Surveillance et cartographie du risque de l'Influenza A en Afrique de l'Ouest

Rapport de Stage Master 2 Biologie-Santé, spécialité :

« Gestion intégrée des zoonoses et des maladies animales tropicales »

Présenté et soutenu le 27 juin 2024 par

BOURGOIS Laura

UMR1225 Interaction Hôtes-Agents Pathogènes (IHAP)

INRA/ENVT–Equipe VIRéMIE

Sous la direction de Maxime Fusade-Boyer

Stage réalisé du 08 janvier au 14 juin 2024

- Année universitaire 2023-2024 -

Remerciements

Je remercie tout d'abord Mariette Ducatez et Maxime Fusade-Boyer pour m'avoir confié ce projet. Un autre grand merci à Maxime pour m'avoir accompagné et aidé tout au long de celui-ci. Je les remercie pour leur disponibilité et le temps accordé à répondre à mes questions, leurs conseils, leur empathie et leur bienveillance tout au long de ce projet.

Je remercie Brandon Hayes pour son aide précieuse vis-à-vis de Rstudio.

Merci à mes camardes de bureau pour la bonne ambiance et leur aide précieuse (petit clin d'œil particulier à l'ordinateur de Mélissa sans lequel je n'aurais jamais eu ma carte d'incertitude).

Bien sûr, je remercie mes relecteurs pour leurs précieux conseils et leurs corrections et toutes les personnes m'ayant apportés des conseils et accordés de leur temps pour m'aider à m'entrainer et présenter un travail de qualité.

Enfin, je remercie toute l'équipe pour leur accueil, leur bonne humeur et l'ambiance de travail.

Table des matières

TABLES DES FIGURES **4**

TABLES DES ANNEXES **5**

LISTE DES ABREVIATIONS **6**

INTRODUCTION **7**

PARTIE I : SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE **8**

I- LES VIRUS INFLUENZA AVIAIRES 8
1. Biologie du virus *8*
2. Virulence des virus Influenza aviaires *9*
a. Influenza A Hautement Pathogène 10
b. Influenza A Faiblement Pathogène – circulation du virus H9N2 10
II- SITUATION EPIDEMIOLOGIQUE DES VIRUS INFLUENZA AVIAIRE EN AFRIQUE 11
1. Historique *11*
2. Surveillance *12*
3. Co-circulation des virus Influenza A hautement et faiblement pathogènes *13*
III- ELEVAGE AVICOLE ET CONSOMMATION DE VIANDE EN AFRIQUE DE L'OUEST 13
1. Types et modes d'élevages *14*
2. Consommation de viande de volaille *14*
3. Vente de viande de volaille *14*
IV- OBJECTIF DE L'ETUDE 15

PARTIE II : MATERIELS ET METHODES **16**

I- SYSTEME D'INFORMATION GEOGRAPHIQUE (SIG) ET MULTI-CRITERIA DECISION ANALYSIS OU ANALYSE DECISIONNELLE MULTICRITERES (MCDA) 16
1. Identification des facteurs de risque *16*
2. Caractérisation et pondération des facteurs de risque *17*
3. Collecte et traitement des données *18*
4. Analyse d'incertitude des cartes *18*
5. Validation de la carte *19*
II- SURVEILLANCE DE L'INFLUENZA A AU MALI 19
1. Origine des prélèvements *19*
2. Analyse des prélèvements *20*
a. Matériels des cartes FTA 20
b. Analyse phylogénétique des prélèvements virologiques 21
c. Sérum 21

PARTIE III : RESULTATS **22**

I- CRIBLAGE VIRAL DES CARTES FTA ET SEQUENÇAGE 22
II- ANALYSE PHYLOGENETIQUE DES PRELEVEMENTS VIROLOGIQUES 23
III- TESTS SEROLOGIQUES 24
1. Test ELISA *24*
2. Test d'inhibition à l'hémagglutination *25*
IV- CARTES DU RISQUE 26
1. Carte du risque d'occurrence des virus Influenza aviaires *26*
2. Analyse d'incertitude *27*
3. Validation du modèle *28*
a. Validation visuelle 28
b. Validation par modèle mathématique glm 28

PARTIE IV : DISCUSSION **29**

I- ANALYSE DES PRELEVEMENTS 29
II- FACTEURS DE RISQUE ET PONDERATION 30
III- ANALYSE D'INCERTITUDE ET VALIDATION DE LA METHODE 31

IV- QU'EN EST-IL DE LA VACCINATION ? 32
CONCLUSION..... 32
BIBLIOGRAPHIE 33
ANNEXES 39

Tables des figures

FIGURE 1 : REPRESENTATION SCHEMATIQUE D'UN VIRUS INFLUENZA A (RETAMAL, 2009)..... 8
FIGURE 2 : CRITERES DE DIFFERENCIATIONS DES VIA HAUTEMENT ET FAIBLEMENT PATHOGENES, D'APRES (HORIMOTO AND KAWAOKA, 2005). 9
FIGURE 3 : SCHEMA DE LA DISPERSION SPATIO-TEMPORELLE DU CLADE 2.3.4.4-B SUR LE CONTINENT AFRICAIN (FUSARO ET AL., 2019). 11
FIGURE 4 : ARBRE PHYLOGENETIQUE DE 213 SEQUENCES DE PROTEINES HA DES VIRUS INFLUENZA AVIAIRES TELECHARGEES DEPUIS GISAID ET DE LA SEQUENCE MALIENNE (A_CHICKEN_MALI_507) OBTENUE LORS DE CE STAGE.....23
FIGURE 5 : CARTE DU RISQUE D'OCCURRENCE DES VIRUS INFLUENZA AVIAIRES EN AFRIQUE DE L'OUEST.....26
FIGURE 6 : CARTE DE L'ANALYSE D'INCERTITUDE DU RISQUE EN AFRIQUE DE L'OUEST. 27
FIGURE 7 : CARTE DU RISQUE D'OCCURRENCE DES VIRUS INFLUENZA AVIAIRES (VIA) EN AFRIQUE DE L'OUEST COMPRENANT LES SITES POSITIFS (ROUGES) OU NEGATIFS (BLEUS) DE PRELEVEMENTS. 28
FIGURE 8 : CARTE DE PREDICTION DU RISQUE AU NIGERIA REALISEE GRACE AU MODELE GLM REALISE AVEC LES DONNEES CONNUES DU BENIN. 29
FIGURE 9 : CARTE DU RISQUE DE PROPAGATION DES VIRUS INFLUENZA AVIAIRES AU BENIN REALISEE DANS CETTE ETUDE (A) ET DANS L'ETUDE DE S. JOUFFROY (B). 30
FIGURE 10 : CARTE DU RISQUE DE PROPAGATION DES VIRUS INFLUENZA AVIAIRES AU TOGO REALISEE DANS CETTE ETUDE (A) ET DANS L'ETUDE DE C. LAURENT (B). 31

TABLEAU 1 : SITUATION DE L'IAHP EN AFRIQUE SUB-SAHARIENNE DU 1ER OCTOBRE 2022 AU 9 MAI 2024 (FAO, 2024) ET ESPECES AFFECTEES AU COURS DE LA VAGUE ACTUELLE (DEPUIS LE 1ER OCTOBRE 2023).....12
TABLEAU 2: RECAPITULATIF DES FACTEURS DE RISQUE DE PROPAGATION DE L'INFLUENZA A INCLUS DANS L'ETUDE MCDA ET DES HYPOTHESES AYANT CONDUIT A LEUR SELECTION.....16
TABLEAU 3: FACTEURS DE RISQUE DE PROPAGATION DE L'INFLUENZA A NON INCLUS DANS L'ETUDE MCDA 17
TABLEAU 4 : VALEURS DES POIDS ET FONCTIONS CHOISIS POUR CHAQUE FACTEUR DE RISQUE. ..18
TABLEAU 5: REPARTITION DES PRELEVEMENTS VIROLOGIQUES EFFECTUES AU MALI PAR IDRISSA N. SANOGO. 19
TABLEAU 7 : PLAN DE PLAQUE DES SERUMS ANALYSES EN TEST ELISA 21
TABLEAU 8 : RESULTATS DES DENSITES OPTIQUES OBTENUES APRES LECTURE DE LA PLAQUE ELISA A 450NM. 24
TABLEAU 9 : TABLEAU RECAPITULATIF DES POURCENTAGES DE COMPETITION OBTENUS POUR CHAQUE ECHANTILLON. 25
TABLEAU 10 : TABLEAU RECAPITULATIF DES RESULTATS DU TEST D'INHIBITION A L'HEMAGGLUTINATION ET LEUR NIVEAU DE TITRATION. 25

Tables des annexes

ANNEXE 1 : ECHELLE DE COMPARAISON BINAIRE PROPOSEE PAR SAATY. (SAATY, 1990) (LMOUSSAOUI AND JAMOULI, N.D.) (RAKOTOARIVELO, 2015) 39
ANNEXE 2 : TABLEAU RECAPITULATIF DES RT-QPCR REALISEES SUR LES 48 ECHANTILLONS MALIENS.....39
ANNEXE 3 : SEQUENCE ISSUE DU SEQUENÇAGE DE L'ECHANTILLON 502 DU MALI. 40
ANNEXE 4 : CARTE DU RISQUE D'OCCURRENCE DES VIRUS INFLUENZA AVIAIRES EN AFRIQUE DE L'OUEST COMPRENANT LES COURS D'EAU. 41

Liste des abréviations

AIC : Akaike Information Criterion

ARN : Acide RiboNucléique

AUC : Area Under the Curve

CR : Ratio de Cohérence

Ct : Cycle treshold

FAO : Food and Agriculture Organisation

FTA : Free to air

GLM : Model Linéaire Généralisé

HA : Hémagglutinine

IAFP : Influenza Aviaire Faiblement Pathogène

IAHP : Influenza Aviaire Hautement Pathogène

IHAP-ENVT : Interaction Hôte-Agent Pathogène – Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse

MCDA : Multi Criteria Decision Analysis

MCDM : Multi Criteria Decision Modelling

NA : Neuraminidase

PCR : Polymerase Chain Reaction

ROC : Receiver Operating Characteristic

RT-PCR : Reverse Transcriptase Polymerase Chain Reaction

SIG : Système d'Information Géographique

SNA : Social Network Analysis

VIA : Virus à Influenza A

Introduction

A travers les âges, les épidémies ont façonné le cours de l'histoire, tant humaine qu'animale, laissant une empreinte indélébile sur les sociétés et les systèmes de santé. Des pandémies anciennes telles que la variole aux crises plus récentes comme le Covid-19, ces événements ont perturbé les fondements politiques, économiques et sociaux, tout en mettant en lumière nos liens complexes avec les animaux, les écosystèmes et les autres êtres humains. Aujourd'hui, alors que les comparaisons entre les pandémies passées et présentes sont de plus en plus présentes, il est impératif d'explorer en profondeur les risques émergents, tels que ceux posés par les virus de l'influenza aviaire en Afrique subsaharienne, afin de mieux prévenir et gérer les menaces sanitaires futures.

Isolés pour la première fois chez les poulets au début du XX^{ème} siècle (Webster et al., 1992), les virus à influenza aviaire représentent une menace constante pour la santé publique et la sécurité alimentaire à l'échelle mondiale. Ces virus, qui peuvent se montrer hautement pathogènes et extrêmement contagieux pour les oiseaux, présentent également un risque de transmission inter-espèces, avec le potentiel de déclencher des pandémies dévastatrices, chez l'homme et des épizooties aux conséquences économiques et sanitaires considérables. L'Afrique de l'ouest, en raison de sa biodiversité aviaire et de ses systèmes d'élevage souvent à faible niveau de biosécurité, est particulièrement vulnérable à la propagation et à l'émergence de ces virus.

Dans ce contexte, connaître les souches virales qui circulent dans cette région à travers les activités de surveillance et de cartographie des risques associés aux virus de l'influenza aviaire sont devenues des priorités cruciales pour les autorités sanitaires et les acteurs impliqués dans la santé animale et la sécurité alimentaire en Afrique de l'ouest où la circulation des virus influenza aviaire s'est intensifiée. Ce rapport de stage de master 2 vise à examiner les défis, les méthodes et les résultats de telles initiatives, en mettant un accent particulier sur les approches conventionnelles et les technologies fiables employées dans ce domaine.

Durant ce stage effectué à l'École Nationale Vétérinaire de Toulouse au sein de l'équipe VIRéMIE de l'UMR 1225 IHAP, la compréhension des dynamiques épidémiologiques des virus de l'influenza aviaire en Afrique de l'ouest a été approfondi. Les stratégies de surveillance et de prévention mises en place pour contrôler leur propagation ont également été étudiées. En utilisant une combinaison de méthodes de collecte de données sur le terrain, d'analyses géospatiales et de modèles prédictifs, ce travail s'inscrit dans une approche intégrée visant à mieux comprendre et anticiper les risques associés à ces pathogènes. En effet, les pays d'Afrique touchés par les virus Influenza aviaires disposent de moyens matériels et financiers limités pour intervenir sur l'ensemble de leur territoire. Il est donc crucial de cibler avec précision les zones à risque élevé afin d'optimiser l'utilisation des ressources disponibles.

Cette étude débutera par un aperçu de l'état actuel des connaissances sur l'influenza aviaire en Afrique de l'Ouest, mettant en lumière les principaux défis à relever. Par la suite, le matériel et la méthodologie utilisés pour atteindre les objectifs de cette étude seront détaillés. Ensuite les résultats obtenus au cours des investigations et analyses seront expliqués pour pouvoir, en conclusion, examiner ceux-ci, et explorer d'autres pistes et avancées potentielles pour renforcer les mesures sanitaires en Afrique de l'ouest.

Partie I : Synthèse bibliographique

I- Les virus Influenza aviaires

1. Biologie du virus

Les virus influenza A appartiennent à la famille des *Orthomyxoviridae*. Ce sont des virus enveloppés dont le génome est constitué d'à ARN simple brin de polarité négative et segmenté en 8 fragments (Flint, 2020).

Les sous-types des virus influenza A sont définis selon les propriétés antigéniques des hémagglutinines (HA) et des neuraminidases (NA), des protéines de surface (Figure 1) enchâssées dans l'enveloppe de la particule virale. Dix Huit hémagglutinines (H1 – H18) et 11 neuraminidases (N1 – N11) ont pu être identifiées jusqu'à présent. Parmi celles-ci, 16 HA et 9 NA sont présentes chez les oiseaux.

