

**9<sup>ème</sup> journée Dakaroise**  
**De l'Unité de Recherche sur les Maladies**  
**Infectieuses et Tropicales Emergentes**  
**(UMR 198)**



**Jeudi 10 novembre 2016**

**Campus International de Recherche IRD-UCAD de Hann**

**PROGRAMME DE LA 9<sup>ème</sup> JOURNEE DAKAROISE DE L'URMITE**  
**Unité de Recherche sur les Maladies Infectieuses et Tropicales Émergentes**  
**Jeudi 10 novembre 2016 - Campus Universitaire de l'IRD à Hann**

**09:00 - 09:40 Introduction**

09:00 - 09:40 Didier Raoult – Evolutions et Stratégies de l'URMITE

**Président de séance : Oumar Gaye (UCAD)**

09:40 - 09:50 Jean-Christophe Lagier – Projet « avortement » au Sénégal

09:50 - 10 :00 Aldiouma Diallo –Projet Doxycycline/Ampiciline

10:00 - 10:10 Codou Ndiaye– Projet « savon » à Dielmo et à Ndiop

10:10 - 10:20 Oleg Mediannikov – Recherche de pathogènes émergents au Sénégal

10:20 - 10:30 Sokhna Ndongo – Culturomics du microbiote humain

**10:40 - 11:00 Pause café**

**Président de séance : Ogobaro Doumbo (MRTC, Bamako)**

11 :00 - 11 :10 Capitaine Ndao – Etat de conservation du Parc National Niokolo Koba

11 :10 - 11 :20 Georges Diatta – Mission « Primates » au Sénégal

11 :20 - 11 :30 Cédric Abat – Surveillance des évènements anormaux (EPIMIC)

11:30 - 11 :40 M A Barry- Surveillance sentinelle syndromique au Sénégal

11 :40 - 11 :50 Masse Sambou- Point of Care (POC) de Niakhar

11 :50 - 12 :00 Hubert Bassène- Microbiote des vecteurs du paludisme

**12:30 – 14:00 Déjeuner**

**Président de séance : Hervé Tissot-Dupont (URMITE, Marseille)**

14:30 -14:45 Cheikh Sokhna - Lancement du MOOC - PALU

14:45 - 15:00 Nafissatou Diagne – Paludisme à Dielmo et Ndiop

15:00 - 15:15 Rokhaya Sané – Infections sub-microscopiques palustres

15:15 - 15:30 El Hadji Ba- Projet d'éliination du paludisme au Sénégal

15:30 - 15 :45 Omar Thiaw - Sensibilité de *An. gambiae s.l* aux insecticides à Dielmo

16:00 - 16:15 Ndeye D Faye- Préférence trophique des *Anopheles arabiensis*

16:15 - 16:30 Laurence Fleury – Projet de refonte du système d'information des observatoires de Bandafassi, Mlomp et Niakhar

**17:00 Discussion générale et clôture officielle**

# Résumé des présentations orales

## Auto-prélèvements vaginaux et causes de fausses couches spontanées en zone rurale au Sénégal

Jean-Christophe Lagier, Safietou Fall, Nafissatou Diagne, Cheikh Sokhna

Aix Marseille Université, Unité des Rickettsies, Unité de Recherche sur les Maladies Infectieuses et Tropicales Emergentes (URMITE), UM63, CNRS 7278, IRD 198, INSERM 1095, 13005 Marseille, France and Campus commun UCAD-IRD d'Hann, Dakar, Sénégal.

La plupart des cancers du col de l'utérus liés à HPV sont détectés dans les pays en voie de développement. L'opposition personnelle à l'examen périnéal souvent liée à des raisons de pudeur a été surmontée par l'utilisation des auto-prélèvements vaginaux qui peuvent aussi être utilisés pour détecter des agents d'infections sexuellement transmissibles ou de vaginose. Cinquante-huit études ont été réalisées dans des pays à faibles ressources, principalement des études réalisées pour détecter HPV dans les zones urbaines et péri-urbaines et ont démontré une excellente acceptabilité. Notre hypothèse est que ces auto-prélèvements pourraient être utilisés pour explorer les causes infectieuses de fausses-couches spontanées. Ainsi, après l'accord du comité national d'éthique du Sénégal, nous avons proposé d'évaluer la faisabilité et l'acceptabilité de ces auto-prélèvements au Sénégal dans les villages de Dielmo et N'Diop en établissant le répertoire des agents infectieux détectés, avant d'utiliser cette technique pour rechercher les causes infectieuses de fausses-couches spontanées.

Après une première étape d'explication du protocole en compagnie de la matrone du village, l'étape d'évaluation de l'acceptabilité a permis de réaliser des prélèvements à 133 femmes, soit 82% des femmes de la tranche d'âge ciblée vivant dans un des 2 villages. Parmi elles, 95% n'ont connu aucune difficulté et se disent prêtes à refaire ces prélèvements en cas de fausses-couches spontanées. La moyenne d'âge était de 33 ans. Sur 617 grossesses déclarées, 522 enfants étaient nés en bonne santé, alors que dans 95 cas (15%) on notait une des complications suivantes : 58 cas d'avortement spontané, 24 cas d'enfant mort-nés, 9 cas de malformation et 4 morts néonatales.

Les résultats préliminaires de ces prélèvements (sur une partie des échantillons seulement) permettent de tirer plusieurs enseignements :

- La détection d'albumine humaine (témoin de la qualité du prélèvement) était positive dans 100% des prélèvements à la recherche d'HPV et dans 98% des prélèvements bactériologiques
- La détection des HPV oncogènes les plus fréquents est relativement faible (1 cas d'HPV16, 2 cas d'HPV 18). Treize cas sont en cours de séquençage pour confirmation.
- Il n'y a pas de circulation d'agents d'infections sexuellement transmissibles classiques (aucun cas de gonocoque ou de syphilis)
- La prévalence des vaginoses bactériennes, révélées par les prélèvements positifs à *Atopobium vaginae* (20% contre 4 à 5% à Marseille) est élevée
- Trois cas de détection de *Coxiella burnetii* sur un des 2 gènes ont été relevés et sont en cours de confirmation

Enfin, trois cas d'avortement spontanés ont bénéficié de prélèvements qui sont en cours d'analyse.

Au total, nous avons démontré la faisabilité des auto-prélèvements vaginaux en zone rurale au Sénégal et son application à la recherche de causes infectieuses d'avortement spontanés et autres complications de la grossesse qui représentent 15% des grossesses à Dielmo et N'Diop.

**Une approche de traitement des malades fébriles non palustres au Sénégal avec la doxycycline en dose unique en comparaison avec l'amoxicilline.**

**Aldiouma DIALLO, Hubert BASSENE, El Hadji BA, Georges DIATTA, Jean  
Christophe LAGIER, Cheikh S SOKHNA, Didier RAOULT.**

Aix Marseille Université, Unité des Rickettsies, Unité de Recherche sur les Maladies Infectieuses et Tropicales Emergentes (URMITE), UM63, CNRS 7278, IRD 198, INSERM 1095, 13005 Marseille, France and Campus commun UCAD-IRD d'Hann, Dakar, Sénégal.

**Type d'étude :** Il s'agit d'un essai thérapeutique pragmatique de comparaison de deux produits (amoxicilline et doxycycline) déjà sur le marché dans le cadre de la prise en charge de maladie fébrile d'origine infectieuse. L'étude sera de non infériorité randomisée, l'attribution des traitements sera stratifiée selon le poste de santé où les patients seront admis.

