introduction du RVFV dans les villages, alors que le réseau d'achats/ventes serait probablement plus impliqué dans l'introduction du RVFV dans la zone depuis d'autres parties de Madagascar. Finalement, l'effet négatif de la distance du point d'eau le plus proche suggère qu'après que le virus ait été introduit dans le village, la transmission vectorielle soit le support local (intra-village) de la circulation du virus.

9 (I) Histoire naturelle d'un virus zoonotique en mode insulaire : cas de la propagation du virus grippal pandémique H1N1p 2009 à La Réunion

Auteurs : **Cardinale Eric**, Pascalis H. (1,2), Temmam S. (1,3), Dsouli N. (1,2), Turpin M. (1,2), Rollot O. (4), Favier F. (4), Flahault A. (5), Carrat F. (6), De Lamballerie X. (7), Dellagi K. (1,2)

Institutions : 1. CRVOI, Site du Cyroi, 2 rue Maxime Rivière, 97490 Ste Clotilde 2. Institut de Recherche pour le Développement (IRD)

3. Ecologie microbienne (UMR 5557) CNRS-Université de Lyon, Lyon, France 4. Centre d'Investigation Clinique-Epidémiologie Clinique (CIC-EC) de La Réunion (INSERM / CHR / Université/ URMLR), Centre Hospitalier Régional, Saint-Pierre, La Réunion 5. Ecole des Hautes Etudes en Santé Publique, EHESP, Rennes-Sorbonne Paris Cité 6. Epidémiologie des Maladies Infectieuses et Modélisation (UMR-S 707), INSERM-Université Pierre et Marie Curie, Paris, France 7. Unité des Virus Emergents (UMR-S 190), IRD-Université de la Méditerranée, Marseille, France, eric.cardinale@cirad.fr

En mars 2009, un nouveau virus Influenza A a émergé au Mexique et aux Etats-Unis, caractérisé par une combinaison de segments génomiques d'origines humaine, porcine et aviaire. La diffusion très rapide de ce virus au reste du monde a spécifié la 1ère pandémie grippale du 21ème siècle. Le 1er cas confirmé à La Réunion, chez un voyageur en provenance d'Australie, date du 5 juillet 2009. Dès le 21 Juillet 2009, date du premier cas à transmission indigène rapporté par La CIRE-Réunion-Mayotte, le CRVOI et le CIC-EC de La Réunion ont lancé une enquête prospective en cohorte populationnelle, le programme CoPanFlu-Run. Son objectif est de décrire l'histoire naturelle de l'infection en population générale ainsi que mesurer les paramètres épidémiologiques, virologiques et sociologiques de l'épidémie. L'étude sérologique a révélé que La Réunion a été fortement impactée par l'épidémie grippale, surtout chez les enfants d'âge scolaire : près de 63% des moins de 20 ans ont séroconverti, un peu moins de 40% pour la tranche d'âge 20-59 ans, et 16,7% pour les plus de 60 ans. Comparés à l'estimation de la CIRE-Réunion-Mayotte qui annonce un taux d'attaque de 12.5% de formes symptomatiques ayant eu recours aux services sanitaires, ces résultats montrent la grande diffusion de l'épidémie sous forme peu ou pas symptomatique et sa grande bénignité à l'échelle communautaire. Notre étude montre par ailleurs que les taux d'anticorps au 1/40 cross réactants avec le virus pandémique présents éventuellement avant le passage épidémique protègent contre la séroconversion. L'étude virologique, a permis de détecter le virus pandémique dans les prélèvements nasaux de 71 individus dont la plupart étaient symptomatiques. Elle a en outre mis en évidence l'existence d'une co-circulation d'autres virus respiratoires (essentiellement rhinovirus et coronavirus) en population générale avant, pendant, et après le passage de la vague épidémique. Le séquençage de 28 souches de virus H1N1p 2009 détectées au sein de notre cohorte réunionnaise, a permis leur analyse phylogénétique. Les souches réunionnaises, bien qu'issues du clade 7 au niveau mondial, dans lequel, on retrouve les souches indiennes, australiennes et japonaises, forment un clade à part entière. Par ailleurs, il semble que l'origine des souches analysées n'est vraisemblablement pas australienne comme supposée au départ de l'épidémie, et qu'au moins 2 introductions concomitantes se sont produites à La Réunion. La première datant du 26 juin 2009, c'est-à-dire, 1 mois avant la datation de la circulation virale active estimée par la CIRE, et la seconde datant du 8 juillet 2009. Finalement, une fois que la vague épidémique en population s'est éteinte en moins de 9 semaines, l'étude du cheptel porcin a montré un passage substantiel chez l'animal qui se maintient jusqu'à ce jour. (Eric Cardinale)