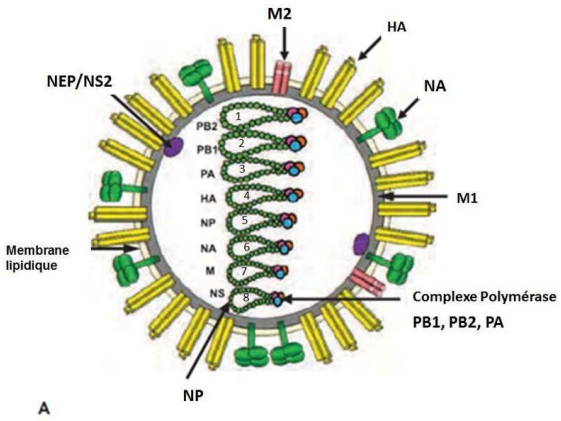


Figure 1 : Représentation schématique d'un virus Influenza A (Retamal, 2009)

Parmi les virus influenza A, ceux qui circulent chez les oiseaux sont qualifiés de virus influenza aviaires (VIA). Ces virus peuvent donc impacter les espèces aviaires, mais aussi présenter un risque pour la santé publique, puisque certains de ces virus sont capables de franchir la barrière d'espèce et infecter l'homme (Anses, 2022).

Les virus de l'influenza aviaire se trouvent principalement dans les fèces et les sécrétions respiratoires chez les oiseaux (Hurt et al., 2017), (Brown et al., 2009) mais également dans les plumes (Gaide et al., 2021). Ils peuvent être transmis de façon directe via contact rapproché avec les oiseaux infectés ou indirectement par les sécrétions d'oiseaux infectés, par aérosols ou par le biais de vecteurs passifs contaminés tels que les aliments, l'eau contaminée, le matériel, le personnel, les véhicules, … (Parvin et al., 2020) (Centers for Disease Control and Prevention, 2024). En raison de leur résistance dans l'environnement qui peut être assez importante dans certaines conditions, ils peuvent notamment rester infectieux pendant de longues périodes à des températures basses (Bouquin et al., 2017). Les virus influenza aviaires peuvent facilement se propager d'une ferme à une autre si les mesures de biosécurité sont insuffisantes. La période d'incubation est généralement très courte (de 24h à quelques jours). Le virus pénètre dans l'organisme des volailles le plus souvent par la voie respiratoire mais également par la voie digestive (Anses, 2022).

Les virus Influenza aviaire infectant les volailles peuvent être classés en deux catégories selon leurs pouvoirs pathogènes chez la volaille : les virus Influenza aviaire faiblement pathogènes (IAFP) et les virus Influenza aviaire hautement pathogènes (IAHP) (Pantin-Jackwook and

Swayne, 2009). Les virus IAFP présentent un tropisme digestif et respiratoire, tandis que les virus IAHP, du fait de l'acquisition d'un site de clivage polybasique (comme représenté sur la Figure 2) sur l'hémagglutinine présentent un tropisme systémique chez les oiseaux, expliquant leur plus grande pathogénicité.

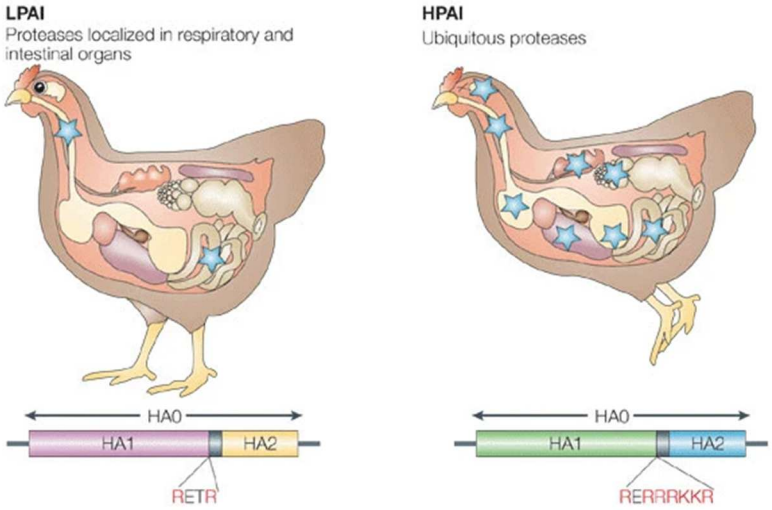


Figure 2 : Critères de différenciations des VIA hautement et faiblement pathogènes, d'après (Horimoto and Kawaoka, 2005).
Acide aminés basiques : K (lysine), R (arginine) et G (glycine). Les sites de clivage sont classés en mono ou multibasiques. Alors que les sites de clivages monobasiques ne contiennent généralement qu'un ou deux acide aminé basique, les sites de clivages multibasiques contiennent au minimum quatre acides aminés basiques (Lee et al., 2021). *Les sites de clivages monobasiques vont être clivé par la trypsine, qui n'est présente que dans les tissus respiratoires et intestinaux alors que les sites multibasiques son clivés par des protéases ubiquitaires qui sont présentes dans de nombreux organes, ce qui entraine une infection létale* (Horimoto and Kawaoka, 2005).

La HA, en plus d'être déterminante pour distinguer virus faiblement pathogène de hautement pathogène, est très utilisée pour suivre la circulation des VIA à travers des analyses phylogénétiques. En effet, l'accumulation progressive de mutations génétiques au sein de la HA au cours de la circulation des VIA, permet de suivre leur évolution et de définir des linéages ou clade, en fonction de leur divergence génétique (Eisler et al., 2020) (Centers for Disease Control and Prevention, 2023).

2. Virulence des virus Influenza aviaires

Décrite officiellement pour la première fois en 1955 (Schäfer, 1955), les virus Influenza aviaires existent néanmoins depuis plusieurs siècles. Cependant, depuis quelques années, ils sont de plus en plus présents sur toute la surface du globe et provoquent des épidémies économiquement dévastatrices lorsqu'ils se propagent. Ils impacts également bien-être animal et de biodiversité et constituent donc un enjeu majeur et une préoccupation globale à l'échelle internationale.

Ces virus représentent également un enjeu de santé publique majeur, certains sont en effet capables d'infecter l'homme avec dans certains cas des taux de létalités élevés. Ils sont également connus pour être associés à la menace pandémique.

La période d'incubation chez les oiseaux est courte, en général de 3 à 5 jours, mais peut tout de même parfois être plus longue (Albina et al., 2006). La plupart des virus de l'influenza aviaire sont faiblement pathogènes. Les oiseaux infectés ne présentent habituellement que peu ou pas de signes cliniques. Dans les cas des virus influenza aviaires hautement pathogène, la mortalité est au contraire soudaine, et très élevée, tuant presque toute la

population d'un poulailler en l'espace de quelques jours (Albina et al., 2006). C'est pour cela que des mesures de contrôles strictes, souvent onéreuses et provoquant beaucoup de pertes, sont mises en place en cas de détection de foyers.

Certaines souches de VIA sont zoonotiques et sont capable de provoquer des infections bénignes chez l'homme, particulièrement chez les enfants chez qui un syndrome grippal peut être observé (Song and Qin, 2020) (Um et al., 2021) (Albina et al., 2006). Elles peuvent tout de même être à l'origine d'infections respiratoires sévères qui peuvent vite évoluer et causer la mort. L'incubation dure d'une à deux semaines avant que les premiers symptômes apparaissent (fièvre, maux de tête, douleur musculaire, fatigue, toux, …). L'infection d'Homme à Homme reste extrêmement rare puisqu'elle nécessite une mutation particulière du virus.

a. Influenza A Hautement Pathogène

Les Influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) peuvent entraîner de graves manifestations cliniques et éventuellement des taux de mortalité importants (jusqu'à 100%). Ces virus appartiennent aux sous-types H5 et H7 (Alexander, 2007). Ils sont à déclaration obligatoire auprès de l'Organisation Mondiale de la Santé Animale (OMSA).

Les oiseaux sauvages seraient porteurs asymptomatiques de souches hautement pathogènes et seraient donc leurs principaux réservoirs naturels et participeraient à leur propagation (Fouchier and Munster, 2009) (Gaidet et al., 2010). Les sous-types H5 et H7 peuvent également être retrouvés chez les humains (Shi et al., 2023) et d'autres mammifères (Albina et al., 2006) à la suite d'un contact étroit avec des oiseaux infectés ou des environnements fortement contaminés (Agence canadienne d'inspection des aliments, 2024).

Chez les volailles, la transmission est très rapide et les signes cliniques variés : diarrhée, hémorragie au niveau des tarses, silence et apathie extrême, gonflement de la peau sous les yeux, caroncules et crêtes enflées et congestionnées et augmentation subite du taux de mortalité. Il est aussi courant que la production d'œuf soit soudainement diminuée (Agence canadienne d'inspection des aliments, 2024).

Identifié pour la première fois en Chine en 1996, le sous-type H5N1 de lignée A/goose/Guangdong/1/1996 a donné naissance à dix clades distincts (0-9), qui ont ensuite évolué en sous-clades de deuxième, troisième, quatrième et cinquième ordre (Fusaro et al., 2019). L'Afrique de l'Ouest ne fait pas exception, après une première introduction sporadique en 2006 de virus H5N1 de clade 2.2, plusieurs autres introductions ont eu lieu à partir de 2015 (Albina et al., 2006) (Fasanmi et al., 2017) (Ducatez et al., 2006).

Aujourd'hui, l'Influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) H5Nx représente une menace majeure pour subvenir aux besoins de la population avicole dans plusieurs pays africains, et des clades distincts co-circulent en Afrique de l'Ouest.

b. Influenza A Faiblement Pathogène – circulation du virus H9N2

Les virus influenza aviaires faiblement pathogènes (IAFP) provoquent généralement peu ou pas de manifestations cliniques chez les oiseaux, rendant ainsi leur détection sur le terrain difficile. Ils provoquent une maladie plus bénigne, essentiellement respiratoire (Alexander, 2007) mais certaines souches peuvent entrainer une mortalité en cas de co-infection avec une autre maladie respiratoire. Une infection, même par une souche faiblement pathogène entraine une chute de production et constitue un facteur de risque non-négligeable de co-infection avec des bactéries ou d'autres virus (Mahmoud et al., 2022).

Parmi les VIA faiblement pathogènes, le sous-type H9N2, constitue un défi majeur pour les filières avicoles car il est le sous-type qui présente la plus large répartition chez les volailles et

c'est notamment un sous-type très présent en Afrique (Fusade-Boyer et al., 2021a). De plus, le sous-type H9N2 peut fournir des segments génomiques internes à d'autres VIA au cours du processus de réassortiment, ce qui a déjà conduit à l'émergence de nouvelles souches présentant des taux de létalité chez l'homme considérables (Sun and Liu, 2015) (Gu et al., 2017a).

Détecté pour la première fois dans le Wisconsin en Amérique en 1966 puis en Asie dans les années 1970 (El Mellouli et al., 2022), la souche faiblement pathogène H9N2 s'est grandement répandue dans les années 1990 en Asie du Sud-Est, au Moyen-Orient et en Amérique pour être aujourd'hui présente un peu partout à la surface du globe (Gu et al., 2017b). Le continent Africain ne fait pas exception et se voit donc obligé de mettre en place des systèmes de surveillance et une stratégie de contrôle pour contrer cette sérieuse menace pour les filières avicoles (Nagy et al., 2017).

II- Situation épidémiologique des virus Influenza aviaire en Afrique

Les virus Influenza constituent un défi pour le monde entier depuis plusieurs décennies. Plus récemment, l'Afrique a connu une importante et rapide propagation du virus et subi des pertes considérables sur son territoire.

1. Historique

Le sous-type H9N2 est détecté pour la première fois sur le territoire Africain en 2006 en Egypte et en Lybie, en Tunisie en 2009 puis en 2016 au Maroc pour la première fois. La souche isolée au Maroc et dans les autres pays d'Afrique subsaharienne, est étroitement liée aux virus isolés en Afrique et au Moyen-Orient et plus particulièrement aux Emirats Arabes Unis, à Dubaï (El Mellouli et al., 2022) (Fusade-Boyer et al., 2021). Le Maroc joue un rôle crucial dans la propagation du virus H9N2 via les échanges commerciaux qu'il entreprend avec les pays alentour. Ainsi, l'Algérie et l'Afrique de l'Ouest sont également fortement touchés par la souche H9N2. Il est aujourd'hui présent dans la plupart des pays Africain et est considéré comme le plus répandu et le plus nuisible chez les volailles (Fusade-Boyer et al., 2021b).

Le sous-type H5N1 est détecté en 2006 en Afrique pour la première fois. Lors de la première vague, les premières introductions ont eu lieu au Nigéria et le virus s'est rapidement et largement propagé sur tout le continent (Fusaro et al., 2019) et persiste aujourd'hui. En 2016, la souche H5N8 (du clade 2.3.4.4-B) fait son apparition en Afrique avec deux incursions en Afrique de l'Ouest et trois en Egypte (Fusaro et al., 2019) comme indiqué sur la Figure 3, puis se répand au Sud et à l'Est.

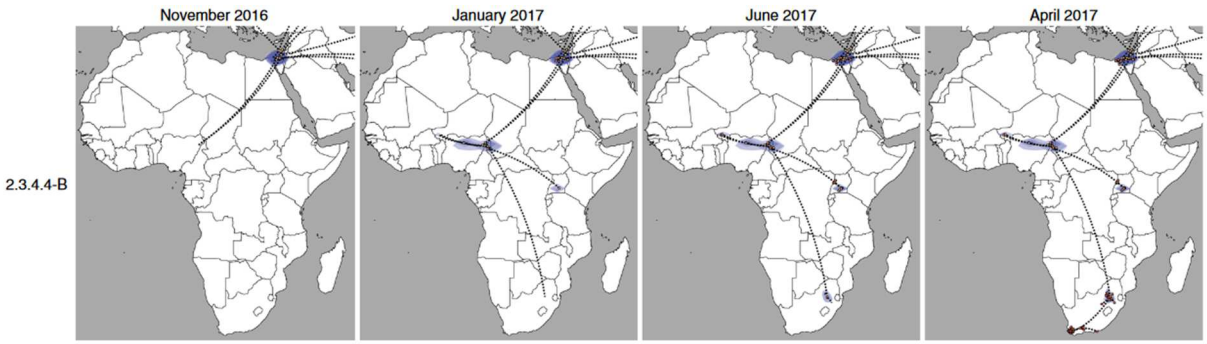


Figure 3 : Schéma de la dispersion spatio-temporelle du clade 2.3.4.4-B sur le continent Africain (Fusaro et al., 2019).