**Justification :** La fièvre constitue le maître symptôme de la pathologie infectieuse. Dans les pays tropicaux la fièvre liée au paludisme occupe une part prépondérante. Cependant l'incidence palustre grâce aux stratégies mise en place pour lutter contre le paludisme a beaucoup diminué et par la même occasion cela a permis aussi de mettre au premier plan les autres causes de fièvres objets de consultations dans les structure de santé.

Les travaux de l'UMR 198 (IRD) à Dielmo, Ndiop, Niakhar, Keur Momar Sarr, Bandafssi et Mlomp (zone de suivi populationnel) sur les maladies émergentes au Sénégal ont montré que beaucoup de fièvres d'origines infectieuses y étaient présentes et répondaient à un traitement en première intention avec la doxycycline permettant de guérir les patients dans un bref délai.

Nous voudrions mettre en place une étude opérationnelle thérapeutique avec un schéma en 2 bras comportant la doxycycline en prise unique comparée au traitement à base d'amoxicilline (53%) classiquement utilisé dans les structures de santé contre les fièvres non palustres pour une efficacité d'au moins de non infériorité.

**Méthodologie :** l'étude sera réalisée chez les personnes (270) tout venant, consultant dans une structure sanitaire pour une fièvre non palustre et répondant aux critères d'inclusion. Chaque patient sera suivi au moins 7 jours pour attester de la guérison clinique.

Le jugement principal sera fondé après un an de conduite de l'étude sur le pourcentage de sujets qui seront guéris cliniquement après un traitement avec une dose unique de doxy (200 mg) par rapport à ceux qui seront traités par l'amoxicilline (50 à 100mg/kg/24h pendant 5 jours) après 7 jours de suivi de ces mêmes sujets.

**Mots clefs :** Fièvres non palustres, essai pragmatique, traitement doxy amoxy.

**Évaluation de la promotion de l'hygiène corporelle dans la prévention des maladies  
infectieuses en milieu rural au Sénégal**

**Codou Ndiaye<sup>1</sup>, Hubert Bassène<sup>1</sup>, Jean-Christophe Lagier<sup>1</sup>, Didier Raoult<sup>1,2</sup>, Cheikh  
Sokhna<sup>1\*</sup>**

<sup>1</sup>Aix Marseille Université, Unité des Rickettsies, Unité de Recherche sur les Maladies Infectieuses et Tropicales Emergentes (URMITE), UM63, CNRS 7278, IRD 198, INSERM 1095, 13005 Marseille, France and Campus commun UCAD-IRD d'Hann, Dakar, Sénégal.

<sup>2</sup>AP-HM, CHU Timone, Pôle Infectieux, 13005 Marseille, France.

**\*Corresponding author email: Cheikh Sokhna**

Les maladies infectieuses sont une des premières causes de morbidité et mortalité dans le monde. Mais, leur impact dépend grandement de la situation géographique et des conditions d'hygiène. L'application de ces règles d'hygiène tient une grande place dans la stratégie appliquée par l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) pour la prévention des maladies transmissibles en collectivité. Ces mesures portent essentiellement sur l'hygiène individuelle des mains, des aliments et des locaux. Une application stricte de ces mesures permet de prévenir la propagation des agents infectieux. Elles doivent s'appliquer au quotidien même en dehors de toute infection déclarée. Le lavage des mains au savon peut limiter la transmission des maladies respiratoires et diarrhéiques, responsables du plus grand nombre de décès d'enfants de moins de 5 ans. En zone rurale, pour prévenir la survenue de maladies infectieuses liées au manque d'hygiène corporelle, nous avons mis en place une étude visant à évaluer l'impact de la promotion de l'hygiène corporelle pour appréhender la circulation de ces pathogènes infectieux au sein de la communauté.

## **Méthodologie**

Le premier passage des écouvillonnages cutanés a été effectué à la troisième semaine du mois de Janvier 2016, dans les villages de Ndiop (village test) et Dielmo (village control). Un écouvillonnage de départ a été réalisé au sein de la population d'étude avant la distribution des savons et servira de base de comparaison pour la suite de l'étude. En plus de l'écouvillonnage de départ réalisé avant la première distribution des savons, des écouvillonnages supplémentaires ont été réalisés tous les trois mois. Les écouvillonnages ont été réalisés au niveau des mains (deux pour chaque main). Un écouvillon servira pour l'identification bactérienne par MALDI-TOF et l'autre par biologie moléculaire. Des morceaux de savon ont été gratuitement distribués aux participants. Le chef de ménage et sa femme reçoivent chacun un savon. Les enfants du ménage, sont répartis par groupe de trois et ont reçu un savon par groupe. De la lessive a été distribuée pour éviter que le savon soit utilisé à d'autres fins. Un écouvillon de chaque main est consacré à l'isolement des bactéries. Les milieux d'isolement seront ensuite conservés au réfrigérateur (à 4°C) pendant une semaine au maximum avant d'être transférés à Dakar pour l'identification des colonies à l'aide du spectromètre de masse type MALDI-TOF. Les espèces bactériennes non identifiées par MALDI-TOF seront transférées au laboratoire de Marseille pour une identification moléculaire à l'aide de l'amplification en PCR standard du gène 16s RNA suivi du séquençage. Ensuite le second écouvillon de chaque main est consacré à l'identification moléculaire qui porte sur les bactéries pathogènes ciblées telles que *Streptococcus pneumoniae*, *Staphylococcus aureus*, *Rickettsia felis*, *Borrelia crocidurae*, *Tropheryma whipplei*, *Bartonella quintana*, *Streptococcus pyogenes* et *Coxellia burnetii*.

## **Résultats préliminaires des analyses moléculaires**

➤ Dans le village de Ndiop,

2536 prélèvements ont été analysés lors des trois passages et ont permis de mettre en évidence l'ADN bactérien de **19.28% (489/2536)** des prélèvements dont: **48 cas (1.89%)** d'infection à *Borrelia crocidurae*, **133 cas (5.24%)** d'infection à *Coxellia burnetii*, **104 cas (4.10%)** d'infection à *Staphylococcus aureus*, **191 cas (7.53%)** d'infection à *Streptococcus pneumoniae* et **13 cas (0.51%)** d'infection à *Streptococcus pyogenes*.

➤ Dans le village de Dielmo,

1412 prélèvements ont été analysés lors des trois passages et ont permis de mettre en évidence l'ADN bactérien dans **11.47% (162/1412)** des prélèvements dont : **3 cas (0.21%)** d'infection à *Borrelia crocidurae*, **37 cas (2.62%)** d'infection à *Staphylococcus aureus* **110 cas (7.79%)** d'infection à *Streptococcus pneumoniae* et **4 cas (0.28%)** d'infection à *Streptococcus pyogenes*.

Par contre l'ADN bactérien de *Tropheryma whippelii*, *Rickettsia felis* et *Bartonella sp* n'ont pas été détectés dans les deux villages.

### **Résultats préliminaires des analyses bactériologiques**

L'ensemencement des écouvillons obtenus à Ndiop et Dielmo au premier passage a permis d'isoler au total 924 colonies morphologiquement différentes. Les souches identifiées appartiennent à onze familles bactériennes : les *Staphylococcaceae* 78.24% (723/924), *Bacillaceae* 7.36% (68/924), *Enterococcaceae* 4.33% (40/924), *Micrococcaceae* 4.33% (40/924), *Microbacteriaceae* 1.73% (16/924) *Enterobacteriaceae* 0.97% (9/924), *Streptococcaceae* 0.76% (7/924), *Lactobacillaceae* 0.65% (6/924), *Aerococcaceae* 0.32% (3/924), *Dermabacteriaceae* 0.32% (3/924) et les *Moraxellaceae* 0.11% (1/924) Au sein des *Staphylococcaceae*, nous avons noté une présence importante de l'espèce *Staphylococcus aureus* 13,14% (95/723). Chez les *Bacillaceae*, une prédominance de *Bacillus pumillus* a été observée 60.29% (41/68).