10 (II) Histoire naturels d'un virus zoonotique en mode insulaire : cas de la propagation du virus grippal pandémique H1N1p 2009 à la Réunion, de l'homme au porc, il n'y a qu'un pas.

Sous-titre : (suite) : **De l'homme au porc, il n'y a qu'un pas !**

Auteurs : **Cardinale E.** (1,2), Pascalis H.(2,3), Temmam S.(2,4), Herve S.(5), Turpin M.(2,3), Hoarau J. (1,2), Roger M. (1,2), Porphyre V. (1), Bonnet-Madin L. (2), De Lamballerie X. (6), Dellagi K.(2,3), Simon G (5).

Institutions : 1. Centre International de Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD), UMR CMAEE 34398 Montpellier, France

2. CRVOI, Site du Cyroi, 2 rue Maxime Rivière, 97490 Ste Clotilde 3. Institut de Recherche pour le Développement (IRD) 4. Ecologie microbienne (UMR 5557) CNRS-Université de Lyon, Lyon, France 5. Anses Unité VIP, Site des croix des fusillés, 22440 Ploufragan, France

. Institut de Recherche pour le Développement (IRD) 6. Unité des Virus Emergents (UMR-S 190), IRD-Université de la Méditerranée, Marseille, France, eric.cardinale@cirad.fr

Bien que n'ayant jamais été identifié chez le porc avant d'être détecté chez l'Homme, il a été craint, dès l'émergence du virus influenza A/H1N1 responsable de la pandémie de 2009 (pH1N1), que ce multi-réassortant n'ait la capacité de transgresser facilement la barrière d'espèce Homme/porc puisque tous ses gènes proviennent de virus influenza préalablement adaptés à l'espèce porcine. Peu de temps après son identification chez l'Homme fin avril 2009, des élevages étaient d'ailleurs déclarés infectés en Amérique du Nord, puis partout dans le monde. A l'issue de la phase pandémique en août 2010, des cas étaient rapportés dans une vingtaine de pays. L'Homme a été suspecté être à l'origine de l'infection dans la majorité d'entre eux. Les porcs touchés ont généralement développé un syndrome grippal commun, sans mortalité. On relèvera que certains cas ont également été détectés dans le cadre de programmes de surveillance active menée chez des porcs asymptomatiques. Des inoculations expérimentales ont par ailleurs confirmé la grande sensibilité des porcins. Les animaux inoculés ont présenté de l'hyperthermie, de l'apathie, des difficultés respiratoires et des lésions pulmonaires caractéristiques des infections à virus influenza chez le porc. Du virus a été retrouvé dans les sécrétions nasales jusqu'à 10 jours post-infection et a été transmis à des porcs sentinelles. Considérant ces données, il était légitime de craindre que le pH1N1 s'adapte à l'espèce porcine, comme d'ailleurs les virus responsables des pandémies de 1918 et 1968, la transmission des virus influenza de l'Homme vers le porc étant en outre favorisée lorsque la pression d'infection est très forte. Des investigations sérologiques ont donc été menées sur des animaux reproducteurs, la mise en évidence d'anticorps spécifiques chez ces animaux pouvant révéler l'éventuel passage du virus pH1N1 dans la population porcine. Ainsi, 120 reproducteurs (115 truies de réforme et 5 verrats) âgés de 3 à 5 ans et provenant de 57 élevages différents, ont été prélevés suite à tirage au sort dans l'unique abattoir de l'île, entre novembre 2009 et février 2010. 98/120 sérums (81,6% de l'échantillon analysé) se sont révélés contenir des anticorps anti-virus pH1N1, ceci à des titres relativement élevés puisque 54,2 % d'entre eux ont présenté un titre IHA supérieur ou égal à 160. Une deuxième étude, menée en juin-juillet 2010, a alors porté sur 390 porcs charcutiers, âgés au maximum de 7 mois, c'est dire nés au plus tôt en novembre 2009 et n'ayant donc pas pu être infectés par l'Homme, le virus ne circulant plus de manière significative dans la population humaine à compter de cette date. L'objectif de cette enquête était i) de déterminer le statut sérologique de cette génération de porcs charcutiers vis-à-vis du pH1N1 et ii) de tenter, par des analyses virologiques, de détecter le virus en cas de circulation active. Des anticorps ont été détectés dans 9/320 sérums analysés (soit 2,8%), à des titres allant de 20 à 160. Les analyses virales ont été effectuées par RT-PCR sur le gène M puis H1 et N1 ; du génome de virus influenza A pH1N1 a été détecté dans 14 / 390 prélèvements, lesquels provenaient de 5 élevages différents. Les caractérisations antigéniques (par tests IHA) et génétiques (séquençage des gènes HA et NA) de cet isolat (A/Sw/LaRéunion/0164/10) ont confirmé son appartenance au lignage pH1N1. Depuis la surveillance est maintenue mais les cas d'infection des porcs avec le virus Influenza A pH1N1 restent sporadiques.

