

4^{ème} Journée Dakaroise de l'URMITE



PROGRAMME DE LA 4^{ème} JOURNEE DAKAROISE DE L'UMR 198 URMITE

Mardi 29 novembre 2011

Campus commun de Recherche IRD-UCAD de Hann

9:00 - 9:05 Séance d'ouverture

Georges De Noni, Représentant de l'IRD au Sénégal

9:05 - 9:55 Introduction

9:05 - 9:10 Jean-François Trape – De l'UR77 et l'US009 à l'URMITE : implications

9:10 - 9:55 Didier Raoult – URMITE Sénégal : Passé, présent et futur

9:55 - 11:25 Pathogènes émergents au Sénégal

Président de séance : Oumar Gaye, UCAD

9:55 - 10:10 Florence Fenollar – *Tropheryma whipplei*

10:10 - 10:25 Oleg Mediannikov – Epidémiologie des maladies émergentes

10:25 - 10:40 Georges Diatta - Situation de la borréliose à tiques au Sénégal

10:40 - 10:55 Malamine Djiba – Pathogènes vétérinaires: *Anaplasma* et *Eulichia*

10:55 - 11:10 Bissoun Samb - Maladies diarrhéiques infectieuses au Sénégal

11:10 - 11:25 Masse Sambou – Rickettsies pathogènes chez des tiques ixodides

11:25 - 11 :35 Catherine Mazenot – Sérologie des Rickettsies à Dielmo

11:35 - 11:45 Pause café

11:45 - 13:00 Paludisme au Sénégal

Président de séance : André Spiegel, Institut Pasteur de Dakar

11:45 - 12:00 Jean-François Trape – Paludisme : déclin et rebond

12:00 - 12:15 Amélé Wotodjo – Rebond du paludisme : les concernés

12:15 - 12:30 Nafissatou Diagne - Accès palustres chez les enfants âgés de moins de 6 mois

12:30 - 12:45 Clémentine Roucher – Critères diagnostique du paludisme clinique

12:45 - 13:00 Ousmane Ndiath – Résistance des vecteurs du paludisme aux insecticides

13:00 – 14:30 Déjeuner

14:30 - 15:45 Paludisme au Sénégal (suite)

Président de séance : Bakary Sambou, OMS/Dakar

- 14:30 -14:45 Seynabou Sougoufara – Impact des stratégies de lutte sur le comportement des vecteurs
14:45 - 15:00 Ndjido Ardo Bar – Héritabilité du paludisme à Ndiop : modèles bayésiens
15:00 - 15:15 Philippe Brasseur – Paludisme à Mlomp
15:15 - 15:30 Libasse Gadiaga – Transmission du paludisme à Dakar et banlieue
15:30 - 15:45 Badara Cissé/Cheikh Sokhna – Principaux résultats du projet « 200 000 enfants »

15:45 - 17:00 Plates formes de population et santé

Président de séance : Hervé Tissot-Dupont, IRD

- 15:45 - 16:05 Laëtitia Douillot/valérie Delaunay –Mortalité des enfants à Niakhar et Mlomp
16:05 - 16:20 Bou Diarra- Surveillance de la grippe à Niakhar
16:20 - 16:35 Mbayang Niang– Infections respiratoires virales aiguës chez l'enfant à Dielmo
16:35 - 16:50 Aldiouma Diallo – Résultats préliminaires du projet MenAfricar
16:50 - 17:00 Bruno Senghor – Bilharziose urinaire à Niakhar

17:00 Clôture officielle

Résumé des présentations orales

Tropheryma whipplei

Florence Fenollar¹, Alpha Kabinet Keita¹, Hubert Bassene¹, Adama Tall², Cheikh Sokhna, Pavel Ratmanov¹, Jean-François Trape¹, Didier Raoult¹

¹URMITE IRD 198, ²Institut Pasteur de Dakar

INTRODUCTION

Tropheryma whipplei est connue pour être la cause de la maladie de Whipple, décrite en 1907, mais c'est aussi un pathogène émergent, dont la première culture a été obtenue en 2000. Ce premier isolat a permis le développement d'outils diagnostiques ayant conduit à une meilleure caractérisation de la bactérie. Nous savons désormais que *T. whipplei* peut être responsable d'un large spectre d'entités cliniques, qu'il existe une prévalence variable en fonction des régions ou des populations et qu'il existe des porteurs asymptomatiques de la bactérie.

METHODES

Depuis 2008, nous avons conduit des études à Dielmo et Ndiop (Sénégal). La présence de *T. whipplei* a été recherchée par PCR quantitative en temps réel spécifique dans des prélèvements de salive, selles, sang de sujets sains et de patients ainsi que dans des prélèvements environnementaux. Le génotypage a été réalisé sur les échantillons positifs. Une étude de séroprévalence a été effectuée.

RESULTATS

En 2009, *T. whipplei* a été identifiée dans 31.2% des selles et 3.5% des salives (13/370) de sujets sains. Le portage dans les selles était significativement ($p < 10^{-3}$) plus élevée chez les enfants entre 0-4 ans (60/80, 75%) comparé aux sujets entre 5-10 ans (36/119, 30.2%) ou entre 11-87 ans (43/247, 17.4%). Nous avons identifié 22 génotypes, dont 16 étaient nouveaux. Seulement un génotype était commun au 2 villages. Parmi les génotypes spécifiques, un était épidémique à Dielmo (15/28, 53.4%, $p < 10^{-3}$) et un autre à Ndiop (27.6%, $p = 0.002$). La séroprévalence a été estimée à 72.8% (291/400). En 2008-2009, *T. whipplei* a été retrouvé dans le sang de 19 patients fébriles sur 205 (9.3%).

CONCLUSIONS

T. whipplei est une bactérie commune dans la région du Sine-Saloum au Sénégal contractée très tôt dans l'enfance, responsable notamment de bactériémie. La présence de génotypes épidémiques suggère une transmission humaine de la bactérie.

Situation actuelle de la borréliose à tiques au Sénégal

Georges DIATTA¹, Adama TALL², Cheikh SOKHNA¹, Gilles CHAUVANCY¹, Jean-Marc DUPLANTIER¹, Jean-François TRAPE¹

¹Institut de Recherche pour le Développement BP 1386 Dakar, ²Institut Pasteur de Dakar, Sénégal

Introduction

Au Sénégal, la borréliose à tiques à *Borrelia crocidurae* est connue depuis longtemps mais son importance épidémiologique en santé publique n'est apparue que récemment. La maladie représente chez l'homme une cause majeure de morbidité dans les motifs de consultation pour épisode de fièvre en zones rurales.

Matériel et Méthodes

La tique vectrice *Ornithodoros sonrai* a été recherchée dans les terriers de petits rongeurs de 64 sites situés dans l'ensemble du pays et des petits mammifères ont été capturés dans 40 localités depuis 1990. A Dielmo (Sine-Saloum, Sénégal), un suivi médical quotidien et épidémiologique de la population a été réalisé pendant plus de 20 ans. Les *Borrelia* ont été détectées par la goutte épaisse, l'inoculation de sang ou cerveau de rongeurs et insectivores à la souris blanche ou par la PCR nichée et/ou PCR en temps réel. Des tiques et *Borrelia* de chaque site ont été caractérisées génétiquement par séquençage.