Les différentes introductions seraient dues aux échanges commerciaux concernant les virus H9N2 et à la circulation d'avifaune sauvage porteuse de VIA en provenance d'Europe ou d'Asie pour les virus hautement pathogènes H5Nx.

La persistance de ces virus est due à plusieurs éléments, concernant le virus lui-même, tel que sa capacité de survie et d'évolution par réassortiment génétique, mais est également due à des éléments plus généraux qui dépendent cette fois-ci de l'Homme : développement de l'élevage de volailles en Afrique de l'Ouest, manque de mesure de biosécurité, commerce peu ou pas encadré aux frontières, méthodes d'élevage, … (Fasanmi et al., 2017)

Ainsi, plusieurs systèmes de surveillance sont donc en place dans plusieurs pays du monde pour contenir et essayer d'endiguer la propagation des VIA. L'Afrique ne fait pas exception et s'appuie sur ces études et systèmes pour faire évoluer la situation.

2. Surveillance

Les pays Africains ayant des moyens financiers et humains limités alloués à la santé animale, il est essentiel de mettre en place des mesures accessibles à chacun. Ainsi, la notion de « surveillance basée sur le risque » avec des modèles de modélisation a été mis en place.

La surveillance basée sur le risque est une méthode qui prend en compte la probabilité d'un évènement indésirable et les conséquences et coûts de celui-ci (Stärk et al., 2006) de manière à réaliser une surveillance en fonction du risque. Il permet d'appliquer une surveillance sur mesure et d'identifier les besoins de surveillance pour protéger la santé en fixant des priorités pour allouer les ressources de manière efficace et efficiente (Stärk et al., 2006). Un système de surveillance basé sur le risque permet de renseigner sur l'occurrence d'une maladie ou d'une infection au sein d'une population (Willeberg et al., 2012).

En santé animale, la surveillance basée sur le risque a plusieurs objectifs : détecter une maladie (ou infection) émergente et comprendre ses mécanismes biologiques, détecter les cas et estimer la prévalence d'une maladie ou infection endémique de manière à prédire ce qui se passera dans l'avenir (Willeberg et al., 2012) (Stevens and Pfeiffer, 2011).

Depuis plusieurs années, une surveillance a lieu au Bénin (Jouffroy, 2020), au Togo (Laurent, 2019) et au Mali (Sanogo, données non publiées), pays en collaboration avec l'ENVT pour certains projets en vue de détecter et caractériser les virus qui circulent afin de comprendre leur évolution mais également réaliser des analyses de risques sur les dangers que pourraient représenter de nouveaux variant pour la santé animale ou la santé publique. Cependant, au vu de la circulation continuelle et généralisée des VIA il serait intéressant de réaliser une surveillance plus spécifique et précise à large échelle et y inclure les autres pays d'Afrique de l'Ouest présents dans cette étude. L'une des méthodes couramment utilisées, qui le sera également lors de cette étude est la méthode alliant les Systèmes d'Informations Géographique (SIG) et l'Analyse Décisionnelle Multicritères (MCDA).

Tableau 1 : Situation de l'IAHP en Afrique sub-saharienne du 1er octobre 2022 au 9 mai 2024 (FAO, 2024) et espèces affectées au cours de la vague actuelle (depuis le 1er octobre 2023).
** Pays ayant rapporté des cas d'IAHP pendant la vague actuelle (depuis le 1er octobre 2023).*

Souches	Pays confirmés	Espèces affectées
H5	Afrique du Sud*	Autruches commerciales, Volailles, Manchot du Cap, Sterne Huppée
H5N1	Afrique du Sud, Benin, Botswana, Burkina Faso*, Réunion (France), Gambie, Ghana, Guinée, Lesotho, Mauritanie, Niger*, Nigéria*, Sénégal, Afrique du Sud et Togo	Volailles, Paons en captivité Volailles domestiques

H5N2	Nigéria et Afrique du Sud	
H5N6	Nigéria	
H5N8	Cameroun, République démocratique du Congo, Namibie, Niger, Nigéria, Afrique du Sud, Ouganda, et Zimbabwe	
H7	Mozambique*	Poules pondeuses
H7N6	Afrique du Sud*	Volailles et autres oiseaux domestiques

Le Tableau 1 ci-dessus indique les sous-types présents en Afrique de l'Ouest depuis le 1er octobre 2022 et les pays et espèces dans lesquels ceux-ci ont été détectées. Ces informations ne montrent que les sous-types à déclaration obligatoire, soit, les souches hautement pathogènes, ici H5 et H7. Il est donc indispensable de se souvenir qu'en plus de ces circulations, la souche H9N2 reste présente dans de nombreux pays africains (Peacock et al., 2019).

Cette co-circulation IAFP H9N2 - IAHP H5/H7, inquiète les autorités pour la santé animale et humaine et renforce donc le besoin de système de surveillance.

3. Co-circulation des virus Influenza A hautement et faiblement pathogènes

La co-circulation des souches d'Influenza aviaires hautement et faiblement pathogènes restent au centre des préoccupations. En effet, celle-ci favorise les évènements de réassortiments et l'émergence de souche potentiellement beaucoup plus dangereuse, pour la volaille mais également pour l'Homme (Fuller et al., 2013).

Le réassortiment est un processus par lequel les virus échangent des segments génomiques. Le réassortiment peut se produire lorsque deux virus influenza infectent une même cellule hôte en même temps et échangent des informations génétiques (Centers for Disease Control and Prevention, 2023). Les virions qui vont résulter de la réplication des deux virus parentaux qui se produit dans la même cellule, pourront hériter d'un mélange de segments provenant de ces deux virus parentaux (Bouscambert-Duchamp, 2012) (Fuller et al., 2013).

Les réassortiments peuvent ainsi permettre des évolution rapides et brutales des génomes viraux menant potentiellement à de graves conséquences. Par exemple, si un réassortiment avait lieu entre une souche avec une forte capacité de dissémination chez l'Homme et un virus zoonotique, le nouveau virus réassortant pourrait alors facilement se propager et peut-être même devenir pandémique (Bouscambert-Duchamp, 2012).

Il est donc essentiel de connaitre les souches qui co-circulent au sein d'un pays pour pouvoir prévenir d'éventuelles co-infections et réassortiment.

III- Elevage avicole et consommation de viande en Afrique de l'ouest

De l'aviculture de production à l'aviculture sportive, l'élevage avicole dans les pays du Sud est très varié. Etant une source bon marché de protéines animales et ayant un cycle de développement court (Nahimana et al., 2019), la volaille constitue une ressource majeure pour subvenir aux besoins de la population Africaine.

Cependant, bien que l'Afrique abrite 13% de la population mondiale, elle ne fournit que 4 % des produits aviaires dans le monde (La banque mondiale, 2017). L'aviculture en Afrique de

l'Ouest reste une activité complexe dont l'importance varie d'un pays à l'autre (Guezodje, 2009).

1. Types et modes d'élevages

Malgré un essor de la production de volaille en Afrique, le continent ne produit que 4% de la production mondiale de poulet et de volaille. Cela peut s'expliquer par les méthodes d'élevages utilisées dans les pays d'Afrique. Dans les pays du Sud, deux types d'élevages se distinguent ; l'aviculture moderne et l'aviculture traditionnelle, aussi appelée aviculture villageoise, en fonction du degré de modernisation de l'activité.

Il existe aussi différents modes d'élevages, définis par le degré d'accès des volailles à l'extérieur : le mode extensif, le mode semi-intensif et le mode intensif.

L'aviculture traditionnelle est généralement utilisée par les ménages ruraux avec peu de biosécurité. En plus d'être une source de revenu complémentaire et de contribuer à la sécurité alimentaire, ce type d'aviculture dans les pays du Sud joue un rôle socio-culturel important. Pratiquée par plus de 70% des ménages ruraux dans certaines régions, ce type d'élevage présente tout de même des contraintes importantes vis-à-vis des pathologies qui peuvent toucher les volailles (Guezodje, 2009).

L'aviculture moderne est quant à elle une pratique utilisée par les acteurs du commerce. Ces acteurs ont pour but de générer des profits (Guezodje, 2009). Ce sont généralement ce mode de production qui génèrent des exportations. Ces acteurs mettent généralement en place de nombreuses mesures de biosécurité et produisent en grande quantité pour amoindrir le coût de production. Contrairement à l'agriculture traditionnelle, l'agriculture moderne est peu pratiquée en Afrique.

2. Consommation de viande de volaille

Les couts élevés de production et les défis logistiques impactent la quantité de viande de volaille produite en Afrique de l'ouest. En effet, alors que la demande ne cesse de croitre, la consommation moyenne par habitant est environ trois fois inférieure à la moyenne mondiale (OECD and FAO, 2021).

Les importations de viande de poulet représentent 35% des importations totales en Afrique de l'ouest, les 4/5 sont importés par le Ghana, le Bénin, la Guinée et le Libéria (WILLAGRI, 2023).

En moyenne, un africain consomme un œuf toutes les 5 ou 6 semaines et 3,3 kg de viande de volaille. Dans de nombreux pays d'Afrique subsaharienne, la consommation de produits aviaires reste toujours un luxe, alors que les besoins en protéines animales sont importants.

Avec le Nigéria comme principal producteur de volaille en Afrique, suivi par le Ghana et le Sénégal l'Afrique de l'Ouest a la plus forte population de volaille du continent. Ces pays sont également les principaux consommateurs de viande de volaille en Afrique de l'Ouest. L'Afrique de l'Ouest est donc une région propice à la circulation du VIA.

3. Vente de viande de volaille

Il existe plusieurs types de marchés ruraux : les marchés de collecte, les marchés de regroupement (principalement réservés aux grossistes) et les marchés de consommation (Zoma et al., 2022). Les marchés ruraux remplissent plusieurs fonctions et sont essentiels dans l'approvisionnement des ménages et le maintien d'une vie sociale.

Des céréales aux légumineuses, les marchés ruraux sont des points de convergences et proposent tout un tas de produit. La viande ne fait pas exception (Zoma et al., 2022). Les marchés de volailles vivantes sont les principaux moyens de vente de volailles en Afrique de

l'ouest. Les volailles peuvent être vendues vivantes ou abattues mais également sous forme congelée dans les poissonneries et supermarchés.

IV- Objectif de l'étude

Cette étude vise à réaliser une carte du risque pour plusieurs pays d'Afrique de l'ouest en appliquant la méthode d'aide multicritère à la décision spatialisée (SIG-MCDA) afin d'améliorer la surveillance des virus influenza aviaires dans la région. En effet, les pays d'Afrique de l'ouest sont confrontés depuis plusieurs années à une forte présence et propagation des virus influenza sur son territoire. Malheureusement, ces pays n'ont que peu de moyens financiers et matériels pour prévenir la survenue de ces foyers. Ainsi, l'objectif de ce projet vise à mettre en évidence les zones les plus à risque pour la présence des virus influenza afin de grouper les efforts dans ces lieux de manière à minimiser les ressources nécessaires pour leur détection.

Il est important de signaler qu'avec un contexte politique actuel plutôt incertain, un séjour dans les pays étudiés pour collecter des informations précises et spécifiques telles que les localisations des marchés de volaille et les élevages commerciaux ou réaliser des prélèvements n'était pas envisageable. En effet, le travail présenté ici, n'a été réalisé qu'avec des données disponibles depuis la France, sans aucun contact dans les pays étudiés. De cette façon, cette étude permettra également de connaitre les éléments et données indispensables pour identifier de façon la plus fiable et précise les zones à risque

Enfin, s'il existe des cartes du risque de l'influenza aviaire réalisées à l'échelle globale (Dhingra et al., 2016), nous disposons pour ce projet, pour certains pays, de données de facteurs de risque difficilement accessibles sans se rendre sur le terrain. Ceci est le cas pour le Togo, le Benin et le Mali où des travaux de cartographie du risque ont déjà été réalisés. La réalisation de cartes du risque en considérant ou au contraire en excluant ces données, permettra d'évaluer leur intérêt réel. Pour ce faire, les travaux sur le Bénin (Jouffroy, 2020), le Mali (Sanogo et al., 2024) et le Togo (Laurent, 2019) préalablement réalisés serviront d'appui et de points de comparaison avec notre étude pour évaluer la pertinence de l'élargissement des cartes du risque à un plus grand nombre de pays. Ainsi, les pays étudiés dans cette étude seront au nombre de 12 : Bénin, Burkina Faso, Cameroun, Côte d'Ivoire, Ghana, Guinée, Mali, Mauritanie, Niger, Nigeria, Sénégal et Togo.

La validation des cartes du risque obtenues pourra se faire grâce aux données sérologiques et virologiques récoltés lors des précédents projets au Bénin et Togo, déjà disponibles au laboratoire, et celles collectées au Mali qui seront analysées grâce à des RT-qPCR, test ELISA et test d'inhibition à l'hémagglutination dans le cadre de ce stage.

De façon à comprendre l'origine des virus détectés, la séquence du segment HA sera amplifier par RT-PCR et séquencée afin de réaliser une analyse phylogénétique.

Partie II : Matériels et méthodes

I- Système d'Information Géographique (SIG) et Multi-Criteria Decision Analysis ou Analyse Décisionnelle Multicritères (MCDA)

Les systèmes d'information géographiques sont des systèmes spatiaux qui stockent, gèrent, analysent et modélisent des données géoréférencées (Chakhar, 2006). Ce système informatique permet notamment la gestion de l'espace en structurant l'information géographique. Les données utilisées peuvent être de type raster ou vectorielles (points, lignes, polygones) (Habert, n.d.).

Le principe de la technique d'analyse décisionnelle multicritère repose sur la décomposition d'un problème complexe en plusieurs critères ou objectifs, afin de faciliter la prise de décision (Anon, 2009).

Ainsi, la combinaison des techniques SIG et MCDA permet d'intégrer des données spatiales dans le processus de prise de décision, ce qui facilite l'analyse et la visualisation des résultats, ainsi que la prise en compte des aspects spatiaux dans la planification et la gestion des ressources (Chakhar, 2006).

