

5^{ème} journée Dakaroise

De l'Unité de Recherche sur les Maladies Infectieuses et Tropicales Emergentes (UMR 198)



Lundi 19 novembre 2012

Campus International de Recherche IRD-UCAD de Hann

PROGRAMME DE LA 5^{ème} JOURNEE DAKAROISE DE L'UMR 198 URMITE

Lundi 19 novembre 2012

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 - 9:40

Introduction

9:05 - 9:40 Didier Raoult - Présentation générale de l'URMITE - Sénégal

Jean-Louis Mege - Le Master International « Pathologies humaines »

9:40 - 10:20 Les pathogènes émergents au Sénégal

Président de séance: Thérèse Dieng, UCAD

9:40 - 09:50 Oleg Mediannikov - Epidémiologie des maladies émergentes au Sénégal

09:50 - 10:00 Georges Diatta - Nouvelles données sur la borréliose à tiques au Sénégal

10:00 - 10:10 Hubert Bassène - Nouvelles données sur la maladie de Whipple au Sénégal

10:10 - 10:20 Maxence Aubadie - Mise en place du MALDI-TOF au Sénégal

10:25 - 11:05 Les vecteurs

Président de séance: Lassana Konaté, UCAD

10:25 - 10:35 Cheikh Sokhna - Identification des moustiques par MALDI-TOF MS

10:35 - 10:45 Ousmane Ndiath - Résistance des vecteurs du paludisme aux insecticides

10:45 - 10:55 Seynabou Sougoufara - Comportement des vecteurs du paludisme

10:55 - 11:05 Masse Sambou - Les *Ceratopogonidae* (Diptera) au Sénégal

11:05 - 11:25 Pause café

11:30 - 12:45 Le paludisme au Sénégal

Président de séance: Fatoumata Diene-Sarr, IPD

11:30 - 11:45 Amélé Wotodjo - Paludisme à Dielmo : entre déclin et rebond

11:45 - 11:55 Fodé Diop - Evaluation en dix ans de la réponse anticorps à Dielmo et Ndiop

11:55 - 12:05 Nafissatou Diagne - Paludisme chez les femmes enceintes à Dielmo

12:05 - 12:20 Philippe Brasseur/Cheikh Sokhna - Pharmacovigilance des ACT à Mlomp et Niakhar

12:30 – 14:30 Déjeuner

15:00 – 15:50 Les observatoires de population et santé

Président de séance : Laurent Vidal, IRD

15:00 -15:15 Valérie Delaunay - DSS : organisation et objectifs en 2013

15:15 - 15:25 Laëtitia Douillot - Tendances démographiques : analyses en cours

15:25 - 15:35 Valérie Delaunay/Sadio Gning - Projets MADAS et ReSo

15:35 - 15:50 Alice Desclaux - Projet MEREAF au Sénégal

16:00 – 16:45 Les études d'intervention

Président de séance: Khoudia Sow, CRCF de Fann

16:00 - 16:20 Bernard Taverne - Suivi des patients sous ARVs depuis 2000

16:20 - 16:30 Bou Diarra - Surveillance de la grippe à Niakhar

16:30 - 16:45 Aldiouma Diallo - Méningite à Niakhar

17:00 Discussion générale et clôture officielle

Résumé des présentations orales

Epidémiologie des maladies émergentes au Sénégal

Oleg Mediannikova, Cristina Socolovschi, Pavel Ratmanov, Florence Fenollar, Hubert Bassene, Georges Diatta, Cheikh Sokhna, Adama Tall, Jean-François Trape and Didier Raoult.

L'introduction de nouvelles combinaisons thérapeutiques antipaludiques et de moustiquaires imprégnées a diminué la morbidité, due au paludisme et permis de mesurer la part considérable des étiologies de fièvre non palustre, dans les motifs de consultations aux dispensaires ruraux. Au Sénégal, comme dans les autres pays d'Afrique sub-Saharienne, le répertoire des maladies fébriles d'origine non palustre reste très peu connu.

L'équipe "Maladies émergentes" de l'URMITE a commencé la collecte des données sur l'origine des maladies fébriles à partir de fin 2008. L'étude prospective sur 5 sites de surveillance a commencé à partir de juin 2010, elle est toujours en cours. L'analyse préliminaire de 1566 prélèvements de sang, effectués chez les sujets fébriles de 14 dispensaires, situés dans les régions de Sine-Saloum (Dielmo, Ndiop), Niakhar, Keur Momar Sarr, Kédougou, et Basse-Casamance, montre la forte prévalence de l'ADN bactérien dans le sang des patients. *Rickettsia felis*, l'agent de la fièvre "yaaf" est le plus répandu au Sénégal. Cette bactérie est responsable de 14.4% (225/1,566) des cas de maladies fébrile dans les zones d'étude. *Borrelia crocidurae* (fièvre récurrente) est également très commune (7.3%, 115/1,566), surtout dans les régions du nord. L'incidence générale de *T. whipplei* est 3.1% (49/1,566). Bartonellosis *sensu lato* (1.3%, 20/1,566) est plus rare, seulement 3 cas de la fièvre des tranchées (*Bartonella quintana*) ont été détectés à Ndiop. La fièvre Q aigüe a été enregistrée chez 8 malades.

En parallèle notre équipe travaille sur l'épidémiologie des maladies émergentes, encore mal connue. Le réservoir de *R. felis* en Afrique est toujours inconnu, on propose les moustiques comme vecteur principal (à l'inverse des puces de chats, qui sont généralement considérées comme le vecteur de *R. felis*). La distribution de la borreliose au Sénégal doit être étudiée ainsi que la structure génétique des *Borrelia* et de ses vecteurs. Nous avons réussi l'isolement de 2 souches de *B. crocidurae* à partir des malades de Dielmo et Ndiop. Les cas de bartonellose au Sénégal ne sont, qu'en partie, due à *B. quintana*. L'étiologie des autres cas reste encore inconnue, ainsi que la distribution, les réservoirs et les vecteurs. Nous avons isolé 3 souches à partir de 2 nouvelles espèces de *Bartonella*, trouvées dans des tiques molles et 12 souches de 2 espèces à partir des rongeurs. La distribution de la fièvre Q au Sénégal et son épidémiologie doit être décrite.

Pour l'instant, nous avons seulement identifié l'étiologie de ~20-25% des cas de fièvres d'origine non palustre, observées dans les dispensaires du Sénégal. La majorité des ces pyrexies étant d'origine inconnue, il est urgent d'élucider ce mystère.