Résultats

Sur 2 837 terriers examinés, 487 (17%) étaient infestés par des tiques ornithodores. Des infections par *Borrelia* ont été trouvées chez 199/768 (26%) des tiques et 245/1834 (13,3%) des petits mammifères. En moyenne, plus de 10% des habitants de Dielmo développent chaque année la maladie. L'incidence est similaire chez les enfants et les adultes, et jusqu'à 9 épisodes distincts de borréliose ont été observés chez la même personne durant la période d'étude.

Conclusion

Ces résultats indiquent que la borréliose est une maladie fréquente en milieu rural et sévit de façon endémique dans des régions du Sénégal, comprises entre la Gambie au sud et la Mauritanie au nord, où la présence du vecteur *O. sonrai* a été mise en évidence.

Mots clés : Borréliose à tiques - *Borrelia crocidurae* - Vecteur – Tiques ornithodores - *Ornithodoros sonrai* - Petits rongeurs - Transmission – Sénégal

Etude de la génétique des populations et de la variabilité spatiale de différentes souches de bactéries de la famille des Anaplasmataceae dans deux zones écologiques du Sénégal

Mamadou Lamine Djiba ¹, Oleg Mediannikov ², Mbaye Mbengue ¹, Yaya Thiongane ¹, Didier Raoult ², Jean-François Molez ¹; Momar Talla Seck ¹, Mady Ndiaye ³

¹ Department of Microbiology, National Laboratory for Research on Animal Diseases, Senegal, ² URMITE, ³ Université de la Méditerranée, IRD Dakar

La cowdriose et l'anaplasmosse sont des maladies dues à des bactéries de la famille des Anaplasmataceae et ont fait l'objet d'une attention particulière au Sénégal, par les importantes pertes économiques occasionnées sur le cheptel des petits ruminants dans certaines zones écologiques plus précisément la zone des Niayes et la zone Nord Guinéenne (Ziguinchor).

Des études microbiologiques et moléculaires ont permis d'identifier les espèces suivantes : *Anaplasma ovis* principalement, *A. marginale*, *A. phagocytophilum*, *A. platys*, *Anaplasma* sp. et *Ehrlichia ruminantium*, à partir d'échantillons de sang prélevés sur des moutons suspects en phase d'hyperthermie dans la zone des Niayes et dans la zone de Ziguinchor (Badiouré).

Certaines espèces d'*Anaplasma* dont *A. ovis*, *A. marginale*, *A. phagocytophilum*, *A. platys* et *A. sp.* viennent d'être identifiées pour la première fois au Sénégal grâce à l'outil moléculaire. *Anaplasma ovis* est la plus représentée avec plus de 50% de l'effectif. Cette espèce présente les mêmes caractéristiques génétiques que celle trouvée à Chypre, incriminée comme zoonose. *Anaplasma phagocytophilum* amplifié a été identifié et produit 100% d'identité avec celle trouvée en Europe et en Asie ; aussi *Anaplasma platys* (échantillon de Badiouré) amplifié a donné 100% d'identité avec *Anaplasma platys* trouvée également en Europe et en Asie. *Anaplasma* sp. isolée à Badiouré est assez proche d'*Anaplasma phagocytophilum*, et pourrait être considérée comme une nouvelle espèce. La caractérisation moléculaire ultérieure de cette souche pourrait répondre à cette question.

L'étude des séquences oligonucléotidiques obtenues après analyse moléculaire a montré une identité de séquence pour la souche *Anaplasma ovis* dans les deux zones étudiées (Niayes et Ziguinchor). Cette séquence d'*Anaplasma ovis* a été comparée et est identique à celle trouvée chez les moutons d'Afrique du Sud, des chèvres de Chypre et des rennes de la Mongolie.

MOTS CLES

Anaplasmataceae, *Ehrlichia ruminantium*, *Anaplasma* spp., *Amblyomma variegatum*, Niayes, Ziguinchor, Sénégal

Les maladies infectieuses diarrhéiques au Sénégal

Bissoume Samb Ba^{1&4}, Florence Fenollar⁴, Abdoul Aziz Wane¹, Alioune Badara Ly³, Abdoulaye Seck², Amy Gassama Sow¹ and Didier Raoult⁴

¹Unité de Bactériologie Expérimentale et ²Unité de Biologie Médicale, Institut Pasteur de Dakar,

³Institut de Recherche pour le Développement-Dakar, ⁴URMITE Université de la Méditerranée, Marseille, France

Les maladies diarrhéiques sont fréquentes dans les pays en voie de développement. Elles sont généralement dues par des bactéries (chez les adultes et enfants) et surtout par des virus chez les enfants de moins de 5 ans. Au Sénégal, les diarrhées infectieuses sont habituellement causées par les bacilles Gram négatif transmis par les aliments, l'eau ou par voie oro-fécale. Même si les antibiotiques sont encore efficaces dans le traitement des maladies diarrhéiques, la résistance aux antibiotiques est en augmentation. Les coprocultures classiques sont longues et très coûteuses, en plus dans de nombreux centres de soins de notre pays, les méthodes ne sont pas standardisées. La spectrométrie de masse MALDI-TOF est une révolution technique très utile pour la détection rapide des bactéries. Des échantillons de selles ont été prélevés dans huit centres de santé à Dakar et sa banlieue et deux hôpitaux régionaux (Thiès et Diourbel) au Sénégal. Au total 283 selles de patients ayant une gastro entérite et 190 de témoins ont été reçues pendant la période de prélèvement de Mars 2009 à Novembre 2010.

La culture des selles a été réalisée par les techniques classiques utilisées en routine dans le laboratoire. La spectrométrie de masse Matrix-Assisted Laser Désorption Temps de vol (MALDI-TOF MS) (Microflex, Bruker Daltonics) avec le logiciel flex control (Bruker Daltonics), un outil potentiel pour l'identification des bactéries dans la routine de microbiologie a été utilisée pour détecter toutes les espèces de bactéries. Un score >1,9 a été considéré pour l'identification correcte du genre et de l'espèce. Si la valeur du score <1,9, les colonies ont été analysées par PCR de l'ARN16S suivi du séquençage dans le but de détecter de nouvelles espèces.