**Mots-clés :** Évaluation - Promotion - Hygiène corporelle – Prévention - Maladies infectieuses - Sénégal

## **Epidémiologie de la fièvre à *R. felis* au Sénégal : nouvelles données**

**O. Mediannikov, F. Fenollar, M. Sambou, H. Bassene, N. Amanzougaghene, C. Sokhna, D. Raoult**



<sup>1</sup> Unité de Recherche sur les Maladies Infectieuses et Tropicales Emergentes (URMITE), UM63, CNRS 7278, IRD 198, INSERM 1095, Aix Marseille Univ, 13005 Marseille, France and Campus commun UCAD-IRD d'Hann, Dakar, Sénégal.

<sup>2</sup> AP-HM, CHU Timone, Pôle Infectieux, 13005 Marseille, France.

\*Corresponding author email: [olegusss1@gmail.com](mailto:olegusss1@gmail.com)

**Introduction.** Les causes de fièvre en Afrique ont été l'objet de peu d'études. La plupart des fièvres ont été considérées pendant longtemps étant d'origine palustre. A cause de cela, le répertoire des autres infections (surtout, bactériennes) a été négligé, en particulier, celui concernant les bactéries fastidieuses. Deux études indépendantes réalisées récemment, une de notre équipe au Sénégal et une autre au Kenya ont mis à l'évidence que l'infection à *Rickettsia felis*, une maladie que l'on a pensait rare, pourrait être une des causes des fièvres les plus importantes en Afrique sub-saharienne. L'épidémiologie de cette bactérie, ces vecteurs et réservoirs, par contre restent toujours très peu étudiés. Les études précédentes de notre équipe ont montré que la morbidité peut coïncider avec le paludisme, que les puces, contrairement à un avis général sur *R. felis*, ne portent pas cette bactérie au Sénégal et que les anophèles sont capables de transmettre l'infection sur un modèle animal. Récemment, il a été découvert que les parasites domestiques communs, les poux des livres (*Liposcelis* spp.) portent une souche spécifique de *R. felis*. Notre étude porte sur le rôle des poux des livres dans l'épidémiologie de la fièvre à *R. felis* au Sénégal.

**Méthodologie.** Nous avons collecté les poussières en dessous des matelas empaillés dans les villages de Dielmo et Ndiop. La culture des poux des livres a été isolé sur les flocons d'avoine à l'incubateur (28 C, 70% d'humidité). L'espèce a été identifié morphologiquement, les gènes de cytochrome oxydase I (*coxI*) ont été amplifiés et séquencés. Nous avons désigné les systèmes de PCR en temps réel pour (1) toutes les souches de *R. felis*, (2) spécifique pour la souche de *R. felis* isolée à partir des puces des chats *Ctenocephalides felis*, (3) spécifique pour la souche de *R. felis* isolée à partir des poux des livres *Liposcelis bostrychophila* et (4) pour le gène *coxI* de *L. aff. bostrychophila* isolée de Dielmo. Les écouvillons nasopharyngés (EN) et cutanés (EC) ont été collectés de villageois de Dilemo et Ndiop. L'ADN extraite a été testé par ces PCR.

**Résultats.** Nous avons identifié les poux des livres vivants dans 60% des poussières de lit collectées à Dielmo et à Ndiop. Les mêmes poussières ont été positives en PCR pour les *L. bostrychophila* dans 84%. Les souches des poux des livres isolées ont été morphologiquement identifiées comme *L. bostrychophila*, pas contre, cette souche s'occupe la position distincte sur un arbre phylogénétique (à la base de *coxI*). 3,4% des écouvillons nasopharyngés et 10,6% des écouvillons cutanés ont positifs pour *R. felis*. La plupart (78% d'EN et 86% d'EC) contiennent l'ADN de souche de *R. felis* des poux des livres. 5 échantillons sont positifs à la fois pour *R. felis* et les poux des livres (*coxI* gène).

**Conclusion.** Nos données préliminaires confirment que la présence de *R. felis* sur la peau et dans le nez peut être expliqué dans la plupart des cas par la contamination par les poux des livres contenant *R. felis*. Il reste à trouver si la présence de *R. felis* des poux des livres sur les muqueuses peut provoquer la maladies humaine.

## Exploration des bactéries anaérobies fastidieuses du microbiote digestif humain par culturomics

## **Ndongo Sokhna, Jean-Christophe Lagier, Didier Raoult.**

Aix Marseille Université, URMITE, Unité Mixte (UM) 63, Centre National de Recherche Scientifique (CNRS) 7278, IRD 198, Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale (INSERM 1095, 13005 Marseille, France

Le microbiote intestinal humain constitue un écosystème complexe qui contient une grande variété de micro-organismes dénommée microbiote (Tilg H et al. 2009). Il est composé par l'ensemble des microorganismes bactéries, archaea, levures et champignons filamenteux qui colonisent le tractus digestif (Finegold SM et al., 1974). Le microbiote digestif a fait l'objet de nombreuses recherches ces dernières années et son implication a été proposée dans certaines pathologies humaines comme l'obésité, le cancer colorectal ou les maladies inflammatoires chroniques de l'intestin (DiBaise JK et al., 2008). Ainsi, la composition de ce microbiote digestif humain et ses relations avec le métabolisme et les maladies sont devenues actuellement un enjeu majeur de la recherche scientifique. Les premiers travaux de l'exploration du microbiote digestif humain ont commencé depuis les années 70 par la culture bactérienne (Finegold SM et al., 1974) et son importance a été estimée à environ 400 espèces (Rajilic-Stojanovic M et al., 2007). Cette approche se révélait alors inappropriée et incomplète car la culture est une technique longue et difficile. Certaines bactéries nécessitent l'utilisation de milieux de culture particuliers contenant des nutriments et une incubation à des conditions de températures et d'atmosphères bien définies. L'avènement des techniques de métagénomique à partir de 2005, ont estimé que plus de 80% des séquences des espèces évaluées dans le tube digestif étaient issues de bactéries non cultivées (Eckburg et al., 2005). Cependant, il était considéré que seul 1% des bactéries pouvaient être cultivées facilement in vitro (Vartoukian SR et al., 2010). Microbial culturomics, une approche qui permet de multiplier les conditions de culture, avec une méthode d'identification rapide par spectrométrie de masse MALDI-TOF pour établir un tableau plus exhaustif de la diversité du microbiote digestif a entraîné un renouveau de la culture en microbiologie clinique. Depuis 2010, les travaux de Lagier JC et al en cours de publication ont permis de cultiver au total 1227 bactéries avec 265 bactéries isolées pour la première fois chez l'homme, 265 bactéries jamais isolées dans le tube digestif et 274 nouvelles espèces. Mon projet de thèse a permis de cultiver 50 nouvelles espèces ainsi que des bactéries isolées pour la première fois chez l'homme ou dans le tube digestif humain. Au cours de mon travail, j'ai pu identifier des bactéries anaérobies fastidieuses d'une importance médicale majeure. Il s'agit des bactéries anaérobies strictes telles que *Akkermansia muciphila*, *Christensenella minuta*, *Christensenella.sp.* Mes travaux ont permis aussi de mettre en place des stratégies de culture pour *Faecalibacterium prauznitzii* qui est l'une des bactéries la plus abondante du microbiote digestif humain et joue un rôle important dans la protection contre les maladies inflammatoires telle que la maladie de Crohn (Sokol et al., 2009; Willing et al., Hamer et al., 2009). Culturomics a permis d'élargir le répertoire des bactéries du microbiote digestif humain. Les nouvelles espèces ainsi que les nouvelles souches bactériennes trouvées vont faire l'objet de plusieurs travaux de recherches afin de mieux comprendre l'origine de certaines maladies mais aussi trouver d'éventuelles candidats d'antibiotiques ou de probiotiques.