Nouvelles données sur la borréliose à tiques au Sénégal

UMR 198, URMITE, Institut de Recherche pour le Développement BP 1386 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 et NDiop (Sine-Saloum, Sénégal), un suivi médical quotidien et épidémiologique de la population a été réalisé pendant plus de 21 ans et 20 ans respectivement. 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 le séquençage.

Résultats

Sur 2 892 terriers examinés, 506 (17,4%) étaient infestés par des tiques ornithodores. Des infections par *Borrelia* ont été trouvées chez 214/886 (24,1%) 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. Le séquençage d'un fragment du gène 16S-23S ribosomal RNA de l'espace intergénique (ITS) de 14 des 15 échantillons positifs de tiques de Dielmo-NDiop testés par cette méthode a révélé l'existence de plusieurs génotypes différents au sein de l'espèce *B. crocidurae*.

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

L'infection à *Tropheryma whipplei* au Sénégal.

Hubert Bassene¹, Alpha Kabinet Keita¹, Oleg Mediannikov¹, Pavel Ratmanov¹, Georges Diatta¹, Clémentine Roucher¹, Adama Tall³, Cheikh Sokhna¹, Jean-François Trape¹, Didier Raoult^{1,2} and Florence Fenollar^{1,2*}

¹Aix 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. ²AP-HM, CHU Timone, Pôle Infectieux, 13005 Marseille, France. ³Unité d'Epidémiologie, BP 220, Institut Pasteur de Dakar, Dakar, Sénégal

*Corresponding author email: florence.fenollar@univ-amu.fr

Introduction

La maladie de Whipple a longtemps était considérée comme rare limitée chez les hommes de race blanche. L'infection est due à *Tropheryma whipplei*, la bactérie Gram positif à haut GC% apparentée aux actinomycètes. Des études récentes ont montrée que l'Afrique subsaharienne est très touchée particulièrement les enfants en dessous de 5 ans (75%). Ces mêmes études ont montré pour la première fois que *T. whipplei* pouvait être à l'origine de fièvres chez les malades consultant au dispensaire. L'examen de salives, de lait maternel, d'eau de canaris de puits et de rivière a montré une présence d'ADN de la bactérie dans la salive et le lait maternel. Vue les conséquences que peuvent entraîner une infection à *T. whipplei*, il est devenu urgent de connaître le réservoir naturel, le mode de transmission et les différents facteurs de risque.

Matériel et méthodes

De juin 2010 à mars 2012, cinq sites (trois dispensaires rural dans chacun) ont été surveillés dans le cadre du programme d'identification de pathogènes émergents. Des prélèvements systématiques de 4 gouttes de sang chez les malades fébriles consultant dans les postes de santé ont été analysés par biologie moléculaire dans notre laboratoire de biologie moléculaire de Marseille. Parallèlement une enquête épidémiologique a été menée dans le site de Dielmo et Ndiop pour comparer des concessions à forte prévalence (5) de *T. whipplei* à d'autres où elle est nulle (3) afin d'identifier les facteurs de risques.

Résultats

Globalement, la prévalence de la bactériémie à *T. whipplei* reste encore rare (2.8% d'épisodes fébriles dans les sites d'étude). Mais dans les zones comme Dielmo et Ndiop, elle plus élevée, nous avons enregistré respectivement 4.5% et 4,9%. En plus, en Août 2010 nous avons pu enregistrer une épidémie de l'infection à *T. whipplei* à Dielmo avec 26 cas de bactériémies causées par cette bactérie (68% des cas recensé en une année).

En comparant les 5 concessions de forte prévalence à *T. whipplei* et les 3 concessions négatives à Dielmo, la seule différence notée est la présence de toilettes (1/5 vs 3/3 ; P=0,01423). Sur l'ensemble des échantillons collectés dans les concessions (1002) seuls 4 sont légèrement positifs à *T. whipplei*.

Conclusion

Cette étude a confirmé que *T. whipplei* joue un rôle important dans la structure des maladies fébriles au Sénégal. Le diagnostique de cette maladies n'est pas disponible que au niveau de POC à Dielmo. L'épidémiologie reste très peu connue, le seul facteur fortement associé à la circulation de *T. whipplei* est l'absence de toilette dans les concessions où la prévalence est élevée.

Identification Bactérienne par Spectrophotométrie de Masse

Aubadie-Ladrix Maxence ; Fenollar Florence ; Lô Cheikh ; Sokhna Cheikh ; Mediannikov Oleg
et Raoult Didier

UMR URMITE, Institut de Recherche pour le Développement, Centre IRD Hann, B.P. 1386, Dakar,
Sénégal

Suite à la mise en service du VITEK-MS (Biomérieux, Marcy-l'Étoile France) au sein du laboratoire de bactériologie de l'Hôpital Principal à Dakar, premier spectrophotomètre de masse en Afrique de l'ouest, l'identification bactérienne au Sénégal prépare sa révolution. La technologie MALDI-TOF (Matrix Assisted Desorption/Ionization-Time Of Flight) permet l'analyse de biomolécules (surtout les protéines) en calculant, après les avoir irradié/ionisé par laser, le temps de vol, en fonction de leur rapport masse sur charge. Ce procédé permet l'obtention d'un spectre semi-quantitatif de données brutes. Le VITEK-MS présente de nombreuses applications, notamment concernant la microbiologie et plus particulièrement pour l'identification bactérienne. La technologie MALDI-TOF, théoriquement, pourrait se substituer à l'identification morphologique d'autres organismes.

Nous avons isolé les souches bactériennes, à partir de prélèvements sanguins de 18 sujets (14 en Casamance et 4 à Dielmo-Ndiop) sur un total de 54 malades fébriles suivis (42 en Casamance et 12 à Dielmo-Ndiop). Les bactéries sont ensemencées et isolées sur géloses au sang (milieu cœur/cerveau + 5% de sang de mouton) élaborées au sein de l'URMITE. L'identification bactérienne à Dakar se fera par l'intermédiaire du VITEK-MS et du logiciel SARAMIS (base de données Biomérieux). L'identification bactérienne à Marseille de mêmes souches, se fera par l'intermédiaire de l'Autoflex II MALDI-TOF mass spectrometer et du logiciel Flex Control (base de données Bruker Daltonics). Dans la situation où aucun des deux spectrophotomètres ne pourrait identifier la souche bactérienne, un séquençage d'ARNr 16S sera systématiquement effectué.

En tout, 35 souches bactériennes ont été isolées et préparées pour la co-identification par VITEK-MS à Dakar et par l'Autoflex II à Marseille. Dans 20 cas sur 35, le VITEK-MS a permis l'identification de l'espèce bactérienne, soit un pourcentage d'identification de 57%.