Les résultats ont montré que dans la population, l'âge médian était de 21,75 avec un écart type de 19,8 (extrêmes : 1 enfant de 9 jours et 1 adulte de 87 ans). Le sex-ratio homme/femme était de 1,01. Les bactéries ont été les pathogènes prédominants dans les échantillons de matières fécales. Par spectrométrie de masse MALDI-TOF, environ 7900 colonies ont été testées dans cette étude avec plus de 15733 spectres analysés, permettant d'identifier correctement 210 espèces de bactéries avec des scores >1,9. Par la technique de biologie moléculaire ciblant l'ARN16S, plus de 260 séquences ont été analysées permettant d'identifier 12 espèces bactériennes différentes dont 3 décrites comme nouvelles espèces avec une similarité <98,5% dans la base données Genbank. Ces trois nouvelles espèces ont été décrites dans les genres *Staphylococcus*, *Clostridium* et *Bacillus*. Chez les patients de même que chez le groupe contrôle, *Bacillus* et *Clostridium* sont des groupes souvent décrits dans les selles suivis par *Enterococcus* et *Enterobacteria*. Avec des milieux de culture différents, les bactéries ont été détectées majoritairement dans le groupe contrôle que chez les patients. Le nombre moyen de bactéries était 5 dans les différentes classes d'âge des patients et 8 dans le groupe contrôle. Il y'avait 19 patients chez lesquels aucune bactérie n'a été identifiée en culture. C'était des enfants de moins de 5 ans chez qui les causes de diarrhée étaient virales. Les espèces identifiées ont été décrites dans cinq phylums. Firmicutes ont été largement retrouvés 160 (72%) suivie par Proteobacteria (17%) et Bacteroidetes (6,8%). Fusobacteria et Actinobacteria étaient faiblement retrouvés.

La culture bactérienne classique est longue et pas toujours standardisée dans certaines régions de notre pays en raison de l'absence de laboratoire. MALDI-TOF spectromètre de masse peut être utile pour détecter rapidement des bactéries, virus et champignons. Cependant les difficultés d'utilisation de

MALDI-TOF MS sont liées dans l'acquisition de la machine (coût et réactifs élevés). Au Sénégal, il devrait y avoir un système de surveillance pour la prévention des épidémies de diarrhée et de disposer d'un algorithme de données pour leur étiologie.

Identification de rickettsies pathogènes chez des tiques dures a Keur Momar Sarr

Introduction

Les rickettsioses à tiques sont très peu connues dans nos pays d'Afrique occidentale en particulier le Sénégal, où les premiers cas humains de rickettsioses à puces (*Rickettsia felis*) et de la fièvre Méditerranéenne ont été décrit qu'en 2010. Notre étude a pour but d'identifier les rickettsies pathogènes du genre *Rickettsia*, leurs vecteurs et d'améliorer les connaissances sur les rickettsioses transmises par les tiques afin d'envisager une bonne stratégie de contrôle de ces maladies en santé humaine au Sénégal.

Méthodologie

Du 25 au 27 juillet 2011, nous avons collecté manuellement des tiques dures à partir des animaux domestiques (bovins, moutons, chèvres, chevaux, ânes), dans 4 villages (Ganket Balla 15°58'N-15°55'W, Loboudou 15°57'N-15°55'W, Ndour Roba 15°54'N-15°59'W, Ndimb 16°02'N-16°00'W) de l'arrondissement de Keur Momar SARR. Les tiques collectées ont été bien lavées et nettoyées soigneusement. L'extraction de l'ADN des rickettsies à partir des tiques a été réalisée dans du CTAB à 2%. La détection de l'ADN des rickettsies a été réalisée par l'amplification des gènes *gltA* et *ompA*. L'identification des espèces du genre *Rickettsia* se faisait par le séquençage des gènes *gltA* et *ompA*.

Résultats préliminaires

Nous avons collecté 1169 tiques de 5 espèces, au total. Les espèces trouvées sont : *Amblyomma variegatum* (3/1169, 0,26%), *Hyalomma impeltatum* (557/1169, 47,65%), *Hyalomma marginatum rufipes* (131/1169, 11,21%), *Rhipicephalus evertsi evertsi* (477/1169, 40,80%), *Rhipicephalus guilhoni* (1/1169, 0,08%). Nous avons analysé seulement 617 tiques. Parmi ces tiques nous avons retrouvé dans *A. variegatum* 100% de l'infection par des rickettsies (2/2). Dans les tiques *H. impeltatum* 4,67% (17/364), *H. marginatum rufipes* 34,14 (28/82), *Rh. evertsi evertsi* 3,55 (6/169) sont également de l'infection par des rickettsies. Nous avons essayé d'identifier une espèce de rickettsies par échantillon et nous avons retrouvé *Rickettsia africae* dans *A. variegatum*, *Rickettsia aeschlimanni* dans *H. impeltatum*, *H. marginatum rufipes* et *Rh. evertsi evertsi* ; mais aussi dans *H. marginatum rufipes* nous avons trouvé *R. africae*.

Conclusion

La répartition géographique des tiques au Nord du Sénégal en comparaison avec Dielmo/ Ndiop, présente une population très importante de *H. impeltatum* qui est absent au Sud. *A. variegatum* a une aire de répartition qui s'étend de la zone tropicale à la zone sahéenne (Nord), de même *H. marginatum rufipes*, *Rh. evertsi evertsi* et *Rh. guilhoni* y sont retrouvées. *R. africae* a été identifié chez *A. variegatum* comme à Dielmo/Ndiop. L'identification de *R. africae* dans *H. marginatum rufipes* est très intéressante de même que celle de *R. aeschlimannii* dans *Rh. evertsi evertsi*. C'est aussi très intéressant de retrouver *R. aeschlimannii* dans *H. impeltatum* et *H. marginatum rufipes* comme au Sud. La diversité des espèces de rickettsies trouvées au nord du Sénégal est moins importante que celle trouvée au sud (Dielmo/ Ndiop).

Cette étude est en cours

Séroprévalence des Rickettsies à Dielmo et Ndiop : suivi rétrospectif des patients ayant fait une infection aiguë entre 2008 et 2011.

Catherine Mazenot, Oleg Mediannikov, Geetha Subramanian, Adama Tall, Jean-François Trape, Didier Raoult.

Introduction

La séroprévalence des rickettsies est élevée en Afrique sub-saharienne (5-55%). A Dielmo et Ndiop séroprévalence elle a été évaluée à 21.4% et 51% respectivement pour les Rickettsies du groupe boutonneux. Dans ces villages, *R. felis*, *R. conorii* et *R. africae* sont des pathogènes responsables de rickettsioses. L'objectif de cette étude a été d'évaluer s'il existe une immunité protectrice pour les infections à Rickettsies.

Matériels et Méthodes

38 cas de Rickettsioses ont été identifiés par qPCR entre décembre 2008 et avril 2011 chez 37 patients dans le cadre du POC Dielmo. Rétrospectivement, des échantillons sanguins capillaires, prélevés chez ces patients pour l'étude de l'épidémiologie du paludisme, ont été sélectionnés pour la détection d'anticorps dirigés contre *R. africae*, *R. conorii*, *R. felis* et *R. typhi* par immunofluorescence indirecte. Pour chaque patients un échantillon par an a été étudié quand possible.

Résultats

37/38 (97.4%) infections à Rickettsies identifiées ont été causées par *R. felis* et 1/38 (2.6%) par *R. conorii*. Seul un patient a présenté deux infections successives potentiellement dues à une Rickettsie. L'identification de l'agent responsable reste à préciser.