La méthode de MCDA se réalise en différentes étapes : l'identification des facteurs de risque, l'identification des experts, la caractérisation et la pondération des facteurs de risque, la collecte et le traitement des données avec une standardisation des valeurs des rasters et une addition linéaire des différentes couches), l'analyse d'incertitude et la validation de la carte.

1. Identification des facteurs de risque

La première étape de la technique MCDA repose sur l'identification des facteurs de risque. Ceux-ci ont été identifiés grâce à des articles scientifiques et au travail des études similaires sur la surveillance de l'influenza A au Togo réalisée en 2019 par Clara Laurent (Laurent, 2019) et au Bénin réalisée par Sophie Jouffroy en 2020 (Jouffroy, 2020) et sont regroupés dans le Tableau 2. De plus, les précédentes études ont fait appel à des experts qui ont pu classer ces facteurs de risque en fonction de leur importance.

Tableau 2: Récapitulatif des facteurs de risque de propagation de l'Influenza A inclus dans l'étude MCDA et des hypothèses ayant conduit à leur sélection

Facteurs de risque	Hypothèses	Références bibliographiques
Densité de volaille	Dans un cadre où les mesures de biosécurité ne sont que peu ou pas appliquées, le contact est plus élevé quand la densité est plus élevée, le risque de propagation est donc plus important.	(Cecchi et al., 2008) (Gilbert et al., 2008) (Stevens et al., 2009)
Points d'eau	La proximité des zones humides ou leur contamination potentielle par des fèces sont des facteurs de risque pour l'apparition de l'IHAP chez les volailles (dû au contact entre oiseaux sauvages porteur du virus et animaux domestiques).	(Gilbert and Pfeiffer, 2012) (Parvin et al., 2020) (Stevens et al., 2009) (Ward et al., 2009)

Axes routiers	Plus la densité des routes est importante, plus les mouvements de volailles ou produits à base de volailles vont être mobilisés, ce qui entrainera un risque de propagation de la maladie plus élevé.	(Fang et al., 2008) (Stevens et al., 2009) (Ward et al., 2008)

Tableau 3: Facteurs de risque de propagation de l'Influenza A non inclus dans l'étude MCDA

Facteurs de risque	Hypothèses	Références bibliographiques
Marchés de volailles	La présence de marchés de volailles dans les zones urbaines peut favoriser la propagation des virus de l'influenza aviaire en facilitant les contacts entre les oiseaux sensibles et infectés et en encourageant le commerce d'oiseaux potentiellement infectés.	(Kirunda et al., 2015) (Sims and Peiris, 2013) (Stevens et al., 2009)
Elevages (commerciaux)	La proximité des élevages commerciaux favorise la dissémination du virus. La présence de mammifères sauvages dans les élevages constitue aussi un facteur de risque de propagation du virus.	(Abbas et al., 2012) (Fasina et al., 2011) (Mcquiston et al., 2005) (Molia et al., 2015)

L'objectif de cette étude étant de prédire les zones le plus à risque pour l'occurrence du virus en Afrique de l'ouest, il a fallu s'affranchir du manque de données considérable pour certains pays, tel que les marchés de volailles et les élevages commerciaux. En effet ces données sont connues pour certains pays mais pas pour tous les pays de cette étude.

Ainsi, le Bénin (Jouffroy, 2020), le Mali (Sanogo et al., 2024) et le Togo (Laurent, 2019) ayant déjà fait l'objet d'une étude approfondie, des cartes du risque en prenant en compte ces données ont déjà été réalisées et seront comparées aux cartes réalisées dans cette étude qui ne prennent pas en compte les données des élevages et des marchés de volaille, des données qui ne sont pas disponibles pour les pays autre que le Togo, le Bénin et le Mali.

Enfin, les identifications des experts locaux et internationaux réalisées dans les études précédemment citées ont été reprises pour cette étude.

2. Caractérisation et pondération des facteurs de risque

Lors des études sur le Bénin, le Mali et le Togo, les facteurs de risque ont été comparés et la relation entre chaque facteur a été établie via des questionnaires élaborés sur Excel et envoyés par email aux experts internationaux et locaux. Les experts internationaux ont été choisis pour leurs connaissances sur l'épidémiologie des virus influenza aviaire et sur le secteur avicole Africain. Les experts locaux ont été choisis quant à eux pour leurs connaissances du système avicole de leur pays respectifs et l'influenza aviaire. Ils sont vétérinaires, agronomes, épidémiologistes ou paravétérinaires (Jouffroy, 2020).

Les tableaux de comparaison des facteurs de risque sont basés sur l'échelle de Saaty (Annexe 1) permettant une comparaison deux à deux de facteurs de risque selon 5 points allant de « extrêmement plus important que » (valeur 5), « plus important que » (valeur 3), « équivalent à » (valeur 1), « moins important que » (valeur 1/3) à « extrêmement moins important que » (valeur 1/5). A partir des tableaux, une matrice de comparaison a été établie. Les valeurs du tableau ont été normalisées, et les moyennes de chaque ligne normalisée correspondent au poids d'un facteur de risque pour un expert.

Tableau 4 : Valeurs des poids et fonctions choisis pour chaque facteur de risque.

	Densité de volailles	**Proximité des routes**	**Proximité des points d'eau**
Poids retenus au Bénin	0,23	0,15	0,07
Poids retenus au Togo	0,23	0,25	0,13
Poids retenus	0,23	0,20	0,10
Relation choisie	Linéaire	Sigmoïde	Sigmoïde
Seuils	A = 100 V/km^2 B = 500 V/km^2	A = 3km B = 6km	A = 3km B = 6km

En effet, plusieurs pays rentrant en compte, des valeurs moyennes ont été choisies pour réaliser une carte globale de manière à ce qu'elle soit le plus fidèle à chaque pays. Les valeurs des seuils et fonctions, sigmoïdes ou linéaires, ont été choisies selon l'avis des experts et la littérature (Paul et al., 2016) (Stevens et al., 2013).

3. Collecte et traitement des données

Les données nécessaires à cette étude ont été multiples. Les couches géographiques utilisées pour réaliser la carte finale telles que les points d'eau et les réseaux routiers ont été téléchargées depuis le site DIVA-GIS. La carte des densités de volaille a été téléchargé sur le site de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO).

Le traitement des données a été réalisé sur RStudio (version 4.4.0, RStudio, Inc., Boston, MA). Le système de coordonnées de référence utilisé est WGS84. Dans un premier temps, les données téléchargées en vecteur ont été converties en raster pour pouvoir ensuite leur appliquer une distance euclidienne. Celle-ci a été standardisée en donnant aux pixels des valeurs entre 0 et 1 pour chaque facteur de risque. La standardisation a été faite sur Rstudio® selon une relation linéaire ou sigmoïde en fonction des dires d'expert. Les seuils *a* et *b* ont été choisis par les experts et validés selon les données présentes dans d'autres études. (Paul et al., 2016)

Une carte globale a été réalisée grâce à chaque carte du risque, représentant chacune un facteur de risque. La superposition de ces cartes a été réalisée sur le logiciel RStudio® et le risque de la carte globale a été standardisée de 0 à 1.

La carte finale a été travaillée sur le logiciel RStudio® grâce aux packages tmap, terra, dplyr et sf.

4. Analyse d'incertitude des cartes

L'analyse d'incertitude de la carte vise à évaluer la robustesse du modèle et de la carte de risque réalisée. Elle permet de quantifier la variabilité des résultats due à l'incertitude des données. Elle a été réalisée à l'aide du logiciel RStudio®.

Pour ce faire, les trois rasters de risque (densité, routes et lacs) ont été fusionnés en un seul raster contenant toutes les données, puis convertis en vecteurs en intégrant les valeurs de chaque couche à des points spécifiques de la carte. Le tableau de données ainsi obtenu a été utilisé pour l'analyse d'incertitude. Soixante cartes ont été générées en modifiant individuellement le poids de chaque facteur de risque de plus ou moins 0,25 point. Les écarts-types résultants ont ensuite été cartographiés à l'aide du logiciel RStudio® pour représenter la variabilité des résultats.

5. Validation de la carte

La validation de la carte consiste à évaluer la capacité du modèle à prédire la présence de virus influenza. Elle a été réalisée sur RStudio® grâce à un model linéaire généralisé (glm) pour calculer l'Aire Sous la Courbe (AUC) à partir de l'analyse ROC et l'Akaike Information Criterion (AIC). Les données utilisées pour réaliser ce modèle sont les résultats des prélèvements réalisés au Bénin, au Mali et au Togo, ainsi que les valeurs de risque extraites de la carte finale elle-même. Il permet de modéliser des relations entre une variable dépendante (ou réponse) et une ou plusieurs variables indépendantes (ou explicatives).

En effet, cette validation sert à évaluer l'exactitude des prédictions en faisant corréler un résultat positif au VIA et une zone identifiée à risque (Paul et al., 2016). Les valeurs prédites ont été obtenues à partir des cartes d'occurrence du risque, en extrayant le risque moyen pour chaque localisation des prélèvements. Les valeurs observées correspondent aux données de présence ou d'absence de VIA aux mêmes localisations géographiques.

En comparant les valeurs prédites (risque moyen extrait des cartes) et les valeurs observées (présence ou absence du virus aux mêmes localisations), la performance du modèle de risque et la précision des cartes de risque générées par la méthode MCDA ont été évaluées.

Le modèle le plus adapté a ensuite été utilisé pour réaliser une carte de prédiction du risque pour le Nigéria, pays pour lequel les données de cas de VIA étaient disponibles sur le site de la FAO.

II- Surveillance de l'influenza A au Mali

1. Origine des prélèvements

Des prélèvements ont été réalisés par Idrissa Nonmon Sanogo sur des volailles ne présentant aucun signe clinique, dans des marchés ou élevages locaux dans le cadre du programme de surveillance des virus Influenza aviaires mis en place au Mali. Ces échantillons ont été réalisés par écouvillonnage pharyngé avant d'être apposé sur des cartes FTA.

Les échantillons prélevés ont ensuite été envoyés et conservés à +4°C en attendant d'être analysés dans les laboratoires de l'unité Interaction Hôte-Agent Pathogène de l'Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse.

Un récapitulatif des informations de prélèvement des échantillons se trouve dans le tableau ci-dessous (Tableau 5).

Tableau 5: Répartition des prélèvements virologiques effectués au Mali par Idrissa N. Sanogo. Ce tableau contient les localisations, le nombre d'échantillons ainsi que le matériel de prélèvement utilisé.

Région, préfecture, ville	**Prélèvements | Matériel**
Bamako, Yirimadio	12 | Ecouvillon oro-pharyngé
Bamako, Banankabougou	24 | Ecouvillon oro-pharyngé
Bamako, Sogoniko	9 | Ecouvillon oro-pharyngé
Bamako, Magnambougou	5 | Ecouvillon oro-pharyngé
Bamako, Fadjiguila	10 | Ecouvillon oro-pharyngé
Bamako, Djelibougou	4 | Ecouvillon oro-pharyngé
Mopti, Sévaré	62 | Ecouvillon oro-pharyngé

Mopti, Konna	26 | Ecouvillon oro-pharyngé
Mopti, Korienzé	9 | Ecouvillon oro-pharyngé
Mopti, Sah	8 | Ecouvillon oro-pharyngé
Mopti, Mopti	16 | Ecouvillon oro-pharyngé
Mopti, Badiangara	15 | Ecouvillon oro-pharyngé
Segou, Château	12 | Ecouvillon oro-pharyngé
Segou, Grand marché	18 | Ecouvillon oro-pharyngé
Segou, Peleguana	4 | Ecouvillon oro-pharyngé
Segou, Konodimini	4 | Ecouvillon oro-pharyngé
Segou, Médine	8 | Ecouvillon oro-pharyngé
Segou, Bamanankin	8 | Ecouvillon oro-pharyngé
Segou, Markala	22 | Ecouvillon oro-pharyngé
Ségou	48 | Ecouvillon oro-pharyngé

Les sérums en provenance du Mali ont également été récolté par Idrissa N. Sanogo dans les régions de Ségou, dans des marchés de volaille, sur des volailles asymptomatiques. Ceux-ci ont été conservés à -4°C jusqu'à leur analyse au laboratoire de l'unité Interaction Hôte-Agent Pathogène de l'Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse.

Les prélèvements des 69 sérums ont été réalisés dans les trois marchés principaux de la région de Ségou au Mali, par Idrissa N. Sanogo par prise de sang pour réaliser ensuite un test ELISA puis un test d'inhibition à l'hémagglutination. Ils ont été conservés à -20°C jusqu'à leur analyse.

2. Analyse des prélèvements

a. Matériels des cartes FTA

Les ARN ont été extraits à partir des cartes FTA (correspondant aux échantillons de la dernière ligne du Tableau 4 ci-dessus) grâce au kit QIAamp® Viral RNA Mini Handbook puis une RT-a ensuite été réalisé grâce au kit Itaq™ Universal SYBR® Green One-Step en utilisant un couple d'amorces (M52c et M253r) ciblant le segment M des virus influenza A (Fouchier et al., 2000), segment très conservé.

La confirmation du sous-type a été réalisé sur les échantillons positifs par RT-qPCR grâce au même kit que précédemment, mais cette fois-ci en ciblant le segment HA par utilisation d'un couple d'amorces spécifique du sous-type H9 (Ben Shabat et al., 2010).

Afin de caractériser les virus détectés, une rétrotranscription (RT) suivie d'une PCR conventionnelle ont été réalisées sur les échantillons positifs pour le segment H9, étapes préalables au séquençage sanger du segment HA. L'étape de RT a été réalisée en utilisant le kit RT RevertAid (ThermoScientific™) et l'amorce Uni-12 (Zhou et al., 2009) spécifique des ARN viraux des virus influenza A. L'étape de PCR conventionnelle a ensuite été réalisée sur l'ADNc obtenu lors de l'étape de RT, en utilisant la polymérase Phusion (ThermoScientific TM) et les amorces universelles ciblant le segment HA (BmHA1 et BmNS890R) (Hoffmann et al.). Enfin, les résultats PCR ont été purifiés après migration sur gel d'agarose 1% en utilisant le kit nucleospin and PCR clean-up (Mashrey-Nagel) avant d'être envoyé pour séquençage Sanger (Eurofins).