11 Détection du virus de l'hépatite E chez le porc à Madagascar

Auteurs : **Porphyre Vincent**, BESNARD Lydia, TEMMAM Sarah, RASAMOELINA ANDRIAMANIVO Harentsoaniaina, PASCALIS Hervé, PAVIO Nicole

Institutions : CIRAD, CRVOI, FOFIFA-FRZV, ANSES, vincent.porphyre@cirad.fr

L'hépatite E est une maladie à transmission oro-fécale qui peut déclencher des hépatites fulminantes, et atteindre un niveau de mortalité de 1 à 4%, voire 20% chez la femme enceinte. L'agent responsable de cette pathologie est le Virus de l'Hépatite E (VHE), seul membre de la famille des Hepeviridae. Les génotypes 1 et 2 sont inféodés uniquement à l'homme et sont responsables d'épidémies dans les pays en développement ; les génotypes 3 et 4, responsables de cas sporadiques, sont inféodés à la fois à l'homme et à l'animal. Ces dernières années, des cas de transmission zoonotique via la consommation de foies de porcs contaminés ont été documentés, notamment à Mayotte et à La Réunion. Aucune étude dans la zone Océan Indien sur les risques de transmission du VHE du porc à l'Homme n'a été conduite à ce jour. L'objectif de notre étude est donc d'investiguer la présence du VHE dans des foies de porcs de Madagascar.

Deux cent cinquante foies de porcs ont été prélevés dans 4 abattoirs d'Antananarivo de novembre 2010 à janvier 2011. La détection du virus s'est faite sur broyats de foie via deux méthodes : une méthode de PCR nichée dérivée de Gyarmati et al. (2007 : in J Virol Methods), et une méthode de RT-PCR en temps réel (Jothikumar et al. 2006 : in J Virol Methods). En parallèle, une PCR nichée permettant l'amplification d'un long fragment de 1kb a été mise en place afin de permettre le séquençage et le génotypage des souches de VHE détectées.

Trois des 250 foies testés (1.2%) ont été détectés positifs pour le VHE. Le séquençage d'un fragment de 1 kb a révélé que ces trois souches de VHE appartiennent au génotype 3. Ces trois souches, isolées sur des animaux provenant de régions d'élevage différentes (une sur la côte littorale Nord-Ouest, et les 2 autres sur les hauts plateaux), semblent former un sous-clade malgache distinct. Cette étude représente la première mise en évidence de la présence et de la circulation active du virus de l'hépatite E dans la zone océan indien.