257 échantillons sanguins capillaires ont été analysés avec en moyenne 5 ans de suivi avant l'infection aiguë (16 à 0) et 1 an de suivi après (2-0). 66 prélèvements/257 (25.7%) ont été positifs à *R. africae*, 17/257 (6.6%) à *R. conorii* et 14/257 à *R. felis*.

Parmi les profils sérologiques observés, 22 patients /37 (59%) ont été séronégatif à la fois avant et après l'infection aiguë. 6/ 37 (16%) ont subi une séroconversion suite à l'infection et 8/37 (22%) ont présenté une infection aiguë malgré la présence d'anticorps.

Conclusions

Cette étude est en cours ; des analyses complémentaires sont à réaliser. Les résultats obtenus permettent cependant de conclure qu'une infection aiguë à Rickettsie peut se développer chez des patients présentant des niveaux relativement élevé d'anticorps anti Rickettsie. Chez la majorité des patients on ne retrouve pas d'anticorps après l'infection.

Rebond des accès palustres en 2010 à Dielmo : caractéristiques des personnes directement impliquées.

Wotodjo A. N¹., Diagne N¹., Tall A²., Ly A. B²., Sokhna C.¹, Bouganali H.¹, Faye J.², Ba E. H.¹, Bassene H.¹, Dieye F.¹, Mercereau-Puijalon O.³, Druilhe P.³, Spiegel A.², Rogier C.², Trape J. F.¹

¹ Institut de Recherche pour le Développement, Dakar, ² Institut Pasteur de Dakar.
³ Institut Pasteur de Paris.

Introduction

La forte réduction du poids du paludisme dans certains pays africains suite à l'introduction des médicaments à base d'artémisinine et des moustiquaires imprégnées à longue durée d'action a suscité une ambition de pré-élimination de l'endémie palustre. Cette diminution demeure cependant fragile voire précaire à cause de la résistance récente des anophèles aux pyréthriinoïdes.

Méthodes

A Dielmo (village sénégalais), nous avons observé une recrudescence des accès palustres de septembre à décembre 2010. Dans ce travail, nous avons suivi les personnes directement impliquées dans ces accès-rebonds. Nous avons analysé chez elles des données d'enquêtes moustiquaires effectuées en 2009 et 2010 et des données parasitologiques recueillies grâce à un suivi actif.

Résultats

Au total, 55 personnes ont présenté 66 accès à *P. falciparum*. Nous avons noté 59% des accès palustres chez les grands enfants et les adultes. La proportion des hommes était de 60%. La couverture en moustiquaire était de 70% en 2009 et de 50% en 2010. Parmi ceux qui possédaient une moustiquaire, 76% dormaient toujours sous moustiquaire, 18% parfois et 6% jamais en 2010 alors qu'en 2009, ils étaient 67% à dormir toujours sous moustiquaire, 30% parfois et 3 % jamais. Les moustiquaires ayant des trous représentaient 60% en 2010 et 43% en 2009. Les moustiquaires lavées représentaient 56% en 2009 et 84% en 2010. Parmi les accès palustres enregistrés en 2009, 32% concernaient les personnes qui ont fait le rebond. Pendant au moins 2 ans, 40% des concernés ne sont pas sortis de Dielmo.

Conclusion

Bien que la couverture en moustiquaire ne dépasse pas 50% chez les personnes ayant fait le rebond, elle est plus ou moins la même dans la population générale. Ces personnes vivent de la même manière que le reste de la population et n'ont rien de particulier. Le rebond est donc un problème général.

Changement de l'épidémiologie et des critères diagnostiques du paludisme clinique à *Plasmodium falciparum*.

Roucher C, Diagne N, Tall A, Dieye F, Sokhna C, Trape JF, Rogier C.

Contexte

En Afrique tropicale, là où le paludisme est holoendémique et la plupart des individus semi-immuns, un portage asymptomatique élevé est observé. Le diagnostic des accès palustres repose en général sur la présence de fièvre avec une parasitémie dépassant un seuil dépendant de l'âge. Comment la baisse de l'endémicité palustre, grâce à l'amélioration des stratégies de lutte, a modifié les critères diagnostiques des accès à *Plasmodium falciparum* ?

Méthodes

Les données parasitologiques et cliniques de la population de Dielmo recueillies depuis 20 ans, ont été analysées. Quatre traitements antipaludiques successifs ont été utilisés et les moustiquaires à imprégnation longue durée (MILD) ont été introduites en 2008. Le risque individuel d'hyperthermie a été modélisé par régression logistique de l'âge et de la parasitémie à *P. falciparum* pour chaque période d'intervention.

Résultats

De 1990 à 2010, l'indice plasmodique a diminué de 75-100% à 0.6-1% chez les 0-3 ans. Le seuil pyrogène est maximal chez les 1 an avant intervention (21500 trophozoïtes/ μ l) et chez les 2 ans durant la période où les combinaisons thérapeutiques à base d'artémisinine (CTA) et les MILD ont été déployées (14000 trophozoïtes/ μ l). Le seuil diminue avec l'âge et est le plus faible chez les plus de 90 ans (2000 trophozoïtes/ μ l en 1990 ; 500 en 2010). Le seuil établi avant intervention sous-estimait de 12 à 22% l'incidence des accès.

Interprétation

Les changements de l'épidémiologie du paludisme modifient les critères diagnostiques du paludisme clinique. Cependant, puisque la plupart des accès palustres sont associés à des pics de parasitémie, l'utilisation des seuils définis sous condition holoendémique ne sous-estimait que modérément l'incidence du paludisme sous condition hypoendémique.

Résistance des vecteurs du paludisme aux insecticides et implication dans la transmission

Ndiath MO.¹, Sougoufara S.^{1,2}, Gaye A.^{1,2}, Mazenot C.¹, Konate L.², Faye O.², Sokhna C.¹ & Trape JF.¹

1. Laboratoire de Paludologie, UMR 198, IRD Hann-BP 1386 Dakar Fann, Sénégal, 2. Département de Biologie Animale, FST/UCAD, BP 5005 Dakar Fann, Sénégal

Contact : ousmane.ndiatt@ird.fr

Introduction

Le paludisme reste l'un des principaux fléaux qui touchent l'Afrique. La lutte contre cette maladie repose entre autres sur des programmes de lutte antivectorielle qui s'appuient essentiellement sur des pulvérisations intradomiciliaires et l'utilisation des moustiquaires imprégnées d'insecticide. Mais l'efficacité de ces deux outils se heurte à l'émergence de la résistance aux insecticides. Afin de déterminer le niveau et les mécanismes de résistance chez *Anopheles gambiae*, une étude de susceptibilité aux insecticides a été menée à Dielmo en Septembre 2010, deux ans après la généralisation des LLIN.

Matériels et Méthodes

Les larves ont été collectées dans différents gîtes, puis mis en émergence. A j3, des tests de susceptibilité ont été faits selon le protocole de l'OMS avec six molécules : DDT, Lambda-cyhalothrine, Deltaméthrine, Permethrine, Fénitrothion, Bendiocarb. L'identification des formes moléculaires M et S d'*Anopheles gambiae* a été faite par PCR-RLFP et la détection de la mutation L1014F par PCR-Martinez.