Du fait de l'incapacité à amplifier en quantité suffisante le segment HA pour obtenir des données de séquençage de qualité, des PCR nichées ont ensuite été réalisées sur certains échantillons. La première PCR, quand elle a été réalisée, a été produite grâce aux amorces Bm-HA1F et Bm-NS 890R en suivant le même protocole que précédemment. Les amorces

Bm-NS890R et Bm-HA1134F puis Bm-HA1F et Bm-HA1144R ont quant à elle été utilisées pour la seconde PCR. Les mêmes programmes ont été suivis pour les deux PCR.

b. Analyse phylogénétique des prélèvements virologiques

Les séquences du fragment HA séquencées lors du projet sur le Mali (Sanogo, 2023) ont été intégrées à l'arbre avec les séquences issues de GISAID. 213 séquences de 14 pays différents constituent cet arbre en incluant les séquences résultant du BLAST (Blast du ncbi.nlm.nih.gov). Celui-ci a été réalisé grâce aux logiciels bioedit®, qui a permis de nettoyer les séquences, définir le cadre de lecture des séquences, Mega®, qui a permis d'aligner les séquences, et IQ-TREE® qui a permis de trouver le meilleur modèle de phylogénie et qui a permis de construire l'arbre. Pour cela c'est le modèle GTR+F+G4 qui a été utilisé en appliquant 10 000 ultrafast bootstraps. Enfin, la distance et l'identité génétique des séquences du Mali et des séquences des 14 pays d'Afrique ont été calculées grâce à Mega® selon les comparaisons suivantes :

- Les séquences du Mali entre elles
- Une séquence du Mali avec les séquences les plus proches issues du blast.

c. Sérum

Les sérums prélevés ont été analysés grâce à un test ELISA de détection directe de la protéine virale NP, test ELISA, grâce au kit ID Screen Influenza A Antibody Competition Mult-species (ID-vet) et la densité optique a été mesurée à une longueur d'onde de 450nm au lecteur de plaques (Clariostar) puis le pourcentage de compétition a été calculé. Les échantillons ont été préparés selon les indications présentent dans le kit comme suit dans le Tableau 7 :

Tableau 6 : Plan de plaque des sérums analysés en test ELISA

	1	**2**	**3**	**4**	**5**	**6**	**7**	**8**	**9**	**10**
A	CP	586	594	5102	5110	5118	5126	5134	5142	5150
B	CP	587	595	5103	5111	5119	5127	5135	5143	
C	CN	588	596	5104	5112	5120	5128	5136	5144	
D	CN	589	597	5105	5113	5121	5129	5137	5145	
E	582	590	598	5106	5114	5122	5130	5138	5146	
F	583	591	599	5107	5115	5123	5131	5139	5147	
G	584	592	5100	5108	5116	5124	5132	5140	5148	
H	585	593	5101	5109	5117	5125	5133	5141	5149	

Les échantillons positifs en ELISA ainsi que 3 échantillons négatifs (utilisés comme témoins négatifs) ont été analysés par le test d'inhibition de l'hémagglutination selon le protocole officiel de l'OMS en utilisant un virus H9N2 marocain, afin de déterminer si les sérums positifs étaient dirigés contre du virus de sous-type H9N2.

Partie III : Résultats

I- Criblage viral des cartes FTA et séquençage

Sur les 48 échantillons des cartes FTA analysés, 10 sont ressortis positifs à la RT-qPCR du gène M : 479, 480, 484, 486, 490, 499, 502, 503, 504, 507. Sur ces 10 résultats positifs, 6 sont également sortis positifs à la RT-qPCR du gène H9 : 479, 484, 486, 502, 504, 507. Les deux échantillons avec le Ct le plus faible (échantillons 486 (Ct = 24,92) et 502 (Ct = 21,82)) qui ont été choisis pour réaliser la RT-PCR pour être séquencés n'ont pas donné de résultat exploitable (cf Annexe 2 pour plus de détail). La bande attendue à 1,7 kb sur le gel était très faible voire inexistante et le séquençage n'était pas exploitable.

Les PCR conventionnelles réalisées sur les échantillons positifs en qPCR du gène H9 ont générés des produits en trop faible concentration pour être séquencés (moins de 10ng/µl), les résultats des séquençages n'étant pas exploitables.

Certains résultats des PCR nichées sont quant à eux plus concentrés et donnent des résultats exploitables. Les tailles des fragments de l'échantillon 502 présents sur le gel sont bien de 1144 et 650 paires de bases comme attendu. La séquence obtenue grâce au séquençage en Sanger reste proche des séquences du Mali déjà connues et est présentée dans le tableau en annexe 3.

Les autres PCR nichées réalisées sur les échantillons 484, 486 et 507 n'ont cependant pas données de résultats exploitables. En effet, aucun produit PCR n'a été obtenu pour les échantillons 484 et 486 et le séquençage de l'échantillon 502 n'était pas exploitable.

Ainsi, 26% des échantillons analysés lors de cette étude étaient positifs aux VIA et 17% étaient positifs à la souche H9.

II- Analyse phylogénétique des prélèvements virologiques

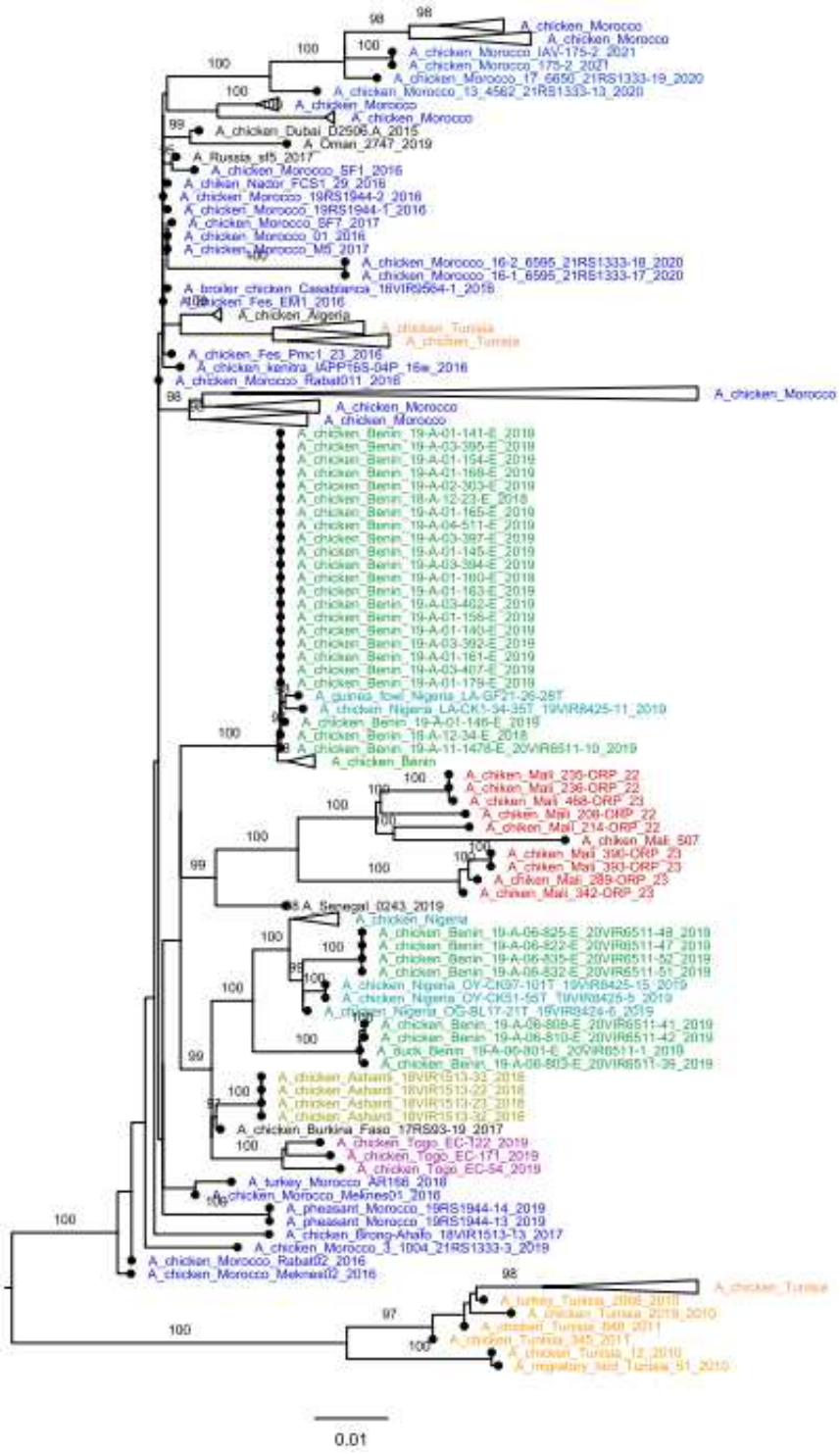


Figure 4 : Arbre phylogénétique de 213 séquences de protéines HA des virus Influenza aviaires téléchargées depuis GISAID et de la séquence malienne (A_chicken_Mali_507) obtenue lors de ce stage.
Chaque pays ayant plusieurs séquences de représentées sur l'arbre sont identifiées par couleur ; orange = Tunisie, bleu foncé = Maroc, vert = Benin, bleu clair = Nigeria, rouge = Mali, jaune = Ghana, violet = Togo. Les valeurs indiquées sur les branches de l'arbre correspondent aux valeurs des ultrafast bootstrap générées par le logiciel.

Cet arbre phylogénétique permet de mettre en évidence les séquences d'intérêt du Mali au centre de cet arbre, relativement proches les unes des autres. De plus, cet arbre permet de mettre en évidence que la séquence connue la plus proche des souches du Mali serait la séquence humaine détectée au Sénégal en 2019. Toutefois, on peut remarquer une longueur de branche assez importante entre les virus malien et la souche sénégalaise, indiquant un manque de données permettant de comprendre la circulation exacte des virus dans la région.

Concernant la distance génétique des séquences étudiées elles sont très proches puisqu'elles partagent 99,98% d'identité génétique pour les séquences maliennes et 99.97% d'identité génétique avec la souche sénégalaise de 2019, la souche la plus proche des souches maliennes. La séquence la plus éloignée des séquences du Mali a une identité génétique de 99,94 % et est une séquence du Maroc de 2020.

III- Tests sérologiques

1. Test ELISA

Tableau 7 : Résultats des densités optiques obtenues après lecture de la plaque ELISA à 450nm.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
A	0,044	0,161	0,206	0,056	0,115	0,049	0,042	0,036	0,036	0,037
B	0,047	0,208	0,211	0,089	0,188	0,165	0,195	0,216	0,222	
C	0,227	0,128	0,155	0,137	0,129	0,19	0,126	0,253	0,208	
D	0,21	0,113	0,137	0,138	0,034	0,127	0,176	0,036	0,141	
E	0,22	0,187	0,177	0,168	0,145	0,164	0,037	0,034	0,195	
F	0,048	0,158	0,177	0,184	0,142	0,143	0,042	0,204	0,06	
G	0,179	0,179	0,175	0,082	0,129	0,211	0,039	0,199	0,225	
H	0,167	0,164	0,251	0,216	0,05	0,041	0,193	0,058	0,058	

La validation du test se fait grâce à deux calculs :
Densité Optique $_{\text{Contrôle Négatif}}$ < 0,700
Densité Optique $_{\text{Contrôle Positif}}$/Densité Optique $_{\text{Contrôle Négatif}}$ < 0,3

Ainsi, les résultats suivants sont obtenus à partir des valeurs de densité optiques du Tableau 8 : Densité Optique $_{\text{Contrôle Négatif}}$ ≈ 0,219 et Densité Optique $_{\text{Contrôle Positif}}$/Densité Optique $_{\text{Contrôle Négatif}}$ ≈ 0,046/0,219 ≈ 0,21 ; ce qui indique qu'une seule des deux conditions est validée.

L'interprétation du test se fait grâce au calcul du pourcentage de compétition = S/N% = $\frac{DO_{échantillon}}{DO_{CN}} \times 100$; ainsi, selon le résultat obtenu il est possible de définir quels échantillons sont positifs ou négatifs (Tableau 9).

Résultats	Statut
S/N% ≤ 45%	POSITIF
S/N% < 50%	DOUTEUX
S/N% ≥ 50%	NEGATIF

Tableau 8 : Tableau récapitulatif des pourcentages de compétition obtenus pour chaque échantillon. Les valeurs en vertes correspondent à des valeurs signifiantes que les échantillons sont positifs alors qu'en rouge, cela correspond aux échantillons négatifs.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
A	20,09	73,52	94,06	25,57	52,51	22,37	19,18	16,44	16,44	16,89
B	21,46	94,98	96,35	40,64	85,84	75,34	89,04	98,63	101,37	
C	103,65	58,45	70,78	62,56	58,9	86,76	57,53	115,53	94,98	
D	95,89	51,6	62,56	63,01	15,53	57,99	80,37	16,44	64,38	
E	100,46	85,39	80,82	76,71	66,21	74,89	16,89	15,53	89,04	
F	21,92	72,15	80,82	84,02	64,84	65,3	19,18	93,15	27,4	
G	81,74	81,74	79,91	37,44	58,9	96,35	17,81	90,87	102,74	
H	76,26	74,89	114,61	98,63	22,83	18,72	88,13	26,48	26,48	

Ainsi, ce test ELISA a un taux de positivité de 29%.

2. Test d'inhibition à l'hémagglutination

Comme attendu, les échantillons positifs au test ELISA sortent également positifs au test IHA avec des titres plus ou moins importants. A contrario, un des trois échantillons négatifs en test ELISA sort positifs au test IHA, l'échantillon se trouvant à côté d'un échantillon positif, il se peut qu'il y ait eu une contamination. Les résultats sont répertoriés dans le tableau 10.

Tableau 9 : Tableau récapitulatif des résultats du test d'inhibition à l'hémagglutination et leur niveau de titration.