A Marseille, pour 27 souches (8 souches sont encore en cours d'identification à ce jour), l'Autoflex II a permis l'identification de 20 espèces bactériennes, soit 74% d'identification. La base de données de l'Autoflex est plus riche que celle du VITEK-MS. 23 souches ont été co-analysées : 12 identifications sur 23 (52%) correspondent. Il n'y a pour l'instant aucun cas où les identifications diffèrent. Dans 3 cas l'Autoflex II a identifié la souche bactérienne là où le VITEK-MS n'avait pas donné d'identification.

Parmi les 27 souches testées, 6 restent non-identifiées par MALDI-TOF, ni à Dakar, ni à Marseille, leurs spectres ne concordant pas avec ceux présents dans les bases de données du VITEK-MS et de l'Autoflex. Dans 3 cas, l'identification par séquençage du gène d'ARN ribosomal 16S a révélé la présence de *Propionibacteriaceae* sp., *Janibacter* sp. et *Clostridium* sp., probablement trois nouvelles espèces.

Un nouvel outil d'identification des moustiques : la spectrométrie de masse de type MALDI-TOF

Sokhna C¹, Sougoufara S.^{1,2}, Ndiath MO.¹, Yssouf A.³, Socoslovaki C.³, Parola P.³, Raoult D.³.

1. URMITE, UMR CNRS 6236 IRD 198 RD, BP 1386, Campus IRD-UCAD de Hann, Dakar, Sénégal
2. Département de Biologie Animale, FST/UCAD, BP 5005 Dakar Fann, Sénégal
3. Unité des Rickettsies, Faculté de Médecine, Aix-Marseille Université, Marseille, France

La diversité des écosystèmes ainsi que les changements qu'ils connaissent font que les moustiques sont en perpétuelle évolution. L'identification des espèces est essentielle pour mesurer le rôle de chacune d'elle dans la transmission, en particulier en zone de sympatrie, pour lutter contre les bons vecteurs.

Classiquement, les espèces sont identifiées sur des critères morphologiques, éthologiques, écologiques et biogéographiques. Des études plus récentes en génétique des populations, basées sur la PCR ou le séquençage d'un gène au niveau de l'ADN ont permis d'identifier les espèces mais aussi de mettre en évidence des spécimens appartenant à des complexes ou groupes d'espèces. Aujourd'hui la spectrométrie de masse de type MALDI-TOF (Matrix Assisted Laser Desorption/ Ionization Time-Of-Flight) se développe dans les laboratoires de microbiologie et elle permet de caractériser des souches bactériennes à partir des spectres de masse moléculaire des différentes protéines présentes dans un échantillon.

Récemment l'application de cette nouvelle technique comme outil d'identification des arthropodes a été évaluée, elle a permis d'obtenir des spectres qui varient d'un genre à l'autre, d'une espèce à l'autre et même d'une sous espèce à l'autre. Les résultats montrent aussi également une bonne reproductibilité des différents spectres pour une même espèce.

Cette nouvelle technique est un bon outil d'identification des moustiques et elle peut être utilisée comme une alternative d'identification des vecteurs, du fait de son coût relativement faible, de sa rapidité et d'une caractérisation précise des différents échantillons de moustiques.

Mots clés : Moustiques, identification, MALDI-TOF MS, protéines, spectres

L'anophèle : Entre résistance et adaptation !

Ndiath MO.¹, Sougoufara S.^{1,2}, Gaye A.^{1,2}, Trape JF.¹ & Sokhna C.¹

1. Laboratoire de Paludologie - URMITE, 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

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 aujourd'hui à l'émergence de la résistance aux insecticides. Comme une véritable course aux armements l'anophèle allie résistance et adaptation pour déjouer son hôte et maintenir la transmission.

Une étude longitudinale entomologique effectuée dans le village de Dielmo (Sud-Est de Dakar) et basée sur des captures de moustiques sur homme avant et après mise en place des moustiquaires imprégnées d'insecticide ont montré une augmentation significative de la fréquence KDR passant de moins de 5% en 2006 à plus de 40% en 2011. Elle a aussi montré une adaptation extraordinaire de l'anophèle qui pique maintenant dès les premières heures bien avant que les personnes ne soient au lit. Une observation beaucoup plus approfondie basée sur la distribution des génotypes KDR et les heures de capture ont montré que les moustiques sensibles piquaient aux premières heures (entre 19h et 23h) de la nuit tandis que les moustiques résistants avaient une forte tendance à plus piquer au milieu de la nuit lorsque les populations sont déjà sous moustiquaires. Elle a aussi montré que un an après la mise en place des moustiquaires, l'essentiel de la transmission (plus de 98%) était assurée par les moustiques résistants.

Ces résultats à la fois troublant et inquiétant montrent toute la capacité et la compétence anophélienne à déjouer les stratégies mises en place pour lutter contre le paludisme. En mettant ainsi en place les moustiquaires imprégnées pour nous protéger, ne sommes nous pas entrain de donner à l'anophèle tout « l'arsenal de guerre » dont il a besoin pour frapper encore beaucoup plus fort ?

Mots clés : anophèle, insecticides, résistance, KDR, adaptation, Dielmo, Sénégal

Comportement des vecteurs du paludisme à Dielmo

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

1. UMR 198-URMITE, 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

La lutte contre le paludisme est basée sur la mise en place des mesures de prévention durables et sélectives incluant la lutte anti vectorielle. Mais l'efficacité de la lutte dépend pour une grande part de la compréhension du comportement des vecteurs qui est un facteur important dans l'épidémiologie du paludisme.

Matériels & Méthodes

L'échantillonnage des moustiques a été effectué au moyen de capture nocturne sur appât humain à l'intérieur et l'extérieur des concessions, l'infection au *Plasmodium* a été détectée par ELISA-CSP. 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

De janvier 2006 à décembre 2011, 62% des anophèles capturés appartiennent au complexe *Anopheles gambiae*. Il y'a pas eu une variation de l'agressivité d'*An. gambiae* avant et après mise en place des moustiquaires imprégnées (11.8 P/H/N/man/ avant vs. 12.0 après). Par contre la proportion relative de chaque taxon au sein du complexe a varié entre les deux périodes, ainsi les densités d'*An. arabiensis* et de la forme moléculaire M ont diminué progressivement par contre celle de la forme S a fortement augmenté après l'intervention. De même aucune différence significative n'a été observée pour les taux de CSP entre les différentes populations avant la mise en place des moustiquaires. Ce taux a considérablement diminué chez *An. arabiensis* et la forme moléculaire M (Fisher exact p=0.03, 0.01 respectivement) mais chez la forme S le taux de CSP est resté inchangé après l'intervention (Fisher exact p=0.8) et ceci est probablement dû à la fréquence kdr relativement élevée chez ce taxon. De plus des différences significatives ont été notées sur le comportement des moustiques lors de la piqûre ainsi que les préférences trophiques entre les différents taxons d'*An.gambiae*.