Résultats

Les études ont montré qu'*Anopheles gambiae* était résistant au DDT et aux pyréthrinoides avec des taux de mortalité compris entre 46 et 63%, mais très sensible au Fénitrothion et au Bendiocarb avec des taux de mortalités de 100%. Les spécimens présentant le génotype homozygote résistant (RR) étaient présents chez 7,3% de la population testée et étaient significativement plus élevés chez les survivants exposés au DDT et aux pyréthrinoides. Les fréquences KDR ont été de 18 et 67% respectivement pour la forme moléculaire M et S. Aucune mutation de type L1014F n'a été observée chez les hybrides MS et chez *Anopheles arabiensis*.

Conclusion

Cette étude montre pour la première fois au Sénégal, une forte résistance au DDT et aux pyréthrinoides chez *Anopheles gambiae* vecteur majeur de la transmission du paludisme. Ces résultats doivent être pris en compte dans l'élaboration et le suivi des stratégies de lutte antivectorielle.

Mots clés : *anopheles gambiae*, insecticides, résistance, KDR, Dielmo, Sénégal

Impact des stratégies de lutte sur le comportement des vecteurs du paludisme

Sougoufara S.^{1,2}, Ndiath MO.¹, Gaye A.^{1,2}, Mazonot C.¹, Bouganali C.¹, Sembene PM.², Trape JF.¹, Sokhna C.¹

1. Laboratoire de Paludologie, UMR 198, IRD Hann-BP 1386 Dakar Fann, Sénégal,

2. Département de Biologie Animale, FST/UCAD, BP 5005 Dakar Fann, Sénégal

Contact : seynabou.sougoufara@ird.fr

Introduction

En Afrique, la transmission du paludisme est très hétérogène et est assurée par les anophèles du complexe *Anopheles gambiae* et du groupe *Anopheles funestus*. Afin de comprendre l'écologie, la dynamique des populations vectorielles responsables de la transmission, ainsi que l'impact des stratégies thérapeutiques et préventives, un suivi longitudinal entomologique a été initié depuis 1990 dans le village de Dielmo, Sénégal.

Matériels & Méthodes

Les moustiques ont été collectés mensuellement par capture nocturne sur appât humain, l'infection au Plasmodium a été détectée par ELISA-CSP et l'identification des différentes espèces impliquées dans la transmission a été faite par PCR-RLFP. En juillet 2008, une couverture universelle en moustiquaires imprégnées a été faite dans tout le village.

Résultats

Entre Avril 1990 et juin 2008, la densité agressive moyenne annuelle a été 15 P/H/N pour *Anopheles funestus* et 14.46 P/H/N pour *Anopheles gambiae*. Entre juillet 2008 et décembre 2010, la densité moyenne annuelle agressive a été de 1.14 P/H/N pour *Anopheles funestus* et 16 P/H/N pour *Anopheles gambiae*. Au même moment le taux d'inoculation entomologique annuel est passé de 270 Pi/an avant introduction des moustiquaires à 89 Pi/an après mise en place des moustiquaires. De 155 Pi/an en 2008, il est passé à 50 Pi/an en 2009. Deux ans après l'utilisation des moustiquaires, ce taux est remonté à 89 Pi/an. Aucune différence significative n'a été trouvée sur la proportion de moustiques endophiles avant et après mise en place des moustiquaires mais nous avons observé une plus grande agressivité des anophèles dès les premières heures de la nuit.

Conclusion

Ces résultats montrent toute la complexité du système vectorielle et la difficulté à mettre en place des stratégies de lutte antivectorielle adaptées aux comportements des vecteurs. D'où l'importance de faire des études préliminaires avant la mise en place des stratégies nouvelles.

Mot clés : Paludisme, vecteurs, moustiquaires imprégnées, comportement, Dielmo, Sénégal

Sélection de phénotypes paludiques pour les études d'association génétiques à Ndiop (Sénégal) : Estimation de l'héritabilité utilisant les modèles bayésiens

¹NA Bar, ²C Sokhna, ^{2,3}AB Ly, ⁴A Sakuntabhai, ¹J Faye, ¹A Touré, ²N Diagne, ¹FD Sarr, ²H Bassene, ¹A Badiane, ¹G Diakhaby, ¹C Loucoubar, ⁴I Casademont, ⁵A Diop, ¹A Dièye, ⁴P Drhuile, ^{1,4}R Perraut, ⁶C Rogier, ¹A Spiegel, ⁴R Paul, ⁴O Puijalon, ⁷the MalariaGEN Consortium, ²J-F Trape and ¹A Tall

¹Institut Pasteur de Dakar, ²Institut de Recherche pour le Développement, ³Ministère de la Santé et de l'Hygiène Publique, ⁴Institut Pasteur Paris, ⁵Université Gaston Berger, ⁶IMTSSA, ⁷A global network for investigating the genomic epidemiology of malaria

Le paludisme est une maladie multifactorielle qui est connue avoir des effets sur le génome humain de manière à favoriser l'émergence de nouveaux polymorphismes qui en influence la susceptibilité. Dans le cadre du projet MalariaGen, nous amorçons une étude de liaison et d'association basée sur la famille sur des données genome-wide d'abord dans le village de Ndiop (Sénégal). Nous comptons étudier ultérieurement le rôle des gènes HBB, ABO et G6PD. La première étape d'une étude de ce type est la sélection des phénotypes pertinents pour la détection de liaison et d'association. Dans cette étude préliminaire nous nous proposons d'estimer et de comparer l'héritabilité de deux traits (la parasitémie et la survenue des accès) pour chacun des trois parasites présents à Ndiop (*P. falciparum*, *P. malariae*, *P. ovale*).

Nous utilisons les données longitudinales de 16 années de suivi de la cohorte de Ndiop pour estimer l'héritabilité des phénotypes d'intérêt. L'estimation est basée sur un modèle bayésien animal callé sur des données cliniques. Les traits candidats à la sélection sont les variables à expliquer que nous contrôlons par l'âge, le statut en G6PD, le groupe sanguin, la période de traitement dans la partie fixe du modèle. La variance de chaque trait est partitionnée en effet génétique additif construit sur le pédigrée, en effet « Individu », en effet « Concession » et en effet « Année ». Le critère de sélection de modèles est basé sur le DIC (Deviance-Information Criterion). L'héritabilité est calculée à partir de la formule $h^2 = \hat{S}_G^2 / \hat{S}_P^2$, avec \hat{S}_G^2 et \hat{S}_P^2 étant respectivement les variances génétique et phénotypique. Les estimations ont été faites en utilisant les méthodes MCMC (Markov-Chain Monte-Carlo) sur R 2.10.1 à l'aide du package MCMCglmm.