Echantillon	Positif (+) ou Négatif (-)	Titration
Contrôle négatif	-	
583	+	1/40
5102	+	1/40
5103	+	1/20
5108	+	1/20
5113	+	1/160
5117	+	1/80
5118	+	1/80
5125	+	1/40
5126	+	1/80
5130	+	1/80
5131	+	1/80
5132	+	1/80
5134	+	1/80
5137	+	1/640
5138	+	1/80
5141	+	1/80
5142	+	1/80
5147	+	1/40
5149	+	1/160
5150	+	1/160
587	+	1/20
5143	-	
5148	-	

IV- Cartes du risque

1. Carte du risque d'occurrence des virus Influenza aviaires

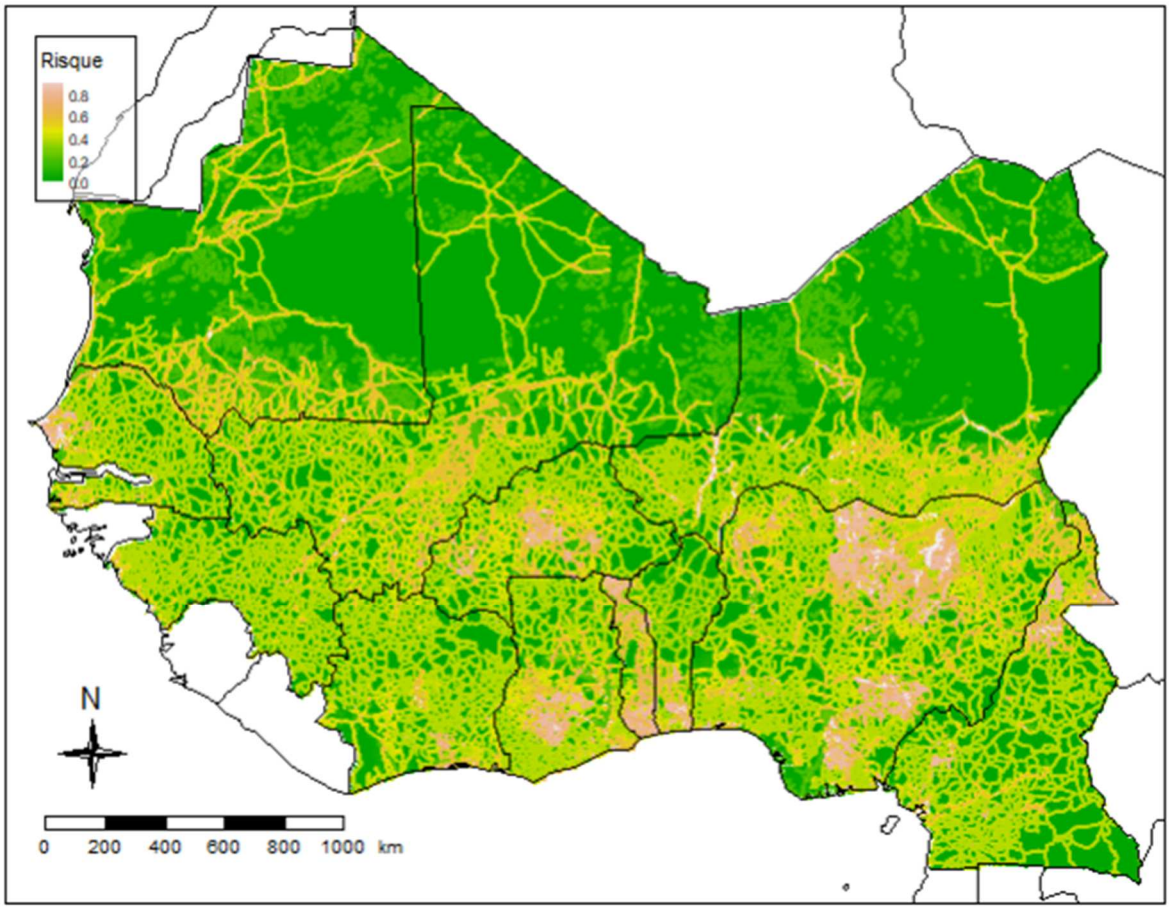


Figure 5 : Carte du risque d'occurrence des virus Influenza aviaires en Afrique de l'ouest. Les pays représentés sur cette carte sont : Bénin, Burkina Faso, Cameroun, Côte d'Ivoire, Ghana, Guinée, Mali, Mauritanie, Niger, Nigéria, Sénégal et Togo. Le risque est représenté selon une échelle de couleur (indiquée en haut, à gauche de la carte) et varie de 0 (vert) à 0,8 (rose).

La carte du risque d'occurrence des VIA en Afrique de l'Ouest établie (Figure 5), indique comme attendu des zones plus à risque que d'autres. En effet, les zones représentées en vert sur la carte indiquent un faible risque d'occurrence du virus alors que les zones roses correspondent à des zones avec un risque de détecter du virus plus important.

Les zones les plus à risque regroupent donc généralement tous les facteurs de risque ; ainsi, une zone avec une forte densité de volaille qui a des points d'eau et des routes à proximité sera plus susceptible de favoriser l'occurrence du virus. Les volailles présentent dans ces zones auront donc plus de probabilité d'être positives à l'influenza aviaire.

2. Analyse d'incertitude

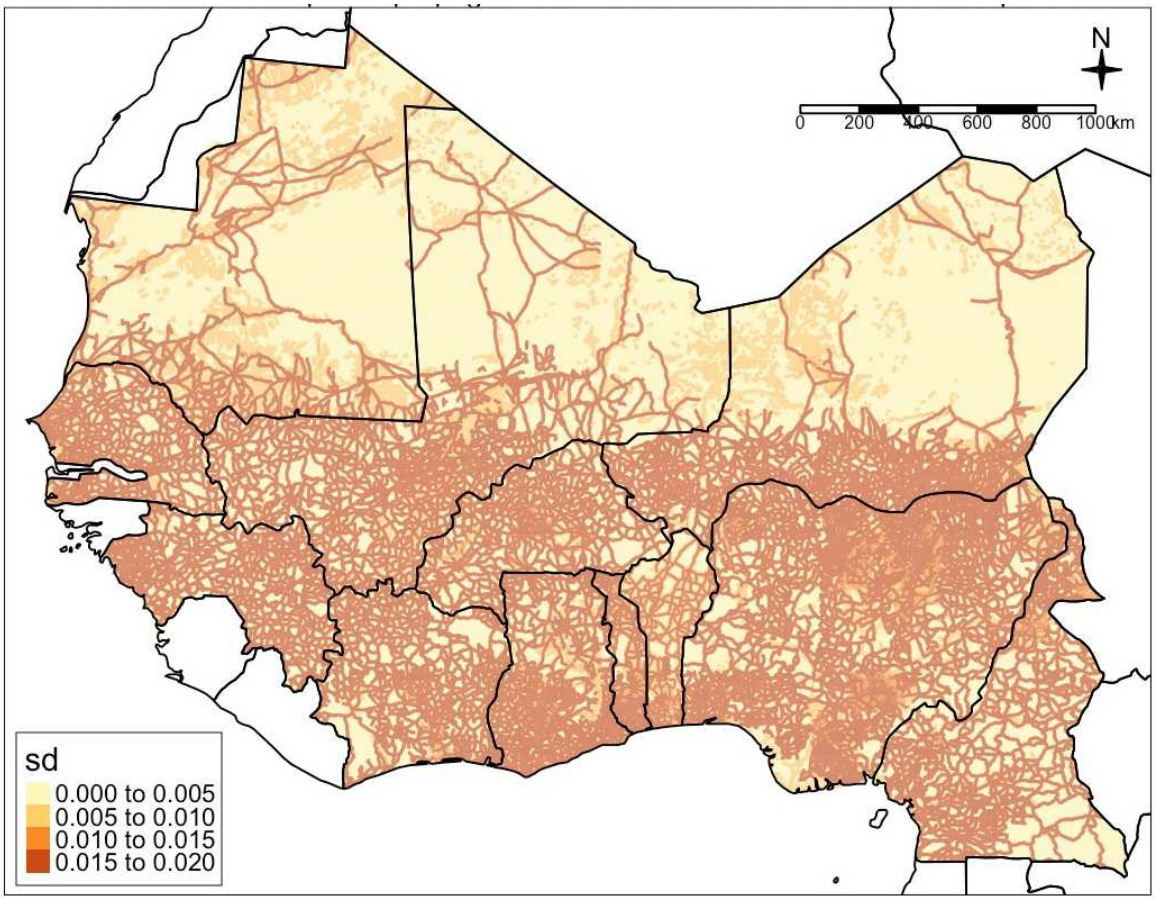


Figure 6 : Carte de l'analyse d'incertitude du risque en Afrique de l'ouest.

L'analyse d'incertitude (Figure 6) montre que les valeurs de standard deviation (sd) de la carte sont modifiées d'au plus 0,020 lorsque la valeur des poids des facteurs de risque varie de plus ou moins 25%, soulignant la robustesse du modèle. En effet, l'écart type maximal de 0,020, ce qui est bien inférieur au seuil toléré de 0,1.

3. Validation du modèle

a. Validation visuelle

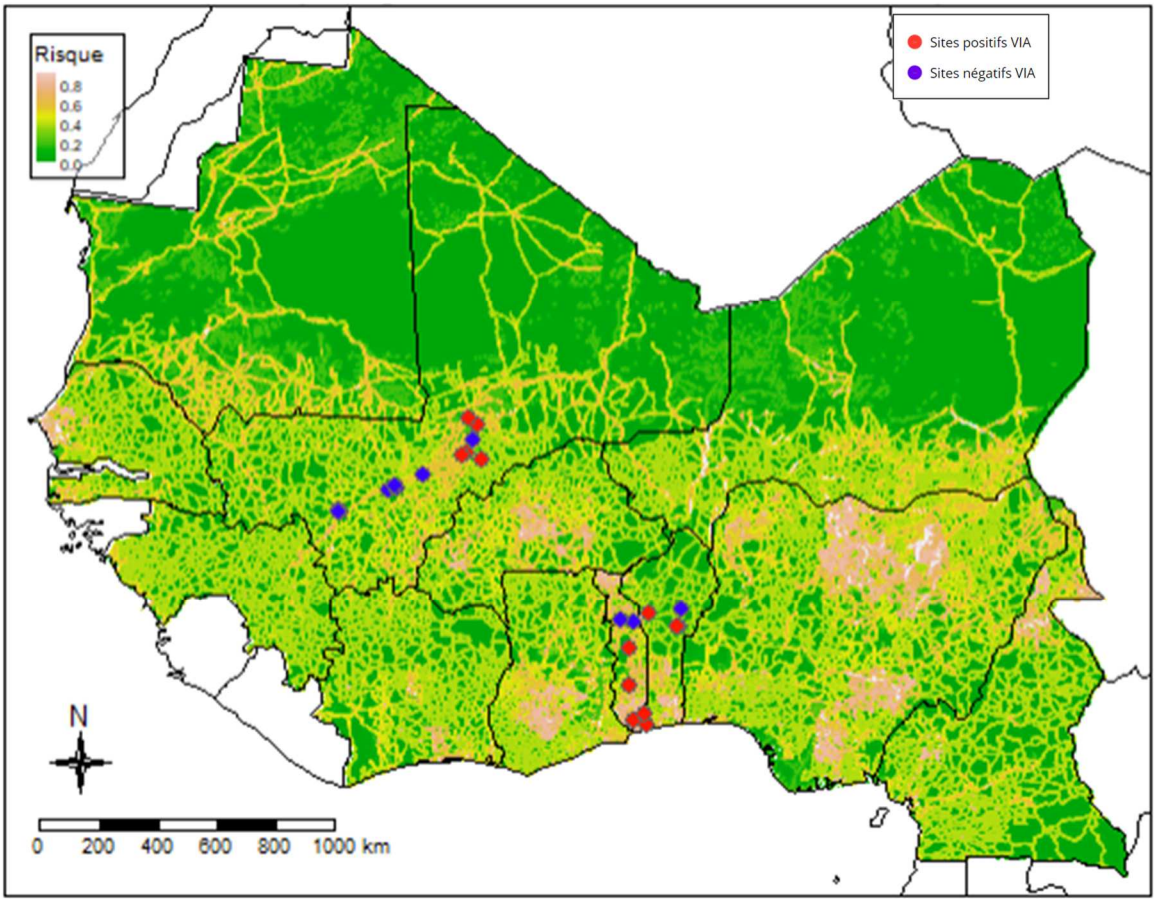


Figure 7 : Carte du risque d'occurrence des virus influenza aviaires (VIA) en Afrique de l'ouest comprenant les sites positifs (rouges) ou négatifs (bleus) de prélèvements.

Comme il est possible de le voir sur la carte de validation figure 7, de nombreux prélèvements positifs sont présents au sud du Togo dans une région prédite à risque par la carte. De même, dans la région de Mopti, plusieurs échantillons sont positifs au VIA alors que cette zone est également prédite à risque par le modèle utilisé. Certains prélèvements sont tout de même négatifs dans des zones prédites à risque mais restent majoritairement dans des zones avec moins de risque.

De plus, pour valider de façon plus représentative la carte du risque réalisée, un modèle glm a été réalisé.

b. Validation par modèle mathématique glm

Sur tous les modèles réalisés, le modèle le plus adapté est celui ne prenant en compte que la densité de volaille. Les modèles prenant en compte les routes et lacs n'étaient pas représentatifs. Le modèle le plus adapté donnait une AIC de 6.773 pour le Bénin et 25.83 pour le Mali. L'AUC Bénin est de 0.875 et varient de 0.604 à 0.725 pour le Mali.

En appliquant ce modèle au Nigéria, la carte de prédiction du risque Figure 8 est obtenue.

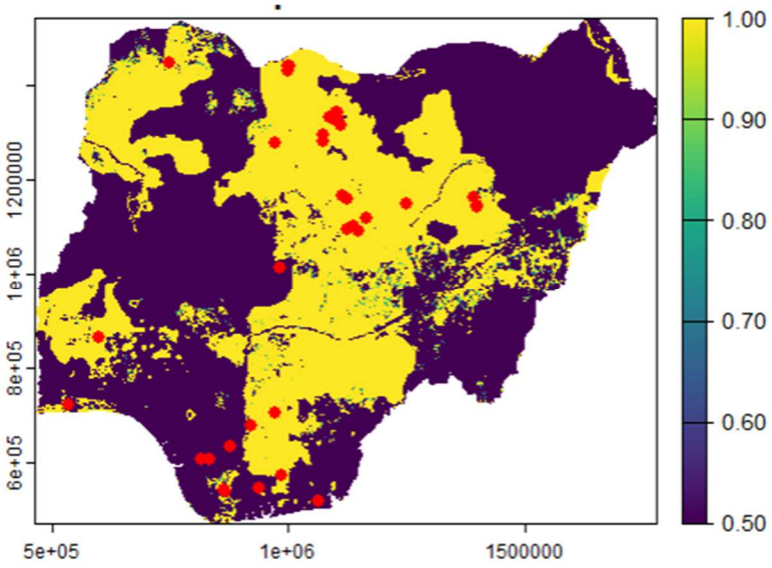


Figure 8 : Carte de prédiction du risque au Nigéria réalisée grâce au modèle glm réalisé avec les données connues du Bénin.
Les points rouges sur la carte sont les cas d'influenza déclarés à la FAO entre 2020 et aujourd'hui.