Conclusion

L'évolution du comportement des espèces du complexe *An.gambiae* en réponse à des méthodes de lutte anti-vectorielle est préoccupante. Ces résultats soulignent la nécessité de développer des stratégies alternatives pour mieux cibler les vecteurs.

Mots clés : Paludisme, Moustiquaires imprégnées, Anophèles, comportement, Dielmo

***Ceratopogonidae* (Diptera) au Sénégal : Réservoirs et vecteurs de maladies infectieuses émergentes ?**

Masse Sambou^{1,3}, Hubert Bassène¹, Georges Diatta¹, Didier Raoult², Ngor Faye³, Oleg Médiannikov¹

¹Institut de recherche pour le Développement BP 1386, URMITE Dakar, Sénégal ; ²Unité des Rickettsies, Faculté de Médecine, Marseille, France ; ³Faculté des Sciences et Techniques, Département de Biologie Animale, Laboratoire de Parasitologie Générale Université Cheikh Anta Diop de Dakar.

Introduction

Les *Ceratopogonidae* sont de petits insectes de l'ordre des *Diptera*, avec une grande variété d'espèces très répandues au Sénégal. Quatre principaux genres hématophages ont été identifiés : *Austroconops* (limité dans la région australienne), *Leptoconops*, *Forcipomyia* et *Culicoides*. Certaines espèces du genre *Culicoides* sont impliquées dans la transmission de pathogènes tels que, les helminthes, les protozoaires et les virus. La recherche de vecteurs des agents pathogènes de maladies infectieuses émergentes nous a conduit à nous intéresser aux *Ceratopogonidae*, arthropodes hématophages répandus dans nos sites d'étude.

Matériel et méthodes

Des collectes de *Ceratopogonidae* ont été effectuées avec des pièges lumineux CDC modifiés, dans les villages et environs de Dielmo - Ndiop du 15 au 19 Janvier 2012. Les spécimens capturés ont été triés, conservés dans l'éthanol 70° et identifiés morphologiquement à la loupe. Leur ADN a été extrait avec les kits Nucleospin Tissue (Machery-Nagel AG, Düren, Allemagne). La détection de l'ADN des bactéries a été réalisée par PCR des gènes *gltA* (pour *Rickettsia* spp.) et ITS (*Bartonella* spp.).

Résultats préliminaires

Au total, 541 *Ceratopogonidae* hématophages appartenant à deux genres ont été collectés. Le genre *Culicoides* comprenait 539 individus avec 11 espèces différentes dont *C. enderleini* (197), *C. wansoni* (123) et *C. imicola* (42) étaient plus rencontrées, et le genre *Forcipomyia* avec 2 individus. Les espèces *C. enderleini* et *C. imicola* étaient rencontrées le long de la mangrove du delta du Saloum (Sourou et Taboucouta) alors que l'espèce *C. wansoni* était présente dans toutes les zones de piégeage. Sur les 541 *Ceratopogonidae* capturés, 383 individus ont été testés en biologie moléculaire pour la présence de gènes de rickettsies et tous étaient négatifs.

Conclusion

Ces résultats montrent une diversité d'espèces de *Culicoides* dans la zone d'étude liée au biotope. Nous continuons de tester d'autres bactéries et d'échantillonner dans d'autres sites comprenant Casamance et Kédougou.

Paludisme chez les adultes à Dielmo (Sine-Saloum, Sénégal): entre déclin et recrudescence du fléau palustre.

Wotodjo A. N^{1,2}, Sokhna C¹, Diagne N¹, Dieye F¹, Faye N², Trape J. F¹.

¹Institut de Recherche pour le Développement, UMR 198, URMITE, BP 1386 Dakar, Sénégal

²Faculté des Sciences Techniques, Département de Biologie Animale, Université Cheikh Anta Diop de Dakar

Introduction : Le poids du paludisme a beaucoup diminué ces dernières années grâce à l'utilisation massive des moustiquaires imprégnées à longue durée d'action (MILDA) et des combinaisons thérapeutiques à base d'artémisinine (ACTs). Responsable, cependant, encore en 2010 de 655 000 décès dans le monde dont 91% en Afrique, le paludisme n'épargne plus les adultes qui étaient autrefois indemnes dans les régions à forte endémicité. L'étude du paludisme chez les adultes mérite d'être investiguée afin de mieux appréhender les aspects épidémiologique et immunologique du paludisme de l'adulte en relation avec les stratégies actuelles de lutte et de prévention.

Matériel et méthodes : De 2007 à 2012, un suivi longitudinal actif a été réalisé chez les adultes âgés d'au moins 15 ans à Dielmo pour mesurer l'incidence palustre avant et après l'utilisation des MILDA. Les MILDA ont été mises en place dans tout le village en juillet 2008 puis renouvelées en juillet 2011. Des gouttes épaisses (GE) systématiques ont été réalisées chaque début de mois au niveau de toute la population, et des GE d'urgence ont également été confectionnées en cas de fièvre. Des données parasitologiques et cliniques recueillies ont permis d'étudier l'impact de l'utilisation des MILDA sur la morbidité palustre.

Résultats : La densité d'incidence (DI) des accès palustres a diminué d'un facteur 8 en fin 2008 avec l'instauration des MILDA (RR=0,13 ; $\chi^2=11,35$, $p<0,001$) et d'un facteur 5,4 en 2009 (RR=0,18 ; $\chi^2=21,11$, $p<0,001$) par rapport à celle de 2007. Cependant, en 2010 et 2011, une recrudescence de l'incidence des accès palustres a été observée avec un niveau comparable à celui de 2007 (année d'avant MILDA), et la différence entre les DI de 2010 et 2011 comparée à celle de 2007 n'était pas significative ($\chi^2= 1,9$ $p= 0,2$; $\chi^2=1,11$ $p= 0,3$ respectivement en 2010 et 2011 comparé à 2007). De janvier à octobre 2012, la DI a encore largement chuté d'un facteur 10,8 comparée à celle de 2007. Notons aussi que l'utilisation des MILDA était un facteur protecteur pour le paludisme en 2009 (RR= 0,14) ; ce qui n'était pas le cas en 2010 et 2011 (RR= 0,84 et 1,09 respectivement en 2010 et 2011). La prévalence parasitaire, quant à elle, est passée de 17,5% en 2007 à 6% en 2008 et à 2% en 2010 avec toutefois une réapparition de forte parasitémie en 2010 comparé à 2009.