### **Cas de primates non humains réservoirs de bactéries et de virus pathogènes, au Sénégal**

**Georges DIATTA<sup>1</sup>, Bernard DAVOUST<sup>2</sup>, Oleg MEDIANNIKOV<sup>2</sup>, Anthony LEVASSEUR<sup>2</sup>, Cheikh SOKHNA<sup>1</sup>, Didier RAOULT<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Institut de Recherche pour le Développement (IRD) UMR 198 IRD, Unité de Recherche sur les Maladies Infectieuses et Tropicales Emergentes (URMITE), Campus International de Recherche IRD-UCAD, Hann, BP. 1386, Dakar-Sénégal ; <sup>2</sup>Aix Marseille Université, URMITE, Unité Mixte (UM) 63, Centre National de Recherche Scientifique (CNRS) 7278, IRD 198, Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale (INSERM 1095, 13005 Marseille, France

## Introduction

Les primates non humains (PNH) diurnes notamment les singes verts *Chlorocebus* (*Cercopithecus*) *sabaeus*, les babouins de Guinée *Papio papio* et les chimpanzés *Pan troglodytes* semblent constituer un important réservoir de bactéries et de virus infectieux au Sénégal. Le dépistage de ces pathogènes transmissibles à l'homme et la compréhension de leur épidémiologie représentent un défi majeur et un moyen par lequel il sera possible d'envisager des stratégies de lutte préventive afin d'éradiquer ces pathologies infectieuses zoonotiques.

## Méthodologie/Principaux résultats

Des captures de singes verts (*C. sabaeus*) et de babouins de Guinée (*P. papio*) adultes ont été réalisées respectivement dans la Réserve de Bandia et le Parc National du Niokolo-Koba, puis associées à des collectes de matières fécales de chimpanzés (*P. troglodytes*) dans la Réserve Naturelle Communautaire de Dindéfelo (Kédougou) en 2015 et 2016. Les singes verts (*C. sabaeus*) et babouins (*P. papio*) ont été capturés avec des pièges en grillage métallique et/ou des cages à singes en bois grillagés installés dans la nature, et appâtés aux arachides non décortiquées conservées naturellement. Les animaux capturés ont été anesthésiés à l'aide d'un projecteur de fléchette injectant en intramusculaire un mélange de kétamine et xylazine. Les échantillons biologiques recueillis sur chaque singe vert (*C. sabaeus*) endormi étaient constitués de sperme (collecté par électrostimulation de la paroi prostatique), de sang, salive et ponction testiculaire, d'écouvillons génital, rectal, nasal, d'ectoparasites et des écouvillons des lésions faciales et péri-anales. Par contre, sur chaque babouin (*P. papio*) anesthésié du sang et des écouvillons génital, rectal et nasal ont été prélevés. Des lésions ulcérées ont été observées chez 7/25 (28%) mâles de singes verts (*C. sabaeus*) et 6/13 (46,1%) mâles de babouins (*P. papio*) et la biopsie d'une lésion pénienne a permis de montrer la présence de tréponèmes. Les analyses moléculaires des écouvillons génitaux ont indiqué que 8/35 (22,8%) singes verts (*C. sabaeus*) et 6/13 (46,1%) babouins (*P. papio*) adultes étaient infectés par *Treponema pallidum*, l'agent causal de la syphilis, et des protéines spécifiques à cette bactérie ont également été identifiées chez 6/13 (46,1%) des babouins étudiés. La présence d'anticorps spécifiques à la syphilis (sérologie syphilis) a été mise en évidence chez 28/34 (82,3%) singes verts (*C. sabaeus*) adultes examinés. Des analyses PCR du plasma de singes verts (*C. sabaeus*) adultes ont permis de détecter le portage de l'infection SIV chez 10/37 (27%) individus capturés dans la nature. Aucune infection par SIV n'a encore été mise en évidence dans les fèces de singes verts (*C. sabaeus*) et les recherches sont toujours en cours. Au total, 21 poux (*Pedicinus* spp.), 18 tiques ixodides (*Rhipicephalus* spp.) et 100 aoûtats (*Eutrombicula* spp.) ectoparasites ont été collectés chez 6 singes verts (*C. sabaeus*). Sur les 21 poux testés, 16 étaient positifs pour *Acinetobacter* spp. avec une prévalence de 76,2%. Parmi les 18 tiques ixodides qui ont été analysées, 14 étaient positives (77,7%) pour *Rickettsia* spp. La détection d'agents infectieux chez les aoûtats (*Eutrombicula* spp.) collectés est en cours. Une forte présence de Trichuridae a été trouvée dans les fèces de singes et babouins. Chez les chimpanzés *P. troglodytes*, 48 échantillons de matières fécales ont été prélevées pour rechercher des germes pathogènes par des techniques de biologie moléculaires, et un échantillon de selle a été trouvé infesté par un *Ascaris*.

## Conclusion/Interprétation

Le portage de l'infection SIV et à *T. pallidum* est considérable au sein de la communauté de singes verts (*C. sabaesus*) vivants dans la nature. Une fréquence élevée de lésions génitales ainsi que de protéines spécifiques à *T. pallidum* a été identifiée aussi bien chez les singes verts (*C. sabaesus*) que chez babouins de Guinée (*P. papio*). Ces résultats suggèrent que les singes verts *C. sabaesus* et les babouins *P. papio*, au Sénégal, sont des réservoirs potentiels d'agents pathogènes transmissibles à l'homme et des mesures de lutte préventive mériteraient d'être envisagées à court terme.

**Mots-clés** : Primates non humains – Réservoirs – *Treponema pallidum* – Infection SIV – Dépistage – Lutte préventive - Sénégal

**Implementation of computer tools for the real-time epidemiological surveillance of abnormal events based on microbiology laboratory data in Senegal.**

**C. Abat<sup>1</sup>, C. Sokhna<sup>1</sup>, and D. Raoult<sup>2\*</sup>**

<sup>1</sup> IRD d'Hann Maristes, Dakar; <sup>2</sup> IHU Méditerranée Infection, Aix-Marseille Univ., URMITE UM 63 CNRS 7278 IRD 198 INSERM U1905, Facultés de Médecine et de Pharmacie, 27 boulevard Jean Moulin, 13385 Marseille CEDEX 05, France.

Infectious diseases represent major unpredictable causes of mortality worldwide. Therefore, efficient surveillance systems are warranted, including in Sub-Saharan Africa countries. Aware of this situation, the "Institut Hospitalo-Universitaire Méditerranée Infection" (IHU) initiates a collaborative work with the IRD institute of Dakar, Senegal, to implement its microbiology laboratory-data based surveillance systems in Senegal. Our objective was to test if the IHU EPIMIC surveillance system could be implemented in rural Senegal using data from Point-Of-Care (POC) laboratories.

We first retrieved and cleaned the two Microsoft Excel historical databases produced by the two POC laboratories of Dielmo/Ndiop (implemented in January 2011) and Niakhar (implemented in January 2016). The first database included data from patients coming from the Dielmo/ Ndiop villages since February 2011, and the second database included data from patients coming from the Niakhar area since January 2016. These two databases were then used to develop two EPIMIC-like surveillance systems using the same methodology of the IHU version of the EPIMIC surveillance system (Microsoft Excel-based surveillance systems, weekly surveillance of the number of tested and positive samples for each monitored item, and abnormal events detection using historical weekly mean numbers +/- 2 standard deviations). The two EPIMIC were then used to retrospectively analyze the two historical databases.