La carte de prédiction du risque ci-dessus, prédit des zones à fort risque, en jaune et des zones à faible risque, en bleu/violet. Les points rouges, représentant les cas positifs au VIA, sont pour la plupart situé sur des zones jaunes. Ce sont des zones que le modèle a prédites comme étant à fort risque. Ainsi, le modèle semble valide visuellement et donc les résultats obtenus pour le Bénin également. Il sera donc admis, par extension, que la carte globale du risque est validée.

Partie IV : Discussion

I- Analyse des prélèvements

Les prélèvements ont été réalisés sur cartes FTA lors du projet d'Idrissa N. Sanogo réalisé en 2021 au Mali et ont été envoyés et stockés jusqu'à leur analyse lors de ce projet. Ainsi, il serait intéressant de connaitre toutes les conditions de conservation des échantillons du moment où ils ont été collectés jusqu'à leur analyse. Ces informations pourraient peut-être expliquer la qualité des échantillons et pourquoi les PCR conventionnelles n'ont pas données de résultats interprétables. Il en aurait été en effet plus facile de séquencer après avoir pu isoler les virus.

En effet, les PCR ont pu ne pas donner de résultats exploitables à cause de la mauvaise qualité des échantillons. Celle-ci a pu être détériorée lors de la conservation des échantillons si les délais et la température de conservation n'ont pas été respectés (Da Cunha Santos, 2018). De plus, l'ARN reste moins stable que l'ADN et les recherches sur leur conservation sur carte FTA ne sont encore que peu nombreuse (Da Cunha Santos, 2018).

Enfin, certains échantillons sortis positifs à la qPCR gène M avaient un Ct très élevé, ce qui indique une charge virale faible, ce qui pourrait aussi expliquer la négativité de certains résultats par la suite en RT-qPCR-H9 dû à la différence de sensibilité en PCR H9 et M.

II- Facteurs de risque et pondération

Lors de cette étude, différents facteurs de risque n'ont pas été pris en compte, tels que les marchés de volaille, les fermes commerciales, les couloirs migratoires ou le climat.

Le risque généré par les marchés de volaille et les fermes commerciales reste majeur dans la propagation des VIA. Malheureusement, ces informations ne sont pas disponibles à moins d'aller dans le pays. Les données relatives aux élevages et marchés de volaille étaient disponibles pour le Bénin, le Togo et le Mali grâce aux travaux réalisés précédemment, mais inconnues pour les 9 autres pays inclus dans l'étude. Ainsi, il a été décidé de ne pas prendre en compte ces données pour que la carte soit homogène.

De plus, le risque généré par les oiseaux sauvages reste tout de même à prendre en compte (Alexander, 2007), cependant ce risque n'a pas été intégré dans l'analyse. En effet, tous les pays étudiés se trouvent sur un unique couloir migratoire. Par conséquent, il n'y a pas de variation du risque à l'échelle nationale ni entre les pays étudiés. Une distinction aurait été possible si l'étude avait comparé l'Afrique de l'ouest à l'Afrique de l'Est ou du Sud. Les données relatives au risque associé aux ports et aéroports, qui pourraient être des voies potentielles de transport d'animaux vivants, ne sont pas disponibles. En ce qui concerne le climat, les changements sont globaux et affectent l'ensemble de la planète, plutôt que d'être localisés à une région spécifique ou plus prononcés dans un pays par rapport à un autre.

Également, certains facteurs de risque n'ayant pas été pris en compte il est important de comparer les cartes obtenues lors de ce travail avec les cartes obtenues lors des projets précédents.

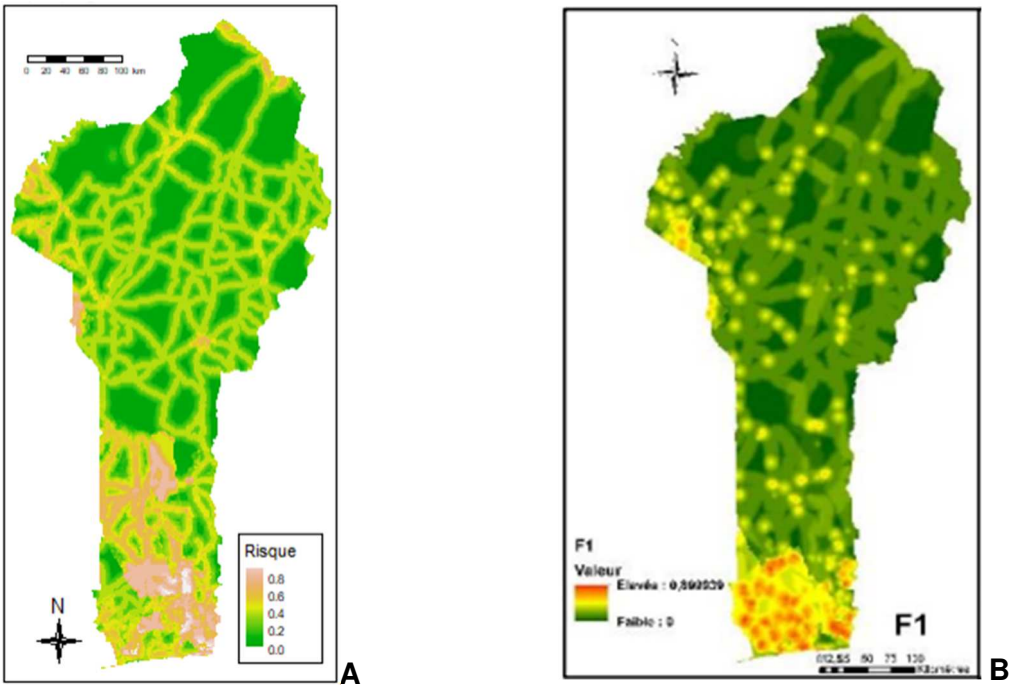
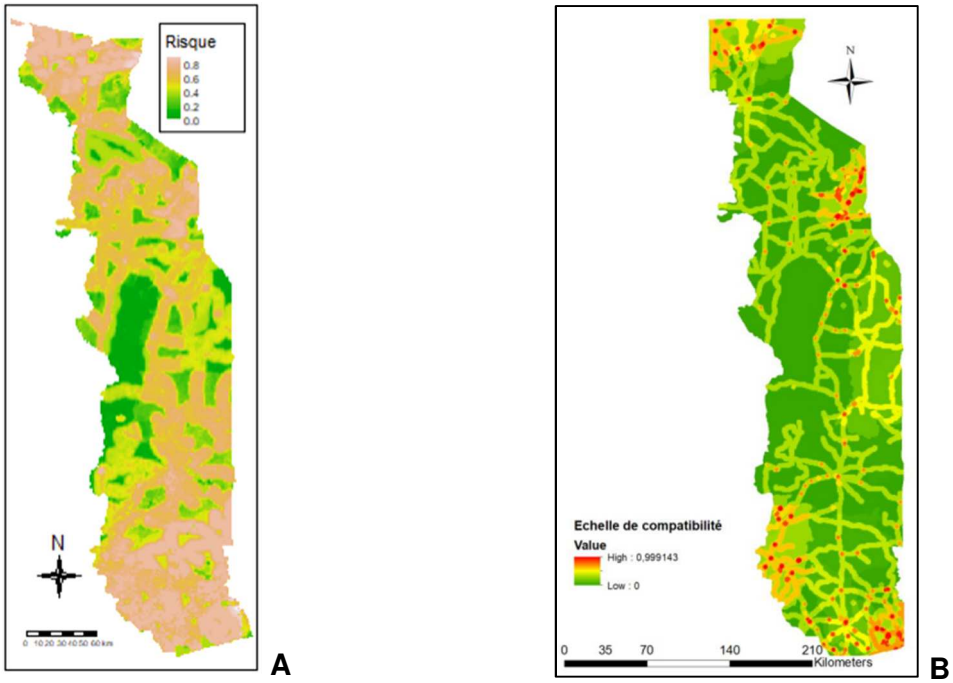


Figure 9 : Carte du risque de propagation des virus influenza aviaires au Bénin réalisée dans cette étude (A) et dans l'étude de S. Jouffroy (B).



<u>Figure 10</u> : Carte du risque de propagation des virus influenza aviaires au Togo réalisée dans cette étude (A) et dans l'étude de C. Laurent (B).

Il est possible de voir que les cartes (Figure 7 et 8, carte A par rapport à carte B) sont semblables mais tout de même différentes. En effet, les cartes prenant en compte les marchés de volaille sont plus précises et complètes que celles ou les informations des marchés ne sont pas ajoutés. Ainsi, cette étude montre que malgré une méthode et des informations fiables, certaines données restent essentielles pour obtenir une carte fidèle et précise tels que les marchés de volaille. Cependant, ces informations sont indisponibles dans les bases de données et restent compliquées à obtenir car les élevages ne sont pas tous référencés en Afrique, dû entre autres à « normalité » l'élevage traditionnel. Il est donc important d'aller au plus près de l'information pour pouvoir récolter toutes les informations non disponibles ou connues.

Enfin, la pondération des facteurs reste à discuter. En effet, le poids attribué aux axes routiers est le même que les routes soient principales ou secondaires. Il serait donc intéressant de savoir de façon précise l'impact individuel des routes. De même, les points d'eau ont été pris en compte mais les courts d'eau. Cependant, il pourrait être intéressant de les intégrer avec des pondérations adaptées (ce qui modifierait surement la carte obtenue en annexe 5, qui prends en compte les courts d'eau).

III- Analyse d'incertitude et validation de la méthode

Dans cette étude, l'analyse d'incertitude, bien que réalisée avec R, a été calibrée manuellement. En effet, les seuils de variation (+/- 25%) ont été choisis arbitrairement. Il aurait été intéressant de mettre en place une méthode qui faisait varier le poids des facteurs de risque de façon aléatoire sans impliquer un choix arbitraire humain. Pour aller plus loin, il aurait également pu être intéressant de réaliser une analyse de sensibilité pour identifier l'impact de chaque paramètre sur les résultats obtenus. Cependant, les seuils de l'analyse d'incertitude étant largement validés, cette étape n'a pas été effectuée de manière à pouvoir réaliser l'étape de validation.

De plus, la localisation des prélèvements a eu lieu dans des zones identifiées comme à risque et peu dans des zones considérées comme « saine » avec un nombre de prélèvements faible. Ainsi, la validation reste superficielle et peu précise, que ce soit visuellement ou mathématiquement. Également, les analyses grâce au modèle glm auraient pu être approfondi avec plus de temps.

Également, la méthode utilisée ici, MCDA reste une méthode qui analyse des données obtenues à un temps T donné et ne prend donc pas en compte les flux et modifications temporelles. Ainsi, il aurait été intéressant d'appliquer également une méthode prenant en compte les flux de volaille, souche d'influenza, ... telle que la méthode SNA.

Enfin, il aurait pu être intéressant de montrer les cartes réalisées à des experts locaux pour savoir si les modèles prédisaient de manière fidèle les zones à risque dans l'occurrence des VIA.

IV- Qu'en est-il de la vaccination ?

Une des méthodes de lutte contre les virus influenza aviaires pourrait être une vaccination massive des volailles. Cependant, comme pour toute mesure, il existe des avantages et des inconvénients, de même qu'une méthode ne fonctionnera peut-être pas au bien partout (Spackman and Pantin-Jackwood, 2014). En effet, le vaccin pourrait potentialiser la propagation des VIAHP car il peut masquer l'infection. Celle-ci pourrait donc circuler à bas bruit et conduire à un virus endémique (Swayne et al., 2011).

Ainsi, vacciner contre des souches hautement pathogènes ne serait pas forcément une bonne idée. En ce qui concerne les sous-types faiblement pathogènes tel qu'H9N2, la circulation du virus étant déjà silencieuse, la vaccination pourrait en revanche être un atout pour diminuer l'excrétion de virus et n'impacteraient pas sa détection.

Cependant, la vaccination reste un processus couteux et chronophage ce qui pourrait être un frein pour l'appliquer à des pays ayant peu de mains d'œuvre qualifiée et peu voire pas de budget pour une campagne vaccinale.

Conclusion

En s'appuyant sur des données publiques et des données collectées sur des sites officiels, une carte du risque de l'occurrence des VIA a pu être réalisée. Celle-ci a pu montrer des zones plus à risque ce qui pourrait constituer une première phase de surveillance. Ces données ont pu être validées grâce à plusieurs analyses, cependant, la précision de cette carte reste superficielle. Cette étude montre donc l'importance des informations concernant les marchés et élevages de volailles.

Quant aux analyses phylogénétiques, elles ont pu montrer que les VIA de types H9 qui circulent en Afrique de l'Ouest sont proches les unes des autres et l'analyse des prélèvements réalisés au Mali n'a pas fait ressortir l'éventuelle présence de VIA de types H5.

Il serait donc intéressant de pouvoir collecter les informations manquantes pour cibler les zones à risque de manière plus précise et réaliser des prélèvements dans ces zones. Ces prélèvements, s'ils se révèlent positifs pourraient confirmer les cartes mais serviraient également à la surveillance virologique des sous-types circulants, de manière à prévenir des réassortiments.

Bibliographie

Abbas, T., H. Wilking, D. Höreth-Böntgen, and F. J. Conraths. 2012. Contact structure and potential risk factors for avian influenza transmission among open-sided chicken farms in Kamalia, an important poultry rearing area of Pakistan. *Berliner Und Munchener Tierarztliche Wochenschrift* 125: 110–116.

Agence canadienne d'inspection des aliments, G. of C. 2024. Faits concernant l'influenza aviaire. Website http://inspection.canada.ca/fr/sante-animaux/animaux-terrestres/maladies/declaration-obligatoire/influenza-aviaire/faits-concernant-linfluenza-aviaire [accessed 11 June 2024].