Un total de 20 425 épisodes pathologiques ont été enregistrés entre 1993 et 2008 chez 725 individus. L'âge médian était de 9 ans (étendu: 4-20 ans). Un total de 7. 265 attaques à *P. falciparum*, 292 à *P. ovale* et 213 à *P. malariae* ont été répertoriées. L'héritabilité de la parasitémie à *P. falciparum* est estimée à 8% (HPD* intervalle: 3%-9%). Celles des accès à *P. falciparum* et *P. malariae* étaient très proches (6%(HPD intervalle : 2%-12%) vs 5%(HPD intervalle : 2%-8%)) alors que les héritabilités des parasitémies à *P. malariae* et à *P. ovale* étaient proche de zéro (0.1%(HPD intervalle : 0.04%-0.8%) et 0.3%(HPD intervalle : 0.1%-0.6%) respectivement). L'héritabilité estimée des accès à *P. malariae* était de 4%(HPD intervalle : 2.2%-7.8%).

Ces résultats suggèrent que la parasitémie à *P. falciparum*, les accès à *P. falciparum*, à *P. ovale* et à *P. malariae* sont les meilleurs candidats pour nos futures études de liaison et d'association génétique à Ndiop.

*HPD interval= 95% Highest Probability Density Interval

Les conditions de la transmission du paludisme à Dakar et banlieue proche.

Libasse Gadiaga, Vanessa Machault, Frédéric Pagès, Abdoulaye Gaye, Fanny Jarjaval, Lydie Godefroy, Birane Cissé, Jean-Pierre Lacaux, Cheikh Sokhna, Jean-François Trape, Christophe Rogier

Introduction

L'hétérogénéité (spatiale et temporelle) des taux d'agressivité d'*Anopheles* a longtemps été démontrée sur Dakar. Pour connaître les facteurs déterminants de la transmission du paludisme dans cette cité, une étude longitudinale a été conduite de 2007 à 2010 sur 45 quartiers.

Méthodes

Toutes les collections d'eau de ses 45 sites ont été suivies pour voir la présence de larve d'anophèle. La capture sur homme a servi à la collection des adultes. La technique ELISA-CSP a été utilisée et a permis le calcul des l'EIR. La PCR a permis d'identifier les vecteurs présents.

Résultats

325 gîtes d'anophèle ont été trouvées dans lesquels 2683 larves prélevées dont 1015 anophèles. Certains paramètres sont associés à la présence et ou à l'abondance de larves d'anophèles (le PH moyen était de 8 ; la température 30°C ; l'absence de larves de poissons, la pluie, la présence d'une végétation à la surface de l'eau, des collections d'eau temporaires). La plus part des gîtes positifs ont été localisés dans des zones accessibles.

496310 moustiques adultes ont été capturés et 3096 capteurs utilisés durant l'étude. 9% des moustiques (44967) sont *Anopheles gambiae s.l.* Le HBR varie de 0,1 à 248,9 piqures/homme/nuit (hivernage). *Anopheles arabiensis* (93,14%), *Anopheles melas* (6,83%) et *Anopheles gambiae s.s* forme M (0,03%) sont les espèces du complexe *gambiae* présents sur Dakar. 52 *Anopheles arabiensis* et 2 *An. melas* sont CSP-positifs. L'EIR varie de 0 à 17,6 suivant le site.

Conclusions

Les facteurs environnementaux associés à l'hétérogénéité de la transmission du paludisme à Dakar ont été identifiés. Ce qui permet la création d'une carte de risque du paludisme et par conséquent une stratégie de contrôle anti-vectoriel.

Mots clés : Dakar, *Anopheles gambiae*, entomologie, transmission du paludisme.

Evolution des quotients et causes de mortalité des 0-5 ans à Niakhar et à Mlomp.

L. Douillot, V. Delaunay, E. Kouevidjin, O. Ndiaye, JF. Molez, G. Pison, JF. Trape, C. Sokhna

Contexte

Deux systèmes de suivi démographique ont été mis en place avant les années 1980 (Niakhar en 1962 et Mlomp en 1971). Nous analysons ici les tendances de la mortalité des enfants et l'évolution des grandes causes de décès de 1985 à 2010.

Méthodes

Dans ces sites, les événements démographiques (naissances, décès et migrations) ont été enregistrés de manière continue. Depuis 1984, les causes de décès sont déterminées à l'aide de questionnaire d'autopsies verbales.

Résultats

Dans les années 1980, les niveaux de mortalité sont très différents dans les sites de Mlomp et de Niakhar. La baisse de la mortalité à Niakhar a été très importante au cours des années 1990 et 2000. Aujourd'hui la mortalité du premier mois est plus faible à Niakhar qu'à Mlomp., la mortalité de la première année présente un niveau similaire et l'écart de mortalité entre 1 et 4 ans se réduit. Parmi les décès du premier mois, on observe une diminution des causes liées aux conditions de l'accouchement dans les deux sites. Les diarrhées et le paludisme demeurent les principales causes des décès entre 1 mois et 1 an. Mais, proportionnellement, la part des décès indéterminés est devenue plus importante. Chez les enfants de 1 à 4 ans, on observe une quasi- disparition des décès liés aux infections respiratoires et aux diarrhées. A Niakhar, on distingue l'apparition de décès liés aux maladies de l'appareil digestif. Au cours des dernières années (2008-2010) le pic saisonnier des décès d'enfants au cours de l'hivernage à Niakhar a disparu, de même les décès attribuables au paludisme sont devenus très rares.

Discussion

Les nouvelles politiques de contrôle du paludisme introduites en 2003 et complétées en 2006/2008 ont des effets directs et indirects sur la mortalité des enfants et sont probablement le principal facteur de la baisse de la mortalité des enfants.

Mots clés :

Paludisme, mortalité infantile, système de surveillance démographique, Afrique, Sénégal.

Etude de l'étiologie virale des infections respiratoires aiguës chez les enfants âgés de moins de cinq vivant à Dielmo/Ndiop

Mbayame Ndiaye Niang¹; Ousmane M Diop¹; Fatoumata Diene Sarr²; Deborah

Goudiaby¹; Hubert Malou-Sompy²; Kader Ndiaye¹; Astrid Vabret³; Laurence Baril².

1 Unité de virologie médicale, 2 Unité d'épidémiologie des maladies infectieuses, 3 CHU Cean, France

Contexte

Les infections respiratoires aiguës (IRA) sont l'une des principales causes de morbidité infantile en particulier dans les pays en développement. Les virus sont reconnus parmi les principaux responsables d'IRA. Au Sénégal, peu de données concernant les causes d'infections respiratoires sont disponibles, et celles qui sont connues concernent principalement la grippe saisonnière,

Méthodes

La surveillance clinique et virologique des IRA a été réalisée chez les enfants âgés de moins de cinq ans vivant à Dielmo et Ndiop de Juillet à Novembre 2007. Pour chaque patient un formulaire standardisé a été rempli, et des prélèvements nasopharyngés et de sang réalisés. Les échantillons respiratoires ont été testés pour la détection de 14 virus respiratoires par RT-PCR multiplex ou par culture cellulaire et les échantillons sanguins pour la recherche du paludisme.