The two POC laboratories are currently equipped for the rapid identification of 15 pathogens of particular interest (27 POC tests). The first historical database finally contained 2,577 lines patients-samples couples from 775 different patients (mean weekly number of patients: 10) (January 2011-June 2016), and the second 316 patients-samples couples from 298 different patients (mean weekly number of patients: 12) (January 2016-June 2016). The prospective and retrospective analyzes of the two historical Excel databases by the two EPIMIC allowed to identify 443 alarms in Dielmo/Ndiop (373 retrospectively and 70 prospectively) and 14 in Niakhar (8 retrospectively and 6 prospectively). They also allowed us to identify that *Plasmodium falciparum* was the pathogen the most cited by alarms triggered by EPIMIC in the Dielmo/Ndiop villages (47 alarms), and that *Borrelia* spp. was the pathogen the most cited by alarms triggered by EPIMIC in the Niakhar area (4 alarms).

The two EPIMIC are still monitoring data from the two POC laboratories to detect abnormal events. We are currently implementing a web-based platform to merge the two EPIMIC for more accurate monitoring and investigation of the emitted alarms.

### **Description épidémiologique de l'étiologie des fièvres à Niakhar (Sénégal) et à Bafata (Guinée Bissau).**

**Masse Sambou<sup>1</sup>, Mariana Landa<sup>2</sup>, Hubert Bassene<sup>1</sup>, Florence Fenollar<sup>1</sup>, Laurence Flevaud<sup>2</sup>, Rui Gutierrez<sup>2</sup>, Didier Raoult<sup>1</sup>, Cheikh Sokhna<sup>1</sup>, Oleg Mediannikov<sup>1</sup>.**

<sup>1</sup> Unité de Recherche sur les Maladies Infectieuses et Tropicales Emergentes, UM63, CNRS7278, IRD198, INSERM 1095, 13005 Marseille, France and Campus commun UCAD-IRD Hann, Dakar, Sénégal.

<sup>2</sup> Médecin Sans Frontière (MSF) Bafata, Guinée Bissau.

## Introduction

Le paludisme est la première cause de morbidité et de mortalité en Afrique. En 2012, l'OMS a rapporté 30 millions de cas de paludisme confirmés. L'Afrique fut le continent le plus touché avec 90% de cas de décès et dont la plupart des décès (77%) étaient chez des enfants de moins de 5 ans. La fièvre est le principal signe clinique du paludisme. La persistance des fièvres malgré les réelles avancées des stratégies de contrôle et de lutte contre le paludisme a conduit à la mise en place de programmes de recherche sur l'étiologie de fièvres à Niakhar, Sénégal (Point Of Care (POC)) et à Bafata, Guinée Bissau (Médecin Sans Frontière (MSF)). L'objectif principal est de détecter et identifier les agents pathogènes responsables de fièvres.

## Méthodologie

Des prélèvements de sang capillaire ont été effectués chez des patients fébriles ( $T \geq 37.5^\circ\text{C}$ ) consultants dans les postes de santé de Niakhar (Sénégal) et Bafata (Guinée Bissau). A Niakhar, un laboratoire Point-of-Care (POC) de même type qu'à Dielmo, a été installé, les prélèvements ont été effectués chez toutes les tranches d'âge et à Bafata chez les enfants de moins de 5 ans. L'analyse moléculaire des échantillons a été réalisée par PCR quantitative (qPCR).

## Résultats préliminaires

Parmi les 717 échantillons collectés dans les postes de santé de Niakhar et analysés au niveau du POC (Niakhar), nous avons eu 18.69% (134 positifs / 717 testés) de prévalence globale des échantillons ou au moins un agent des maladies est identifié. Les maladies bactériennes représentaient 18.41% (12.55% sont dus à *Borrelia* spp, 3.76% à *Streptococcus pneumoniae*, 1.11% à *Rickettsia felis* et 0.99% correspondaient à *Salmonella* spp. et *Staphylococcus aureus*). Le paludisme à *Plasmodium falciparum* représentait seulement 0.28% (2/717). La borréliose a été la maladie la plus détectée avec une large répartition dans la région de Niakhar.

A Bafata (Guinée Bissau) 133 échantillons ont été collectés et analysés à l'URMITE/Dakar IRD 198. La prévalence globale des maladies identifiées était de 35.33% (47 positifs / 133 testés). Les rickettsioses représentaient 12.03% (10.53% sont dues à *R. felis*), 6.77% ont été représentés par la *Coxiella burnetii*. *Salmonella* spp. et *S. aureus* présentaient 4.51%. Le paludisme présentait 12.03% (6.77% sont dus à *P. falciparum*). La rickettsiose à *R. felis* et le paludisme à *P. falciparum* étaient les maladies les plus identifiées avec un cas de co-infection.

## Conclusion

Nos résultats montrent qu'à Niakhar la borréliose constitue un cas majeur de morbidité dans les motifs de consultation pour des épisodes de fièvre. A Bafata les motifs de consultation pour des épisodes fébriles sont principalement le paludisme à *P. falciparum* et la rickettsiose à *R. felis*. Cependant, nous soupçonnons, récemment, une épidémie de la fièvre Q.

**Mots clés** : Fièvre – Pathogène – Niakhar – Bafata

**Interactions entre *Plasmodium falciparum* et flore bactérienne chez les anophèles vecteurs du paludisme à Dielmo et Ndiop, Sénégal**

**Bassene H<sup>1</sup>, Sokhna C<sup>1</sup>, Fenollar F<sup>1,2</sup>, Raoult R<sup>1,2</sup>, Mediannikov O<sup>1,2\*</sup>**

<sup>1</sup>Aix Marseille Université, Unité des Rickettsies, Unité de Recherche sur les Maladies Infectieuses et Tropicales Emergentes (URMITE), UM63, CNRS 7278, IRD 198, INSERM 1095, 13005 Marseille, France and Campus commun UCAD-IRD d'Hann, Dakar, Sénégal.

<sup>2</sup>AP-HM, CHU Timone, Pôle Infectieux, 13005 Marseille, France.

**\*Corresponding author email:** Oleg Mediannikov

## Introduction

L'apparition de résistances chez les plasmodies et les anophèles vecteurs, commencent à menacer les progrès enregistrés dans la lutte contre le paludisme entre 2004 et 2012. Des études menées au Sénégal ont montrées un effet rebond du paludisme tous les trois ans, correspondant à la période de remplacement des moustiquaires imprégnées. Une résistance à au moins un insecticide utilisé dans la lutte contre le paludisme a été constatée dans au moins 64 pays d'endémie palustre dans le monde. Il s'avère donc important de mettre en place de nouvelles stratégies de lutte contre le paludisme. Ainsi, la lutte biologique par l'utilisation du microbiote des vecteurs du paludisme peut constituer un atout considérable.

### **Méthodologie**

Une étude visant à explorer le microbiote ainsi que son interaction avec le plasmodium et le moustique a été menée à l'insectarium de l'IRD et dans les régions de Fatick (villages de Dielmo et de Ndiop) et de Kédougou (Villages de Bandafassi et de Tombokoto). Deux groupes vectrices (20 *An. funestus* et 20 *gambiae* sl.) des villages de Dielmo et Ndiop ont été utilisées pour explorer le microbiote par la métagénomique. Pour chaque groupe, 10 anophèles étaient porteurs du *Plasmodium falciparum* et les 10 restants n'en portaient pas. L'étude des interactions entre le microbiote et les vecteurs a été faite sur 1634 anophèles sauvages, capturés dans les villages sus cités. Trois PCR étaient développées pour la recherche d'*Asaia* sp. GD01, *Wolbachia* sp. et de *Plasmodium falciparum*. Parallèlement, la recherche de la source naturelle d'*Asaia* sp. GD01 a été menée en ciblant les végétaux autour des gîtes larvaires de la zone de Dielmo et Ndiop.