Conclusion : Nos résultats montrent une efficacité réduite à long terme de l'utilisation des MILDA due à la résistance actuelle des moustiques aux pyréthriinoïdes. La recrudescence des accès palustres en 2010 et 2011 pourrait, aussi, en partie, être expliquée par la perte d'immunité chez les adultes. La chute de la DI en 2012 serait due à l'efficacité des ACTs qui jouent un important rôle dans la suppression des gamétocytes parasitaires diminuant ainsi le réservoir du parasite. Une bonne prise en charge des accès palustres par des médicaments antipaludiques comme les ACTs demeure pour l'instant l'arme la plus efficace pour contrôler le paludisme.

Evaluation à dix ans d'intervalle à Dielmo et Ndiop de la réponse anticorps vis-à-vis d'un extrait de *Plasmodium falciparum*

Fodé Diop^{*°}, G. Diop[°], B. Diouf^{*}, M.M. Faye^{*}, M. Niang^{*}, A. Tall[†], V. Richard[†] et A. Toure^{*}

^{*}Unité d'Immunologie, Institut Pasteur De Dakar

[†]Unité d'Epidémiologie des Maladies Infectieuses, Institut Pasteur De Dakar

[°]Université Cheikh Anta DIOP

Notre étude a porté sur la caractérisation des réponses immunes par une évaluation des réponses anticorps de type IgG (Immunoglobulines de type G), vis-à-vis d'antigènes de formes asexuées de *Plasmodium falciparum* (*P. falciparum*) ceci à dix ans d'intervalle (en 2000 et en 2010) et sur deux populations vivant en zone d'endémie différente : (à Dielmo et à Ndiop).

Pour cela nous avons utilisé la technique ELISA (Enzyme Linked Immunosorbent Assay) et des extraits bruts de schizontes et mérozoïtes de souches sauvages adaptées à la culture au laboratoire (de F15, F16 et 0703) et une souche de référence *Palo Alto* (PA). Nous avons analysé les réponses immunes observées en tenant compte des données épidémiologiques comme l'âge, le village, ..

Les réponses anti-IgG des schizontes issus de 0703 qui est une souche de la zone de Dielmo sont les plus reconnues. De ce fait cet antigène a été utilisé pour étudier la variation de la réponse anticorps entre les deux zones et au cours du temps.

L'ensemble de nos résultats ont mis en évidence une baisse significative de la séroprévalence entre 2000 et 2010. De plus, nous constatons que, la différence de séroprévalence observée en 2000 entre les deux sites a disparu en 2010 avec principalement un changement de profil de la séroprévalence à Dielmo dont le profil se rapproche de celui de Ndiop.

Par ailleurs le niveau moyen des réponses anticorps a également connu une diminution significative entre 2000 et 2010 avec un changement important dans les niveaux moyens de réponse dans les différentes catégories d'âge (en particulier à Dielmo) avec un tassement des niveaux de réponse qui ne deviennent positives que dans la classe d'âge supérieure à 15 ans. Des analyses supplémentaires sont en cours. Elles permettront de corrélérer les réponses avec les accès, la parasitémie. Cela pourrait nous permettre de définir des marqueurs d'exposition et/ou de protection.

Notre étude montre que l'utilisation des extraits parasitaires semble adaptée comme outil d'évaluation et pourrait contribuer à une meilleure compréhension de la situation épidémiologique du paludisme.

Mots-clés: Epidémiologie, comparaison, ELISA, *P. falciparum*, Ndiop, Dielmo

Systemes de Suivi Démographique, Epidémiologique, Economique et Environnemental: Organisation et Objectifs 2013

V Delaunay, IRD LPED

Les systèmes de suivi démographique (SSD) sont des outils d'observations des évolutions démographiques mis en place à l'origine pour pallier au manque de données. Ils sont aujourd'hui de véritables plateformes de recherche pluridisciplinaire et d'essai clinique.

La présentation a pour objectif de présenter l'organisation générale des SSD géré par l'unité Urmite et le LPED en terme de type de suivi en cours ou à mettre en œuvre, en terme de « clients » ou utilisateurs, bénéficiaires des données recueillis et des résultats produits, et en terme de partenariat à développer.

La présentation fait état d'une proposition de comité de suivi dont les objectifs sont de faire connaître les SSD et leur potentiel, d'impliquer les partenaires dans la définition de la recherche et de renforcer le partenariat par une implication concrète.

Nous présentons les objectifs pour l'année 2013 et les publications en cours.

Présentation des tendances démographiques dans les sites de suivi de Mlomp et de Niakhar

L. Douillot, INED/IRD ; V. Delaunay IRD_LPED ; D. Dione IRD_URMITE ; O. Ndiaye IRD_URMITE

Dans les pays en voie de développement, les statistiques souvent imparfaites ne permettent pas d'avoir une vision claire sur les évolutions des différents indicateurs démographiques (niveaux et tendances en termes de mortalité, niveaux et tendances en termes de fécondité, mais également en termes de mouvements migratoires). Au Sénégal ce manquement peut être compensé par les données issues des sites de suivi démographiques de Bandafassi, Mlomp et Niakhar, qui proposent des tendances contrastées du fait de leurs différences : géographiques, ethniques, socio-économiques et culturelles.

En parallèle, les évolutions méthodologiques ont permis la mise au point de nouvelles techniques d'analyses. Le réseau INDEPTH, qui regroupe les sites de suivi démographiques qui le souhaitent, a proposé différents ateliers de travail sur l'analyse de survie assistée par STATA. C'est en s'appuyant sur les procédures mises en place au cours de ces ateliers de travail que les résultats suivants ont été calculés. Les indicateurs issus de ces modes de calculs affichent une dimension originale puisqu'ils sont comparables aux indicateurs des autres systèmes de suivi démographiques ayant pris part aux procédures d'analyses établies en collaboration avec INDEPTH.

Les premiers résultats s'appuient sur les données de Mlomp et de Niakhar mais les mêmes analyses sont en cours concernant Bandafassi. Bien que l'histoire démographique des deux populations soit largement différente, les niveaux de mortalité (infantile, juvénile, adulte) apparaissent aujourd'hui à des niveaux faibles et assez proches. La diminution de la mortalité infanto-juvénile ainsi que l'augmentation de l'espérance de vie à la naissance peuvent aussi être considérés comme la première phase de la transition démographique, et de ce point de vue il semble que la première phase de cette transition soit en pleine réalisation dans les deux sites concernés. La deuxième composante de la transition démographique, la fécondité, est le reflet d'importantes différences démographiques entre les deux sites. Le nombre d'enfants par femme reste assez élevé à Niakhar bien qu'un déclin se soit amorcé depuis 2010. Ce qui contraste assez largement avec la situation des femmes à Mlomp pour lesquelles la fécondité est en diminution depuis le début du suivi démographique, 1985. Nous vous proposerons dans cette communication une comparaison détaillée des différents indicateurs de mortalité et de fécondité à Mlomp et à Niakhar.