Résultats

Un total de 82 épisodes d'IRA ont été inclus, et 48 (58,5%) ont été trouvés positifs, avec un total de 55 virus détectés; plusieurs échantillons étaient positifs pour deux (n = 5) ou 3 (n = 1) virus. Dix virus différents ont été identifiés: les virus de la grippe A, B, et C 15 (n = 25), le virus respiratoire syncytial (n = 13), les rhinovirus (n = 8), les coronavirus 229E et NL63 (n = 6), les virus parainfluenza 3 et 4 (n = 2), et bocavirus (n = 1). Dix (12,2%) épisodes ont été associées à une goutte épaisse positive.

Conclusions

Ces résultats montrent l'importance et la diversité des virus comme agents responsables d'IRA chez les enfants vivant dans une communauté rurale au Sénégal. La mise en place de sites de surveillance sentinelle pourraient aider à mieux estimer le fardeau des IRA dans la population pédiatrique et pourrait permettre aux systèmes de soins de mieux se préparer et de mieux répondre à l'émergence de nouveaux virus. La seconde phase du projet consistera à la mise en place d'un système de surveillance de la grippe et des autres viroses respiratoires en collaboration avec le ministère de la santé.

Mots-clés: virus respiratoires, les infections respiratoires aiguës, outils de diagnostic moléculaire, la surveillance sentinelle.

Résultats préliminaires du projet MenAfricar

Aldiouma Diallo, Serge Covi Alavo, Bou Diarra, Cheikh Sochna, Jean François Trape, El Hadj Bâ, Hubert Basséne, Ekoué koué Kouevidjin , Jules François Gomis, Assane Ndiaye et Emile Ndiaye

Introduction

En raison du caractère asymptomatique de la plupart des infections à méningocoques, on ne peut appréhender pleinement l'épidémiologie de cette infection que si le portage ainsi que la maladie invasive font l'objet d'une investigation. Acquérir davantage d'informations sur le type de portage à méningocoques dans les pays de la ceinture à méningite de l'Afrique est particulièrement important à l'heure actuelle car la vaccination avec un nouveau vaccin antiméningococcique conjugué, développé pour le sérotype A est entrain d'être mis en place dans certains pays de la ceinture à méningite de l'Afrique depuis fin 2010.

Objectif

Le principal objectif de cette étude est d'évaluer le portage des méningocoques dans cinq pays de la ceinture méningitique Africaine (Tchad, Ghana, Ethiopie, Nigeria et Sénégal) avant l'introduction d'un nouveau vaccin méningococcique conjugué A.

Méthodologie

Design de l'étude entre 2010 et 2012.

Il est proposé une étude d'observation comportant quatre principales composantes (étude transversale (saison sèche et pluie), longitudinale, une étude facteurs de risque de portage et sur le taux d'acquisition des anticorps méningococciens).

Prélèvements et analyses prévues

Un prélèvement oropharyngé unique sera effectué chez tous les sujets participants aux études transversales ou aux études sur les ménages. Les bactéries seront cultivées directement sur un milieu sélectif et *Neisseria* identifié de même que le taux d'anticorps bactéricides spécifiques contre les méningocoques de serogroupe A sera mesuré sur du sang prélevé.

Résultats attendus :

Cette étude fournira des informations primordiales sur les différents types d'infection à méningocoque au Sénégal.

Etude de la dynamique de transmission saisonnière de la schistosomiase urinaire dans des écosystèmes pluvio-temporaires à Niakhar.

Senghor B^{1,2}., Bâ C. T²., Diallo A¹., Diaw O. T³., Seye M³., Sokhna C²., Talla I⁴.

¹Institut de Recherche pour le Développement, Dakar, Sénégal, ² Université Cheikh Anta Diop, Dakar, Sénégal, ³Institut Sénégalaise de Recherche Agricole, Dakar, Sénégal, ⁴ Programme National de Lutte Contre la Bilharziose et les Géo- helminthiase, Ministère de la Santé et de la Prévention, Dakar, Sénégal.

Introduction.

La schistosomiase urinaire est une parasitose humaine qui sévit en milieu rural où les mares et marigots temporaires se constituent pendant l'hivernage. En 2009 une enquête réalisée en milieu scolaire dans 14 villages de la zone d'étude de Niakhar a montré que les prévalences et intensités de l'infestation sont importantes et la parasitose était peu connue. Les principaux systèmes épidémiologiques sont constitués par des écosystèmes pluvio-temporaires (mares, marigot et drain). Ces points d'eau temporaires sont vitaux pour les populations car connaissent de très fortes fréquentations humaines et animales pendant l'hivernage. L'objectif de notre étude est de comprendre la dynamique de la transmission saisonnière au niveau de ces systèmes épidémiologiques qui sont à sec pendant 5 à 7 mois dans l'année en étudiant d'une part l'infestation des populations humaines en rapport avec les facteurs socio-économiques et comportementaux et d'autre part la dynamique des mollusques en fonction des facteurs environnementaux.

Matériels et méthodes.

Nous réalisons d'une part un suivi parasitologique et comportemental d'une cohorte de populations résidentes dans 11 villages de la zone et âgées de 5 à 60 ans et d'autre part un suivi malacologique et environnemental au niveau des écosystèmes pluvio-temporaires et des sites de contact homme-eau de chaque village. L'infestation des populations humaines est évaluée par l'examen macroscopique, la filtration et la numération des échantillons d'urines. Les prospections malacologiques ont été réalisées au niveau de 28 sites de contact homme-eau répartis dans les différents villages et tenant compte de la nature du point d'eau, son importance, son accessibilité, ainsi que des fréquentations. Les mollusques sont récoltés, identifiés, comptés (abondance relative), testés et mesurés.

Résultats préliminaires.

La situation parasitologique de la cohorte a montré que sur les 929 sujets examinés, 556 ont été trouvés infestés soit une prévalence globale de la schistosomiase urinaire de 60% (IC : 56,6% 63,0%). Les prévalences varient selon les villages de 34,5 % à 91,5 %. Chez les sujets de 5 à 15 ans et 15 à 30 ans, les hommes sont plus infestés que les femmes. Par contre chez ceux de 30 à 60 ans, aucun homme n'a excrété des œufs de *Schistosoma haematobium* contrairement aux femmes (30%). Tous les sujets infestés ont reçu une dose de Praziquantel et seront contrôlés avant les ré-infestations. La première pluie a lieu au mois d'Aout. Deux prospections ont été réalisées aux mois de septembre et octobre. La situation malacologique des points d'eau montre que le nombre total de mollusques

récoltés est de 687 dont 66 *Bulinus umblicatus* (10%) et 621 *Bulinus senegalensis* (90 %). Ces bulins sont les seules espèces de mollusques rencontrés avec une large prédominance de *Bulinus senegalensis* qu'on retrouve dans tous les sites de prospection. L'étude de la population de mollusque lors de la première prospection à montré que 60% des *B. umblicatus* et 52% des *B. senegalensis* étaient des adultes car avaient une taille de 7 à 9,9 mm. Tous les mollusques testés n'ont pas révélés une infestation.

Conclusion.