### **Résultats préliminaires**

Un total de 25 phylum et 404 genres bactériens ont été identifiés, avec une prédominance des protéobactéries. Le microbiote des vecteurs porteurs du plasmodium était différent de celui des anophèles négatifs. Des bactéries d'intérêt ont été trouvées spécifiques des vecteurs non porteurs de plasmodium. *Asaia* sp. GD01 et *Wolbachia* sp. étaient stablement associés au microbiote des vecteurs non infectés. Les résultats montraient une prévalence d'*Asaia* sp. GD01 de 60% (90/150) à l'insectarium et de 5% (60/1214) chez les anophèles sauvages. Pour *Wolbachia* sp. la prévalence était de 2% (3/150) et de 2,3% (28/1214) chez les anophèles sauvages. Aucun vecteur n'était porteur simultanément d'*Asaia* sp. GD01 et de *Plasmodium falciparum* ou de *Wolbachia* sp. et de *Plasmodium falciparum*. Par contre, quatre anophèles étaient simultanément infectés par *Asaia* sp. GD01 et *Wolbachia* sp. Les recherches sur la source naturelle *Asaia* sp. GD01 ont permis d'identifier deux plantes porteuses de la bactérie. Ces plantes appartiennent aux genres *Ipomea* et *Datura*.

**Mots clés :** Microbiote, *Asaia* sp. GD01, *Wolbachia* sp. *Plasmodium falciparum*, *Anopheles* paludisme, Sénégal

### **Impact des interventions sur la transmission et la morbidité palustre dans la zone de Dielmo-Ndiop**

**Nafissatou A Diagne<sup>1</sup>, Fatoumata Diène-Sarr<sup>2</sup>, Alioune B Ly<sup>3</sup>, Abdoulaye Badiane<sup>2</sup>, Fambaye Dieye<sup>1</sup>, Joseph Faye<sup>2</sup>, Adama Tall<sup>2</sup>, André Spiegel<sup>2</sup>, Christophe Rogier<sup>2</sup>, Jean F Trape<sup>1</sup>, Didier Raoult<sup>4</sup> Cheikh Sokhna<sup>1</sup>**

1. Institut de Recherche pour le Développement (IRD) - Unité de recherche sur les Maladies Infectieuses et Tropicales Emergentes (URMITE), Dakar-, Sénégal, 2. Institut Pasteur de Dakar, Sénégal, 3. Ministry of Health, Sénégal, 4. Aix Marseille Université, Unité des Rickettsies, Unité de recherche sur les Maladies Infectieuses et Tropicales Emergentes

## Introduction

Depuis plus de 25 ans, la population de Dielmo fait l'objet de suivi parasitologique et clinique du paludisme. Au cours de ce suivi, différentes interventions pour prévenir ou lutter contre le paludisme ont été mises en place.

## Matériel et méthodes

De juin 1990 à octobre 2016, un suivi longitudinal épidémiologique du paludisme a été mené à Dielmo. Le suivi entomologique a été réalisé à l'aide de captures mensuelles de moustiques sur appâts humains et l'infection par *Plasmodium* a été déterminée par la technique d'ELISA-CSP. Des gouttes épaisses (GE) ont été réalisées au cours des épisodes fébriles et chaque mois au niveau de toute la population pour le portage asymptomatique. Les accès palustres ont été traités en premier ligne avec de la quinine par voie orale (1990-1994), la chloroquine (1995-2003), la sulfadoxine-pyriméthamine + amodiaquine (2004-2006) ou l'artesunate + amodiaquine (depuis juin 2006). Depuis 2004, les femmes enceintes reçoivent des Traitements Préventifs Intermittents (TPI). En juillet 2008, des moustiquaires imprégnées d'insecticide à longue durée d'action (MILDA) ont été introduites. Ces MILDAs ont été renouvelées en août 2011, en août 2014 et en avril 2016.

## Résultats

Le Taux d'Inoculation Entomologique (TIE) a varié de 242 piqûres par homme par an à 40 piqûres par homme par an avant et après la mise en place des MILDAs respectivement. Avant les interventions, plus de 40% des fièvres ont été causées par le paludisme. Avec la mise en place des MILDAs associées aux ACT, 11% seulement des fièvres ont été attribués au paludisme. Si on considère la période de monothérapie comme la période de référence, la densité d'incidence des accès palustres a diminué de plus de 90% pendant la période de mise en place des MILDAs associée aux ACT. La prévalence palustre est passée de 72% au début du suivi à 1% en 2015.

Cependant nous avons observé 2 légers rebonds du paludisme coïncidant à chaque fois à la troisième année d'usage des MILDAs.

## Conclusion

La mise en place d'outils de lutte ou de prévention efficaces à Dielmo a permis de diminuer le paludisme, d'un niveau holo-endémique à un niveau de pré-élimination.

## Caractérisation génétique des infections sub-microscopiques à *Plasmodium falciparum* chez des patients fébriles à Dielmo et Ndiop

**Rokhaya Sane<sup>1</sup>, Makhtar Niang<sup>1†</sup>, Nafissatou Diagne<sup>2</sup>, Cheikh Talla<sup>3</sup>, Joseph Faye<sup>3</sup>, Laty Gaye Thiam<sup>1</sup>, Fode Diop<sup>1</sup>, Abdoulaye Badiane<sup>3</sup>, Diogop Camara<sup>1</sup>, Fatoumata Diene Sarr<sup>3</sup>, Cheikh Sokhna<sup>2</sup>, and Aissatou Toure-Balde<sup>1</sup>**

<sup>1</sup> Institut Pasteur Dakar, Immunology Unit, 36 Avenue Pasteur, BP 220, Dakar, Sénégal

<sup>2</sup> Institut de Recherche et Développement, Dakar, Sénégal

<sup>3</sup> Institut Pasteur Dakar, Epidemiology Unit, 36 Avenue Pasteur, BP 220, Dakar, Sénégal



Les différentes stratégies de lutte contre le paludisme à *Plasmodium falciparum* ont considérablement réduit l'incidence de la maladie et la prévalence parasitaire dans plusieurs pays endémiques y compris le Sénégal. Cette évolution positive a ressuscité l'idée d'une élimination du paludisme dans certaines zones. Cependant, un des défis majeurs dans l'élimination concerne le diagnostic précis et la prise en charge des infections sub-microscopiques associées aux faibles prévalences parasitaires non détectées par la microscopie et les TDRs. De plus, une meilleure compréhension des caractéristiques génétiques parasitaires et humaines permettraient une meilleure prise en charge de ces infections.

Dans cette étude nous avons évalué par la PCR en temps réel (qPCR) la prévalence des infections sub-microscopiques à *P. falciparum* chez 150 patients fébriles des villages de Dielmo et Ndiop (région de Fatick, Sénégal) entre Aout 2014 et Janvier 2015. Les parasites *P. falciparum* sub-microscopiques ont été caractérisés génétiquement par génotypage des marqueurs de polymorphisme *msp-1* et *msp-2* et comparés aux parasites microscopiques.