Les projets MADAS (Évaluation des données recueillies par les enquêtes et les recensements pour estimer la mortalité des adultes en Afrique sub-saharienne) et RESO (Réseaux sociaux et Santé à Niakhar)

V Delaunay, IRD LPED ; L Douillot, INED ; S Gning, Université de Maryland

Le projet « Évaluation des données recueillies par les enquêtes et les recensements pour estimer la mortalité des adultes en Afrique sub-saharienne » (MADAS) a démarré en 2012 pour une durée de 3 ans. Il a été initié par Gilles Pison de l'INED et Stéphane Helleringer de l'université Columbia et bénéficie de financements de l'ANR et du NIH. Les données sur la mortalité à l'âge adulte sont essentielles pour juger des progrès socio-économiques et sanitaires en Afrique sub-saharienne et s'assurer en particulier de la réalisation de certains objectifs du millénaire. En l'absence d'état civil complet, ce sont les informations sur la survie de proches (parents, frères, sœurs, membres du ménage) recueillies lors de recensements ou d'enquêtes par sondage (EDS) qui servent à mesurer la mortalité adulte, et notamment la mortalité maternelle, dans les pays au sud du Sahara. Ces méthodes sont sujettes à différents biais qui peuvent fausser les estimations et qui restent mal connus.

Le projet MADAS est un projet méthodologique qui vise à évaluer ces méthodes classiques d'estimation de la mortalité adulte et à valider des méthodes alternatives. Il se base sur la mesure des biais de déclaration et de leurs sources (par comparaison des données du suivi démographique aux données d'enquête) et vise à développer des méthodes de corrections ou des innovations en matière de mesure du niveau et des causes de la mortalité adulte.

Le projet « Réseaux sociaux et Santé à Niakhar » (ReSo) a débuté en 2012 pour une durée de 5 ans. Il a été initié par John Sandberg de l'université de Maryland avec une collaboration avec l'université McGill et bénéficie d'un financement du NIH. La recherche sur les réseaux sociaux se heurte à certaines difficultés méthodologiques et logistiques liées au fait que les réseaux sociaux peuvent être larges et qu'il est difficile de recueillir les informations sur chacun des membres des réseaux. La taille des réseaux que l'on enregistre dans les enquêtes est généralement limitée par des contraintes logistiques ; les caractéristiques des membres des réseaux sont recueillies seulement auprès de la personne enquêtée et manquent d'objectivité.

L'originalité de cette étude est de proposer la reconstitution des réseaux sociaux en reliant les enquêtés et les membres de leurs réseaux avec des données longitudinales de santé préexistantes de haute qualité recueillies prospectivement. L'articulation de l'enquête de réseaux au système de suivi démographique et de santé de Niakhar permet de repousser les limites de la conception des réseaux conventionnels dans plusieurs directions et de proposer plusieurs innovations méthodologiques.

L'objectif de ce projet est de mesurer le rôle des réseaux sociaux sur les comportements de santé. Il s'appuie sur une enquête qualitative (120 entretiens qualitatifs) et deux enquêtes quantitatives auprès de 2500 personnes de plus de 16 ans.

Surveillance de la grippe à Niakhar

Diarra B.¹, Diallo A.¹, Ndiaye Ma.¹, Ndiaye Mo.¹, Sokhna C. S.¹, Victor J. C.², Lewis K.², Ortiz J. R.³

¹ UMR198-URMITE IRD Dakar, ² PATH Seattle, ³ University of Washington.

Introduction :

La grippe est une affection respiratoire aiguë très contagieuse. La grippe se manifeste principalement par une atteinte respiratoire qui disparaît spontanément chez la majorité des personnes, elle peut être mortelle pour d'autres. La moitié des décès causés par la grippe ayant lieu dans les pays en développement, il est essentiel de déterminer le rôle de la grippe dans ces décès. La meilleure manière de maîtriser la propagation d'une épidémie de grippe ainsi que de réduire la morbidité et la mortalité associées est la vaccination.

Cette étude TIV-SEN-01 débutée en 2009, a pour objectif principal d'évaluer si le vaccin antigrippal trivalent (VGT), lorsqu'il est utilisé en masse, peut conférer un niveau élevé de protection aux personnes immunisées et, en limitant la transmission du virus, protéger également la population, d'une manière générale.

Méthodes :

Il s'agit d'un essai contrôlé de phase IV, randomisé en grappes, mené à l'insu du sujet et de l'observateur. Il comporte deux groupes : VGT et VPI.

Les enfants de 6 mois à 10 ans qui résident au sein du SSD et qui n'ont aucune contre-indication aux vaccins d'étude ont été inclus conformément aux bonnes pratiques cliniques. 20 villages du SSD ont été randomisés seront un rapport 1/1 pour recevoir le VGT ou le VPI.

Pour évaluer l'efficacité, une surveillance active et passive sera mise en place dans toute la zone du SSD. La surveillance constituera l'essentiel du « suivi » de l'étude vaccinale. Le personnel d'étude évaluera les sujets atteints d'une affection pseudo-grippale qui se présenteront aux postes sanitaires ou qui seront identifiés au cours des visites hebdomadaires dans les enceintes familiales. Des prélèvements de nez et de gorge seront collectés, puis envoyés à l'institut Pasteur de Dakar en vue de l'isolement et de l'identification des virus.

Résultats

Année	Nbre d'enfants vaccinés	Taux de vaccination	Nbre de swabs N/P analysés	% de cas positifs	Sous type de virus isolés
2009	7797	76%	5482/5482	28,46%	H3N2 (100%)
2010	9418	82%	7844/7844	16%	H1N1 (56,8%) ; B (30%) ; H3N2 (13,5%)
2011	9483	83%	6106/6106	13%	B (56,3%) ; H3N2 (30,2%) ; H1N1 (14%)
2012	Pas de vaccination	Pas de vaccination	3362/6404	*2,76%	H3N2, H1N1, B

*à la date du 08/11/2012

N/P : naso-pharyngés

Conclusion :

Un taux de couverture vaccinal très élevé. Une bonne démonstration de la faisabilité de campagne de vaccination contre la grippe dans un pays en développement. La possibilité de rechercher des virus respiratoires autres que Influenza. La possibilité de rechercher d'autres causes de maladies fébriles (maladie de Whipple, fièvre Q, rickettsioses)

De la surveillance épidémiologique à l'intervention: Cas de la méningite.