Ces résultats préliminaires confirment l'endémicité de la schistosomiase urinaire à Niakhar. *B. senegalensis* et *B. umblicatus* sont les seules espèces de mollusques hôtes intermédiaires rencontrés. Les mollusques adultes (7 à 9,9 mm) sont ceux qui ont résistés à l'assèchement des points d'eau et interviendront dans les ré-infestations. C'est une étude qui se poursuit pour 3 ans afin d'avoir assez de données pour faire des comparaisons interannuelles et réaliser un model de transmission adapté aux conditions locales.

Résumé des posters

Résistance de *Plasmodium falciparum* à la sulfadoxine-pyriméthamine (SP) et retentissement des gamétocytes traités à la SP sur la transmission du paludisme en zone hypoendémique du Sénégal

GAYE, A^{1,2} – GADIAGA, L^{1,2} – NDIATH, MO¹ – SOKHNA, C¹ – KONATE, L² – TRAPE, JF¹

1- Laboratoire de Paludologie, UMR 198 URMITE, IRD BP 1386 Dakar Sénégal

2- Laboratoire d'Ecologie Vectorielle et Parasitaire (LEVP), UCAD BP 5005 Dakar Fann

Introduction

La gamétocytogenèse est le processus par lequel, se forment les gamétocytes, après une « souffrance » parasitaire. Ce processus est parfois influencé par la chimiorésistance qui fait souffrir le parasite sans le tuer ou par l'action de certains médicaments comme la SP. L'objectif de cette étude est de tester l'infektivité des gamétocytes post-thérapeutiques sous SP à la suite d'un accès palustre simple.

Méthodologie

La résistance des souches a été déterminée en estimant la chimiorésistance sur le suivi post-thérapeutique de la parasitémie résiduelle. Pour juger de l'infektivité de ces gamétocytes après traitement et du rôle du médicament sur l'infektivité des gamétocytes, des infections expérimentales de moustique ont été réalisées après traitement d'un accès palustre simple sous Fansidar®.

Résultats

La CQ et la SP ont été testés in vivo, respectivement chez 112 et 89 porteurs de plus de 1000 parasites/mm³, fébriles ou non. Les résultats observés ont permis d'évaluer une résistance globale de 48,2% (112) pour la CQ et 4,5% (89) pour la SP et une gamétocytogenèse nettement plus prononcée chez les souches SP sensible que les souches CQ sensible soit 13,5% contre 58,3%. L'infektivité des gamétocytes traités sous fansidar® a été testé sur un effectif de 26 porteurs, 12 ont infecté les moustiques soit 46,1%.

Conclusion

Ces résultats nous enseignent que le Fansidar®, ne peut être préconisé pour le traitement des accès palustres simples, à cause non seulement de son pouvoir gamétocytogène, mais également du pouvoir infectant de ces gamétocytes pour les moustiques. Cette situation pourrait favoriser la dispersion des souches résistantes.

Une nouvelle espèce de *Rickettsia* retrouvée dans les puces recueillies auprès des habitations et sur chats et chiens à Dielmo et Ndiop, Sénégal.

Roucher C, Mediannikov O, Diatta G, Trape JF, Raoult D.

Introduction. Les insectes de l'ordre siphonaptères, communément appelés puces, sont des vecteurs d'agents pathogènes à travers le monde. Nos études antérieures ont montré que 4,4% des maladies fébriles dans la région du Sine-Saloum au Sénégal étaient dues à *Rickettsia felis*. Le but de cette étude est d'expliquer la prévalence élevée des infections à *R. felis* dans deux populations rurales sénégalaises par un protocole de surveillance entomologique systématique.

Méthodes. Les puces ont été recueillies par piégeage lumineux la nuit dans les chambres des habitants et capturées manuellement sur les animaux domestiques dans les villages de Dielmo et Ndiop une fois par mois durant l'année 2010. Les puces ont été identifiées et testées pour rechercher la présence des espèces *Bartonella* et *Rickettsia*.

Résultats. Un total de 232 puces ont été collectées correspondant à trois espèces : *Ctenocephalides felis*, *Echidnophaga gallinacea* et *Synosternus pallidus*. Aucune puce n'a été retrouvée positive pour les espèces *Bartonella* et *R. felis*. Cependant, de façon surprenante, nous avons constaté que 91,4% des *S. pallidus* étaient infectées par une espèce nouvelle de *Rickettsia*, qui, basée sur l'analyse des séquences de *gltA*, *d'ompB* et de deux fragments de *rpoB*, a été retrouvée comme étroitement liée à *R. felis*.

Discussion. Les résultats de cette étude n'expliquent cependant pas l'incidence élevée des infections à *R. felis* dans ces deux populations sénégalaises.

Forte nuisance culicinienne en zone urbaine et périurbaine à Dakar (Sénégal)

Diédhiou S.M. 1,2, Ndiath O.¹, Gadiaga L.¹, Machault V.³, Gaye A.¹, Pagés F.³, Konaté L.², Trape J.F.¹, Rogier C.³, & Sokhna C.¹

1-Laboratoire de Paludologie, UMR 198 Dakar, 2- LEVP, UCAD, 3- IMTSSA, Marseille

Contact : naboujadiedhiou@hotmail.com

Introduction

Une étude entomologique sur les moustiques agressifs pour l'homme a été réalisée de juillet 2009 à juin 2010 dans trois départements de la région de Dakar : Dakar (zone urbaine), Guédiawaye (zone périurbaine) et Pikine (zone périurbaine).

Méthodes

Les moustiques ont été capturés de nuits sur appât humain. Trente (30) sites ont été étudiés et 520 séances de captures totalisant 3120 homme/nuit ont été organisées.

Résultats

Au total l'échantillon agressif pour l'homme est composé de 296043 moustiques dont 272759 Culicinae et 23284 Anopheles. Quatre espèces de *Culicinae* ont été capturés: *Culex quinquefasciatus*, *Culex tritaeniorhynchus*, *Aedes aegypti* et *Mansonia sp.* Dans la zone d'étude, la faune culicidienne non anophélienne est principalement composée de *C. quinquefasciatus* avec 96,2 %, 60,7 % et 98,9 % des Culicines agressifs pour l'homme respectivement à Dakar, Guédiawaye et Pikine. La présence d'*Aedes aegypti* a été plus importante en milieu urbain alors que les *Mansonia* restent limités aux zones proches des Niayes. L'agressivité la plus importante a été obtenue en zone périphérique avec 143,7 P/H/N à Pikine, 81,9 P/H/N à Guédiawaye contre 78,0 P/H/N à Dakar.

Conclusion

La présente étude montre qu'il existe une forte densité culicidienne dans la région de Dakar. En raison de la nuisance causée mais surtout du rôle potentiel de vecteurs de filarioses et d'arboviroses des espèces incriminées, la situation actuelle demande une intervention immédiate pour soulager les populations de ces nombreuses piqûres et éviter l'apparition et la propagation d'arbovirose comme observée avec la dengue.

Mots-clés : *Culex quinquefasciatus*, *Culex tritaeniorhynchus*, *Aedes aegypti*, *Mansonia sp.*, Dakar, Sénégal.