Nos résultats ont montré une forte prévalence (46,53% à Dielmo et 68,75% à Ndiop) d'infections sub-microscopiques à *P. falciparum* chez les patients fébriles. Les génotypes de *msp-1* détectés étaient majoritairement de la famille allélique K1 avec respectivement 67,36% et 58,24% pour les groupes Microscopie et Sub-microscopique tandis que la famille allélique 3D7 constituait le génotype *msp-2* majoritaire dans les isolats d'infections microscopiques (67,10%) comme sub-microscopiques (78%). La MOI était moins élevée dans les infections submicroscopiques comparées à celles microscopiques pour les 2 loci analysés et augmentait avec l'âge pour le gène *msp-1* contrairement au gène *msp-2*.

Il ressort de cette étude que le portage submicroscopique de *P. falciparum* était associée à la fois à une faible diversité génétique des souches et complexité de l'infection, lesquelles pourraient être de potentiels contributeurs au maintien des faibles parasitemies.

### **Projet pilote d'élimination du paludisme dans quatre districts sanitaires au centre du Sénégal**

**EH.BA(1,4), B Cisse (2,4), A Diallo(2), F Tairou(2), O.SY(3), L Konate(1), O Gaye(2), O Faye(2), C.Sokhna (1), P Milligan(4)**

1: Institut de recherche pour le développement (IRD) de Dakar. 2: Laboratoire de parasitologie médicale, faculté de médecine de l'UCAD de Dakar. 3: Laboratoire d'écologie vectorielle et parasitaire, faculté des sciences UCAD de Dakar 4: London School of Hygiene & Tropical Medicine

Au Sénégal, comme dans d'autres régions d'Afrique, la mise à échelle des mesures de contrôle du paludisme a réduit de manière considérable l'incidence de la maladie. Nous notons cependant un confinement des cas de paludisme dans certaines localités faisant apparaître des

inégalités et des risques de persistance et de résurgence. De nouvelles stratégies sont dès lors nécessaires pour réduire et éliminer la transmission dans ces zones.

Entre 2013 et 2014 nous avons mis en œuvre un essai randomisé, au centre du Sénégal, pour évaluer dans quelle mesure, le ciblage des foyers résiduels de transmission du paludisme (Hotspots) et l'utilisation des stratégies comme l'Aspersion Intra domicillaire (AID) et la chimiothérapie, délivrées par le personnel de santé des districts sanitaires, peuvent réduire l'incidence du paludisme. L'étude était aussi conçue pour évaluer deux approches de chimiothérapie : le MDA (Mass Drug Administration) traitement de masse et le MSAT (Mass Screening and treatment) le dépistage de masse et traitement ; tous utilisant la dihydroartémisinine-pipéraqune (DHA-PQ). Ainsi 40 clusters (30 Intervention et 10 Contrôle) ont été randomisés. Chaque cluster étant un poste de santé et la population qu'elle dessert. L'AID a eu lieu en juillet et les traitements en fin Août et fin Octobre de chaque année. L'étude comporte 3 bras :

-1 bras intervention :(15 clusters) AID+ MSAT (AID avec l'Actellic 300CS et MSAT avec DHA-PQ après TDR positif)

-1 bras intervention : (15 clusters) AID + MDA (AID avec l'Actellic 300CS et MDA avec DHA-PQ)

- 1 bras control

Pour MSAT et MDA la première dose de traitement de 3 jours a été supervisée. L'acceptabilité a été étudiée à l'aide d'entrevues et d'enquêtes quantitatives, et les coûts financiers et économiques des interventions ont aussi été évalués

### **Resultats**

Environ 75.000 personnes ont été traités dans le bras MDA et 60.000 dans le bras MSAT. Le taux de refus moyen était de 1.1% et la prévalence parasitaire était de 1% (min 0.03%- max 5.2%). Les maux de tête, les nausées et vomissements sont les effets indésirables les plus fréquemment rencontrés. L'efficacité de l'AID + MDA dans les communautés hotspot (le% de réduction du nombre de cas au cours de la même année, par rapport aux communautés hotspot dans le bras de contrôle) était 46 % (IC 95% 38%, 52%), les estimations correspondantes pour le bras IRS + MSAT étaient 52% (IC 95% 47%, 58%). En 2014 on a noté une réduction de l'incidence du paludisme dans les communautés non-ciblées à proximité des hotspots traités, avec une efficacité de l'AID + MDA de 69% (49%, 82% ) <1 km, 41% (20%, 57%) <2 km, et -4,0% (-31%, 18%) <3 km d'un hotspot traité, et dans le bras MSAT+ AID, 57% (25%, 75 % ) <1 km, 24% (-2,0%, 44%) <2km et -2,1% (-30%, 20%) <3 km d'un hotspot traité. L'efficacité globale (y compris cibles et non cibles villages) pour le bras AID + MDA était 37% (31%, 44%), et pour le bras MSAT, 44% (38%, 49%) en 2014.

### **Conclusion:**

La lutte contre le paludisme avec l'AID combiné avec soit MDA ou MSAT ciblée sur les 30% de la population avec le fardeau du paludisme le plus élevé, a donné lieu à une réduction globale des cas de paludisme d'environ 40%. Le MDA et le MSAT ont une bonne acceptabilité mais avec des taux de refus plus élevés pour le MSAT (12%) que le MDA (1%). L'intervention combinée, utilisant MDA ou MSAT, réduit sensiblement l'incidence du paludisme d'environ 50%, et la prévalence de l'infection dans les hotspots d'environ 70%, elle réduit aussi l'incidence du paludisme dans les villages à 1 km qui n'a pas reçu intervention d'environ 70% (IRS + MDA) et 57% (IRS + MSAT) et de 41% et 24% respectivement, à 2km.

Dans les régions où une réduction considérable de la prévalence du paludisme est notée, des stratégies nouvelles sont à promouvoir pour aller vers l'élimination. Le ciblage des hotspots en combinant l'AID avec le MSAT ou le MDA réduit la transmission du paludisme mais le MDA paraît plus efficace et moins coûteux que le MSAT.

**Etude de la sensibilité aux insecticides de *An. gambiae* s.l et de *Culex quinquefasciatus* à Dielmo.**

**Omar THIAW<sup>1,2</sup>, Souleymane DOUCOURE<sup>1</sup>, Charles BOUGANALI<sup>1</sup>, Fatou Kiné FALL<sup>1</sup>, Souhoufi ALI<sup>1</sup>, Lassana KONATE<sup>2</sup>, Ousmane FAYE<sup>2</sup>, Cheikh S. SOKHNA<sup>1</sup>**

<sup>1</sup> Unité de Recherches sur les Maladies Infectieuses et Tropicales Emergentes (URMITE), UMR 198, IRD, Campus commun IRD\_UCAD de Hann, BP 1386

## Introduction

Le contexte actuel de pré-élimination du paludisme exige une bonne connaissance des facteurs liés à la vulnérabilité des outils disponibles, notamment les MILDA. A cet égard, des études de sensibilité des vecteurs aux insecticides sont régulièrement entreprises dans des zones où ces outils ont été mis en place. Le village de Dielmo est sous couverture universelle en MILDA (*Permanet 2.0*®) depuis 2008 et un suivi entomologique mensuel s'y effectue depuis 25 ans. L'objectif de cette étude est d'évaluer la sensibilité des moustiques aux insecticides à Dielmo et de d'établir la relation entre les moustiquaires imprégnées et la dynamique des vecteurs.

## Matériels et méthode

De 2010 à 2015, la dynamique d'agressivité et le comportement de repos des femelles d'*An. gambiae* s.l ont été évalués en utilisant les techniques de collecte par capture sur homme et de la faune matinale résiduelle, respectivement. L'âge physiologique d' *An. gambiae* s.l a été analysé pendant cette période. En 2015 et 2016, la technique "CDC bottle bioassay" a été utilisée pour mesurer la sensibilité des femelles adultes d'*An. gambien* s.l dont les larves ont été collectées dans différents gîtes de Dielmo et élevées jusqu'à émergence. La sensibilité de *Culex quinquefasciatus* à la deltaméthrine a été aussi évaluée en 2016.