Aldiouma Diallo, Doudou Diop, Bou Diarra, Serge Alavo, Assane Ndiaye, El Hadji Ba, Hubert Bassene, Jules Gomis, Ekoué Kouevidjin et Cheikh Sokhna,

Niakhar est un site d'observatoire démographique et sanitaire depuis 1962 couvrant actuellement 30 villages avec une population de 42 000 habitants.

La méningite a été parmi les problèmes sanitaires récurrents suivis dans la zone de Niakhar. En effet, depuis plus de 100 ans, les grandes épidémies de méningite à méningocoques surtout du sérotype A sont répertoriées dans la ceinture africaine de la méningite dont fait partie le Sénégal.

A Niakhar, trois années épidémiques ont été investiguées (1998, 1999, 2000) avec Soixante-cinq cas de méningite déclarés entre janvier et mai 1998, 60 en 1999 et 28 en 2000. Les enfants âgés de 5 à 9 ans ont été les plus touchés. En 1999, ce sont des enfants plus jeunes (1 à 2 ans) qui ont été les plus affectés (657 cas pour 100 000 habitants).

L'investigation de ces épidémies a été documentée et largement partagée à travers des publications et de présentations lors des rencontres scientifiques à travers le monde. Cette démarche a suscité un intérêt auprès des bailleurs pour aider à la résolution de ce problème de santé publique et c'est ainsi que le Meningitis Vaccine Project (MVP) a pu obtenir un financement en partenariat avec PATH, L'OMS et SIIL par BMG en 2001. L'objectif principal de MVP étant l'élimination de la méningite dans la ceinture de la méningite par un vaccin adapté.

Niakhar a été retenu comme site de mise en œuvre de l'essai clinique sur le vaccin conjugué A porté par MVP entre 2007 et 2008.

Depuis 2009, ce vaccin conjugué (MenAfriVac TM) a été homologué en Inde et pré-qualifié par l'OMS en 2010 permettant la vaccination de l'ensemble de la population de 1-29 ans du Burkina Faso, une nouvelle campagne de vaccination est en cours au Sénégal.

Des études de consolidations de la qualité du vaccin ont été parallèlement menées à travers une étude sur le portage sain de méningocoques (jouant un rôle sur la transmission de la méningite (MenAfriCar)) mais aussi sur la persistance des anticorps auprès des personnes vaccinées cinq années après pour asseoir l'établissement de corrélations précises de protection à long terme du vaccin conjugué.

Tout ce processus de mise à la disposition de la communauté scientifique et des populations d'un produit de prévention a permis non seulement de tirer des leçons sur l'importance des sites de suivi démographiques et sanitaires mais aussi du bénéfice pour les populations qui ont été suivies d'une part ; et d'autre part de la collaboration du ministère de la santé et de l'IRD dans une perspective de solution de problème de santé publique mettant ainsi en exergue l'expertise de l'IRD dans le cadre du partenariat Nord Sud en matière de recherche pour le développement.

Résumés des posters

Changing malaria epidemiology and diagnostic criteria for *Plasmodium falciparum* clinical malaria

Clémentine Roucher¹, Christophe Rogier^{2,3}, Cheikh Sokhna¹, Adama Tall² & Jean-François Trape¹

1. Institut de Recherche pour le Développement, B.P. 1386, Dakar, Senegal
2. Institut Pasteur de Dakar, B.P. 220, Dakar, Senegal
3. Institut Pasteur de Madagascar, B.P. 1274, 101 Antananarivo, Madagascar

Background. In tropical Africa, where malaria is highly endemic, low grade infections are asymptomatic and the diagnosis of clinical malaria attacks is usually based on parasite density. Here we investigate how changes in malaria control and endemicity modify diagnostic criteria of *Plasmodium falciparum* attacks.

Methods and Findings

Parasitological and clinical data from the population of Dielmo, Senegal, monitored during 20 years, are analyzed in a random-effect logistic regression model to investigate the relationship between the level of parasitemia and risk of fever. Between 1990 and 2010, *P. falciparum* prevalence in asymptomatic persons declined from 85% to 1% in children 0-3 years and from 34% to 2% in adults ≥ 50 years. Thresholds levels of parasitemia for attributing fever episodes to malaria decreased by steps in relation to control policies. Using baseline threshold during following periods underestimated *P. falciparum* attacks by 9.8 - 20.2% in children and 18.9 - 40.2% in adults. Considering all fever episodes associated with malaria parasites as clinical attacks overestimated *P. falciparum* attacks by 29.7 – 40.6% in children and 31.5 – 67.9% in adults.

Conclusions. Malaria control modifies in all age-groups the threshold levels of parasitemia to be used for the assessment of malaria morbidity. Even under declining levels of malaria endemicity, the parasite density method must remain the reference method for distinguishing malaria from other causes of fever and assessing trends in the burden of malaria.

L'infection à *Tropheryma whipplei* au Sénégal.

Hubert Bassene¹, Alpha Kabinet Keita¹, Oleg Mediannikov¹, Pavel Ratmanov¹, Georges Diatta¹, Clémentine Roucher¹, Adama Tall³, Cheikh Sokhna¹, Jean-François Trape¹, Didier Raoult^{1,2} and Florence Fenollar^{1,2*}

¹Aix 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. ²AP-HM, CHU Timone, Pôle Infectieux, 13005 Marseille, France. ³Unité d'Epidémiologie, BP 220, Institut Pasteur de Dakar, Dakar, Sénégal

*Corresponding author email: florence.fenollar@univ-amu.fr

Introduction

La maladie de Whipple a longtemps était considérée comme rare limitée chez les hommes de race blanche. L'infection est due à *Tropheryma whipplei*, la bactérie Gram positif à haut GC% apparentée aux actinomycètes. Des études récentes ont montrée que l'Afrique subsaharienne est très touchée particulièrement les enfants en dessous de 5 ans (75%). Ces mêmes études ont montré pour la première fois que *T. whipplei* pouvait être à l'origine de fièvres chez les malades consultant au dispensaire. L'examen de salives, de lait maternel, d'eau de canaris de puits et de rivière a montré une présence d'ADN de la bactérie dans la salive et le lait maternel. Vue les conséquences que peuvent entraîner une infection à *T. whipplei*, il est devenu urgent de connaître le réservoir naturel, le mode de transmission et les différents facteurs de risque.