## Résultats

Une forte exophilie de *An. gambiae* s.l a été observée, avec un ratio de 3,41 entre la densité agressive à l'intérieur des habitations et la fraction endophile. De même, l'âge physiologique d' *An. gambiae* s.l n'a pas significativement varié pendant la période d'utilisation des MILDA (2010-2015), avec un taux moyen de survie égal à 0,96 (IC95 : 0,93-0,99). La résistance d'*An. gambiae* s.l aux pyréthrinoïdes a été suspectée avec des taux de mortalité de 90%, 95% et 97% en 2015, et de 97%, 95% et 93% en 2016, face à l'alphacyperméthrine, la deltaméthrine et la perméthrine, respectivement. Une sensibilité totale à la lambdacyhalothrine (pyréthrinoïde), aux organophosphorés (fénitrothion) et aux carbamates (bendiocarb) a été observée en 2015 et 2016. La sensibilité globale aux pyréthrinoïdes n'a pas significativement varié entre 2015 et 2016 (p-value = 0.4977), avec des taux moyens de mortalité de 94,6 % (IC95 : 91,7-97,4%) et de 96,3 % (IC95 : 93,8-98,8%). *Culex quinquefasciatus* a été fortement résistant à la deltaméthrine, avec des mortalités de 5% face à la dose létale de 12,5 µg/mL (DL<sub>100</sub>) et de 70 % avec une dose double de DL<sub>100</sub> (25 µg/mL).

## Conclusion

Cette étude met en évidence une sensibilité globale d' *An. gambiae* s.l aux insecticides à Dielmo. La forte résistance de *Culex quinquefasciatus* à la deltaméthrine pourrait expliquer la nuisance souvent déplorée par les populations locales. La constance relative de l'âge physiologique d'*An. gambiae* s.l et la forte tendance exophile de cette espèce semblent indiquer une forte répulsivité des MILDA mises en place, et dont l'étude avec des tests en tunnels devrait permettre de bien élucider les phénomènes de changements de comportements récemment notés chez les vecteurs du paludisme.

**Mots-clés** : *An. gambiae* s.l, *Culex quinquefasciatus*, MILDA, insecticides, résistance, nuisance, Dielmo.

**Profil trophique des femelles d'*Anopheles arabiensis*, vecteur de *Plasmodium* humains à Ndioukhna (Thies, Sénégal).**

**Ndéye Diango FAYE<sup>1</sup>, Assane Yade NDIAYE<sup>1</sup>, Papa Makhary FALL<sup>1</sup>, Lassana KONATE<sup>1</sup> & Ousmane FAYE<sup>1</sup>**

<sup>1</sup> Laboratoire d'Ecologie Vectorielle et parasitaire

La détermination de l'origine des repas sanguins des femelles d'*Anopheles arabiensis* a été effectuée à Ndioukkane, village situé en zone soudano sahélienne, à environ 10 Kilomètres de la ville de Thiès.

De septembre à décembre 2013, des collectes mensuelles au pyrèthre de femelles endophiles ont été effectuées dans les habitations humaines où la présence ou non de moustiquaire a été notée. La composition spécifique des espèces du complexe *An. gambiae* s.l. a été déterminée par PCR (Polymerase Chain Reaction) selon le protocole de Wilkins *et al.*, (2006). La source du repas de sang des femelles gorgées a été déterminée par la technique de l'ELISA (Enzyme-Linked Immunosorbent Assay) directe selon la méthode de Beier *et al.*, (1988).

*An. arabiensis* a été la seule espèce du complexe *gambiae* identifiée à Ndioukhane (171 spécimens). Des 171 repas sanguins analysés, 164 ont été identifiés, soit une proportion de 4,1% de repas n'ayant réagi avec aucun des anticorps testés.

Le repas de sang était simple (source unique) dans 71% (homme: 16,5% ; cheval: 50,6% ; boeuf: 2,4% ; mouton: 1,2%) contre 29% de repas mixtes, provenant de deux à 3 hôtes différents (homme, cheval, mouton, bœuf et poule).

Le taux relativement élevé de repas pris sur animal montre une déviation animale, notamment vers le cheval fréquent dans les habitations. Le recours aux moustiquaires imprégnées d'insecticide également fréquentes dans le village, explique la non accessibilité des populations humaines pour les femelles de vecteurs. Par ailleurs, l'importance des repas mixtes (48/164) indique la diversification et la proximité du bétail avec l'homme.

**Projet de refonte du système d'information des observatoires de Bandafassi, Mlomp et Niakhar**

**Laurence Fleury<sup>1</sup>, Ousmane Ndiaye<sup>2</sup>, Mouhamadou Baba SOW<sup>2</sup>  
Grâce-à-Dieu Toulao<sup>1</sup>, Emilie Volpi<sup>1</sup>**

<sup>1</sup> LPED – UMR151, AMU/IRD, Dakar

<sup>2</sup> URMITE – UMR CNRS 7278 IRD198 INSERM U1095, Dakar

Les unités LPED et URMITE gèrent conjointement trois systèmes de surveillance sanitaires et démographiques au Sénégal. La méthode de recueil des données repose sur la réalisation d'un recensement initial puis, chaque année, sur un ou plusieurs passages permettant d'enregistrer les événements démographiques (naissances, décès, départs et arrivées par migration, unions...) depuis le passage précédent. Le suivi enregistre systématiquement des informations sur le contexte économique et social de la population, ainsi que sur les causes de décès. Les données démographiques sont croisées à des fins de validation réciproque avec les données des recensements nationaux. Elles constituent la toile de fond d'enquêtes socio-économiques, sanitaires, environnementales... réalisées dans ces zones.

Les trois sites d'observations diffèrent de part leur histoire, leur taille, la fréquence des passages démographiques, etc. Néanmoins les données démographiques recueillies sont analogues, modulo les particularités culturelles notamment dans les types d'engagement et de nuptialité. Le recueil et l'analyse des causes de décès (méthode des autopsies verbales) sont homogénéisés sur les 3 sites depuis 2009.

Les méthodes de collecte et de gestion des données démographiques sont différentes selon les sites. Les zones de Mlomp et Bandafassi font encore l'objet d'une collecte sur papier suivie d'une phase de saisie des données, tandis que les données de Niakhar sont collectées directement sur support numérique. Les modèles et les moteurs de bases de données diffèrent également, les données de Niakhar étant gérées sous Access et celles des deux autres sites sous PostgreSQL. Les processus de génération des cahiers de passage, ainsi que les chaînes de post-traitement de données, sont le fruit de l'histoire et associent des technologies très diverses (Pascal, SQL, Access, stata, R...), dont certaines sont obsolètes. Cette hétérogénéité des outils fragilise leur maintenance et limite les possibilités de partage de compétence entre personnels. Il est donc aujourd'hui temps de proposer une refonte du système d'information. Les outils conçus et déployés reposeront sur des technologies libres et dans l'état de l'art du domaine. Un groupe de travail composé des auteurs de cette présentation a été mis en place. Des experts métiers, démographes et enquêteurs, seront associés à l'identification des problèmes et aux choix des solutions. L'objectif visé est de disposer mi-2017 d'un modèle de base de données et de scripts de migration des données des anciennes bases vers la nouvelle. L'année 2018 sera consacrée à la mise en place et aux tests des outils numériques de collecte sur les trois sites, ainsi qu'à la mise en place d'une chaîne de post-traitement automatique des données, afin de produire des indicateurs standard et de les diffuser sur un site Web.