Matériel et méthodes

De juin 2010 à mars 2012, cinq sites (trois dispensaires rural dans chacun) ont été surveillés dans le cadre du programme d'identification de pathogènes émergents. Des prélèvements systématiques de 4 gouttes de sang chez les malades fébriles consultant dans les postes de santé ont été analysés par biologie moléculaire dans notre laboratoire de biologie moléculaire de Marseille. Parallèlement une enquête épidémiologique a été menée dans le site de Dielmo et Ndiop pour comparer des concessions à forte prévalence (5) de *T. whipplei* à d'autres où elle est nulle (3) afin d'identifier les facteurs de risques.

Résultats

Globalement, la prévalence de la bactériémie à *T. whipplei* reste encore rare (2.8% d'épisodes fébriles dans les sites d'étude). Mais dans les zones comme Dielmo et Ndiop, elle plus élevée, nous avons enregistré respectivement 4.5% et 4,9%. En plus, en Août 2010 nous avons pu enregistrer une épidémie de l'infection à *T. whipplei* à Dielmo avec 26 cas de bactériémies causées par cette bactérie (68% des cas recensé en une année).

En comparant les 5 concessions de forte prévalence à *T. whipplei* et les 3 concessions négatives à Dielmo, la seule différence notée est la présence de toilettes (1/5 vs 3/3 ; P=0,01423). Sur l'ensemble des échantillons collectés dans les concessions (1002) seuls 4 sont légèrement positifs à *T. whipplei*.

Conclusion

Cette étude a confirmé que *T. whipplei* joue un rôle important dans la structure des maladies fébriles au Sénégal. Le diagnostique de cette maladies n'est pas disponible que au niveau de POC à Dielmo. L'épidémiologie reste très peu connue, le seul facteur fortement associé à la circulation de *T. whipplei* est l'absence de toilette dans les concessions où la prévalence est élevée.

Evaluation de l'activité de trois larvicides biologiques sur *Anopheles gambiae s.l.* en station expérimentale à Dakar

Diédhiou S.M.^{1,2}, Sokhna C.¹ & Faye O.²,

1-Laboratoire de Paludologie, UMR 198 Dakar, 2- Laboratoire d'écologie vectorielle et parasitaire, UCAD

Contact : naboujadiedhiou@hotmail.com

Les nouvelles formulations de *Bacillus sphaericus* (Bs) et de *B. thuringiensis var. israelensis* (Bti) se sont révélées très efficace dans la lutte contre les moustiques nuisants et vecteurs de parasites ou de virus en Afrique. Au Sénégal, l'utilisation de produits biologiques n'est pas très développée. Dans ce travail expérimental nous avons étudié l'efficacité de trois larvicides biologiques : deux formulations de Bti (VectoBac® WG et VectoBac® GR) et un mélange Bti-Bs (VectoMax® CG) contre les larves d'*Anopheles gambiae s.l.*

Les tests ont été réalisés à la station expérimentale du BRGM/UCAD, Dakar. Les insecticides sont testés séparément dans quatre bac en raison d'un insecticide par bac et d'un bac témoin. Pour chaque insecticide, la dose recommandée par le fabriquant a été testée. Dans chaque bac, cinquante larves d'*Anopheles gambiae s.l.* de stade 3 (souche sauvage) ont été testées. Les trois larvicides ont été efficaces jusqu'à 25 jours après traitement, avec une mortalité totale des larves exposées pendant les trois premiers jours.

Dans la région de Dakar, le principal vecteur du paludisme est très sensible aux agents de lutte microbiens utilisés. Un essai de terrain doit être faite afin de confirmer cette efficacité mais également d'augmenter les efforts de lutte contre les stades adultes de vecteurs du paludisme en complément à la mise en place de moustiquaires imprégnées d'insecticides.

Mots-clés : Larvicides, VectoBac® WG, VectoMax® CG, VectoBac® GR, *Anopheles gambiae s.l.*, Dakar.

Identification de rickettsies pathogènes chez des tiques ixodides de la Zone de Keur Momar Sarr (Louga), Sénégal

Masse Sambou^{1,3}, Georges Diatta¹, Hubert Bassène¹, Didier Raoult², Ngor Faye³, Oleg Médiannikov¹

¹Institut de recherche pour le Développement BP 1386, URMITE Dakar, Sénégal ; ²Unité des Rickettsies, Faculté de Médecine, Marseille, France ; ³Université Cheikh Anta Diop de Dakar, Faculté des Sciences et Techniques, Département de Biologie Animale, Laboratoire de Parasitologie Générale.

Introduction

Les rickettsioses à tiques sont des zoonoses peu connues en Afrique de l'Ouest, particulièrement au Sénégal. Mais, une étude récente menée dans les zones de Dielmo et Niakhar, région de Fatick, a montré que plus de 13% des causes de fièvre étaient dues à des rickettsies indéterminées. Notre étude vise à diagnostiquer et identifier des rickettsies pathogènes transmises par des tiques ixodides afin de permettre une prise en charge efficace des accès fébriles au sein des structures sanitaires.

Méthodologie

Des collectes de tiques ixodides ont été effectuées chez des animaux domestiques, du 25 au 27 juillet 2011, dans 4 villages de la zone de Keur Momar Sarr (Louga). Les tiques collectées ont été lavées, nettoyées et conservées en alcool 70° ensuite identifiées morphologiquement. Leur ADN a été extrait selon le protocole du Cétyle Triméthyl-Ammonium Bromide (CTAB) à 2%. Des *Rickettsia* ont été détectées par amplification PCR des gènes *gltA* et *ompA* puis caractérisées génétiquement par le séquençage.

Résultats

Un total de 1169 tiques ixodides appartenant à 5 espèces différentes a été collecté : *Amblyomma variegatum*, *Hyalomma impeltatum*, *H. marginatum rufipes*, *Rhipicephalus evertsi evertsi* et *Rh. guilhoni*. Sur les 1169 tiques testées, des infections à *Rickettsia* ont été trouvées chez 3/3 (100%) d'*A. variegatum*, 14/557 (2,5%) de *H. impeltatum*, 37/131 (28,2%) de *H. marginatum rufipes* et 6/169 (3,5%) de *Rh. evertsi evertsi*. Les analyses génétiques des *Rickettsia* par séquençage ont révélé la présence de *Rickettsia africae* chez *A. variegatum*, *H. marginatum rufipes* et *R. aeschlimanni* chez *H. impeltatum*, *H. marginatum rufipes* et *Rh. evertsi evertsi*.

Conclusion

Ces résultats montrent la présence de quatre espèces vectrices de tiques dures, abondantes chez le bétail de l'homme et fréquemment infectées par des rickettsies pathogènes. Les prévalences élevées des infections à *Rickettsia* observées chez *A. variegatum* et *Hyalomma impeltatum* évoquent un risque majeur de contamination des populations rurales.

Mot Clés : Identification - Rickettsies - Tiques ixodides - Vecteur - Sénégal