Albina, E., G. Balança, A. Benmansour, E. Camus, and E. Cardinal. 2006. Bird flu: avian influenza from Asia to Africa - Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (France). CIRAD, Montpellier.

Alexander, D. J. 2007. An overview of the epidemiology of avian influenza. *Vaccine* 25: 5637–5644.

Anon. 2009. Multi-criteria analysis - a manual, Department for Communities and Local Government - Publication Index | NBS. Website https://www.thenbs.com/PublicationIndex/documents/details?Pub=DCLG&DocID=303719 [accessed 11 April 2024].

Anses. 2022. INFLUENZA AVIAIRE : Maladie animale potentiellement zoonotique à transmission essentiellement non alimentaire (type rage).

Ben Shabat, M., R. Meir, R. Haddas, E. Lapin, I. Shkoda, I. Raibstein, S. Perk, and I. Davidson. 2010. Development of a real-time TaqMan RT-PCR assay for the detection of H9N2 avian influenza viruses. *Journal of Virological Methods* 168: 72–77.

Bouquin, S. L., A. Schmitz, M. Pertusa, A. Scoizec, N. Rousset, and N. Eterradossi. 2017. Évaluation de la survie des virus Influenza aviaires H5N8 dans les lisiers d'élevages de palmipèdes gras.

Bouscambert-Duchamp, M. D. 2012. Étude du réassortiment génétique des virus influenza d'origines et de sous-types différents.

Brown, J. D., D. E. Stallknecht, R. D. Berghaus, and D. E. Swayne. 2009. Infectious and Lethal Doses of H5N1 Highly Pathogenic Avian Influenza Virus for House Sparrows (Passer Domesticus) and Rock Pigeons (Columbia Livia). *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation* 21: 437–445.

Cecchi, G., A. Ilemobade, Y. L. Brun, L. Hogerwerf, and J. Slingenbergh. 2008. Agro-ecological features of the introduction and spread of the highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5N1 in northern Nigeria. *Geospatial Health* 3: 7–16.

Centers for Disease Control and Prevention. 2024. Transmission of Bird Flu Viruses Between Animals and People. *Centers for Disease Control and Prevention*. Website https://www.cdc.gov/flu/avianflu/virus-transmission.htm [accessed 24 May 2024].

Centers for Disease Control and Prevention. 2023. Types of Influenza Viruses. *Centers for Disease Control and Prevention*. Website https://www.cdc.gov/flu/about/viruses/types.htm [accessed 21 May 2024].

Chakhar, S. 2006. Cartographie décisionnelle multicritère : formation et implémentation informatique.

Da Cunha Santos, G. 2018. FTA Cards for Preservation of Nucleic Acids for Molecular Assays: A Review on the Use of Cytologic/Tissue Samples. *Archives of Pathology & Laboratory Medicine* 142: 308–312.

Dhingra, M. S., J. Artois, T. P. Robinson, C. Linard, C. Chaiban, I. Xenarios, R. Engler, et al. 2016. Global mapping of highly pathogenic avian influenza H5N1 and H5Nx clade 2.3.4.4 viruses with spatial cross-validation. *eLife* 5: e19571.

Ducatez, M. F., C. M. Olinger, A. A. Owoade, S. De Landtsheer, W. Ammerlaan, H. G. M. Niesters, A. D. M. E. Osterhaus, et al. 2006. Multiple introductions of H5N1 in Nigeria. *Nature* 442: 37–37.

Eisler, D., D. Fornika, L. C. Tindale, T. Chan, S. Sabaiduc, R. Hickman, C. Chambers, et al. 2020. Influenza Classification Suite: An automated Galaxy workflow for rapid influenza sequence analysis. *Influenza and Other Respiratory Viruses* 14: 358–362.

El Mellouli, F., M. Mouahid, A. Fusaro, B. Zecchin, H. Zekhnini, A. El Khantour, E. Giussani, et al. 2022. Spatiotemporal Dynamics, Evolutionary History and Zoonotic Potential of Moroccan H9N2 Avian Influenza Viruses from 2016 to 2021. *Viruses* 14: 509.

Fang, L.-Q., S. J. de Vlas, S. Liang, C. W. N. Looman, P. Gong, B. Xu, L. Yan, et al. 2008. Environmental Factors Contributing to the Spread of H5N1 Avian Influenza in Mainland China. *PLoS ONE* 3: e2268.

FAO. 2024. Situation de l'IAHP en Afrique sub-saharienne. *AnimalHealth*. Website https://www.fao.org/animal-health/situation-updates/sub-saharan-africa-hpai/fr [accessed 24 May 2024].

Fasanmi, O. G., I. A. Odetokun, F. A. Balogun, and F. O. Fasina. 2017. Public health concerns of highly pathogenic avian influenza H5N1 endemicity in Africa. *Veterinary World* 10: 1194–1204.

Fasina, F. O., A. L. Rivas, S. P. R. Bisschop, A. J. Stegeman, and J. A. Hernandez. 2011. Identification of risk factors associated with highly pathogenic avian influenza H5N1 virus infection in poultry farms, in Nigeria during the epidemic of 2006–2007. *Preventive Veterinary Medicine* 98: 204–208.

Flint, J. 2020. Principles of Virology, Volume 1: Molecular Biology, 5th Edition.

Fouchier, R. A. M., T. M. Bestebroer, S. Herfst, L. Van Der Kemp, G. F. Rimmelzwaan, and A. D. M. E. Osterhaus. 2000. Detection of Influenza A Viruses from Different Species by PCR Amplification of Conserved Sequences in the Matrix Gene. *Journal of Clinical Microbiology* 38: 4096–4101.

Fouchier, R., and V. Munster. 2009. Epidemiology of low pathogenic avian influenza viruses in wild birds: -EN- Epidemiology of low pathogenic avian influenza viruses in wild birds -FR- Epidemiologie des virus de l'influenza aviaire faiblement pathogène dans l'avifaune -ES- Epidemiología de la influenza aviar de baja patogenicidad en aves silvestres. *Revue Scientifique et Technique de l'OIE* 28: 49–58.

Fuller, T. L., M. Gilbert, V. Martin, J. Cappelle, P. Hosseini, K. Y. Njabo, S. Abdel Aziz, et al. 2013. Predicting Hotspots for Influenza Virus Reassortment. *Emerging Infectious Diseases* 19: 581–588.

Fusade-Boyer, M., F. Djegui, K. Batawui, D. K. Byuragaba, J. C. Jones, F. Wabwire-Mangeni, B. Erima, et al. 2021a. Antigenic and molecular characterization of low pathogenic avian influenza A(H9N2) viruses in sub-Saharan Africa from 2017 through 2019. *Emerging Microbes & Infections* 10: 753–761.

Fusade-Boyer, M., F. Djegui, K. Batawui, D. K. Byuragaba, J. C. Jones, F. Wabwire-Mangeni, B. Erima, et al. 2021b. Antigenic and molecular characterization of low pathogenic avian influenza A(H9N2) viruses in sub-Saharan Africa from 2017 through 2019. *Emerging Microbes & Infections* 10: 753–761.

Fusaro, A., B. Zecchin, B. Vrancken, C. Abolnik, R. Ademun, A. Alassane, A. Arafa, et al. 2019. Disentangling the role of Africa in the global spread of H5 highly pathogenic avian influenza. *Nature Communications* 10: 5310.

Gaide, N., C. Foret-Lucas, T. Figueroa, T. Vergne, M.-N. Lucas, L. Robertet, M. Souvestre, et al. 2021. Viral tropism and detection of clade 2.3.4.4b H5N8 highly pathogenic avian influenza viruses in feathers of ducks and geese. *Scientific Reports* 11: 5928.

Gaidet, N., J. Cappelle, J. Y. Takekawa, D. J. Prosser, S. A. Iverson, D. C. Douglas, W. M. Perry, et al. 2010. Potential spread of highly pathogenic avian influenza H5N1 by wildfowl: dispersal ranges and rates determined from large-scale satellite telemetry. *Journal of Applied Ecology* 47: 1147–1157.

Gilbert, M., and D. U. Pfeiffer. 2012. Risk factor modelling of the spatio-temporal patterns of highly pathogenic avian influenza (HPAIV) H5N1: a review. *Spatial and Spatio-Temporal Epidemiology* 3: 173–183.

Gilbert, M., X. Xiao, D. U. Pfeiffer, M. Epprecht, S. Boles, C. Czarnecki, P. Chaitaweesub, et al. 2008. Mapping H5N1 highly pathogenic avian influenza risk in Southeast Asia. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 105: 4769–4774.

Gu, M., L. Xu, X. Wang, and X. Liu. 2017a. Current situation of H9N2 subtype avian influenza in China. *Veterinary Research* 48.

Gu, M., L. Xu, X. Wang, and X. Liu. 2017b. Current situation of H9N2 subtype avian influenza in China. *Veterinary Research* 48: 49.

Guezodje, L. 2009. Contraintes et défis de l'aviculture en Afrique de l'Ouest : Cas du Bénin.

Habert, E. Qu'est-ce qu'un système d'information géographique ?

Horimoto, T., and Y. Kawaoka. 2005. Influenza: lessons from past pandemics, warnings from current incidents. *Nature Reviews Microbiology* 3: 591–600.

Hurt, A. C., R. A. M. Fouchier, and D. Vijaykrishna. 2017. Low Pathogenic Avian Influenza Virus - an overview | ScienceDirect Topics. Website https://www.sciencedirect.com/topics/immunology-and-microbiology/low-pathogenic-avian-influenza-virus [accessed 22 April 2024].

Jouffroy, S. 2020. Surveillance de l'Influenza A au Bénin.

Kirunda, H., K. K. Mugimba, B. Erima, D. Mimbe, D. K. Byarugaba, and F. Wabwire-Mangen. 2015. Predictors for Risk Factors for Spread of Avian Influenza Viruses by Poultry Handlers in Live bird markets in Uganda. *Zoonoses and Public Health* 62: 334–343.

La banque mondiale. 2017. Révolutionner la chaîne de production avicole en Afrique de l'Ouest et Centrale grâce aux centres d'excellence. *World Bank*. Website https://www.banquemondiale.org/fr/news/feature/2017/05/15/centers-of-excellence-revolutionizing-the-poultry-production-chain-in-west-and-central-africa [accessed 23 May 2024].

Laurent, C. 2019. Surveillance des virus Influenza A Aviaires au Togo.

Lee, D.-H., M. F. Criado, and D. E. Swayne. 2021. Pathobiological Origins and Evolutionary History of Highly Pathogenic Avian Influenza Viruses. *Cold Spring Harbor Perspectives in Medicine* 11: a038679.

Mahmoud, S. I. A., K. A. Zyan, M. M. Hamoud, E. Khalifa, S. Dardir, R. Khalifa, W. H. Kilany, and W. K. Elfeil. 2022. Effect of Co-infection of Low Pathogenic Avian Influenza H9N2 Virus and Avian Pathogenic E. coli on H9N2-Vaccinated Commercial Broiler Chickens. *Frontiers in Veterinary Science* 9: 918440.

Mcquiston, J., L. Garber, B. Porter-Spalding, J. Hahn, F. Pierson, S. Wainwright, D. Senne, et al. 2005. Evaluation of risk factors for the spread of low pathogenicity H7N2 avian influenza virus among commercial poultry farms. *Journal of the American Veterinary Medical Association* 226: 767–72.

Molia, S., I. Traoré, B. Kamissoko, A. Diakité, M. S. Sidibé, K. D. Sissoko, and D. U. Pfeiffer. 2015. Characteristics of commercial and traditional village poultry farming in Mali with a focus on practices influencing the risk of transmission of avian influenza and Newcastle disease. *Acta Tropica* 150: 14–22.

Nagy, A., T. C. Mettenleiter, and E. M. Abdelwhab. 2017. A brief summary of the epidemiology and genetic relatedness of avian influenza H9N2 virus in birds and mammals in the Middle East and North Africa. *Epidemiology and Infection* 145: 3320–3333.

Nahimana, G., W. Ossebi, A. Missohou, and S. Ayssiwede. 2019. Analyse de l'importance socio-économique de l'aviculture familiale dans le Département de Salemata au Sénégal Socio-economic importance of family poultry in Senegal. *International Journal of Biological and Chemical Sciences* 13: 3131–3143.

OECD, and FAO. 2021. Agricultural 2021-2030 - Meat.

Pantin-Jackwook, M. J., and D. E. Swayne. 2009. Pathogenesis and pathobiology of avian influenza virus infection in birds: -EN- Pathogenesis and pathobiology of avian influenza virus infection in birds -FR- Pathogénie et pathobiologie de l'infection des oiseaux par le virus de l'influenza aviaire -ES- Patogénesis y patobiología de la infeccíon por virus de la influenza aviar en las aves. *Revue Scientifique et Technique de l'OIE* 28: 113–136.

Parvin, R., M. Nooruzzaman, C. K. Kabiraj, J. A. Begum, E. H. Chowdhury, M. R. Islam, and T. Harder. 2020. Controlling Avian Influenza Virus in Bangladesh: Challenges and Recommendations. *Viruses* 12: 751.

Paul, M. C., F. L. Goutard, F. Roulleau, D. Holl, W. Thanapongtharm, F. L. Roger, and A. Tran. 2016. Quantitative assessment of a spatial multicriteria model for highly pathogenic avian influenza H5N1 in Thailand, and application in Cambodia. *Scientific Reports* 6: 31096.

Peacock, T. P., J. James, J. E. Sealy, and M. Iqbal. 2019. A Global Perspective on H9N2 Avian Influenza Virus. *Viruses* 11: 620.

Retamal, M. 2009. Génération d'anticorps monoclonaux neutralisants et dérive antigénique du virus influenza pandémique A(H1N1).

Sanogo, I. N. 2023. Epidémiologie moléculaire des virus influenza aviaires et cartographie du risque au Mali et en Afrique de l'Ouest.

Sanogo, I. N., C. Guinat, S. Dellicour, M. A. Diakité, M. Niang, O. A. Koita, C. Camus, and M. Ducatez. 2024. Genetic insights of H9N2 avian influenza viruses circulating in Mali and phylogeographic patterns in Northern and Western Africa. *Virus Evolution* 10: veae011.

Schäfer, W. 1955. Vergleichende sero-immunologische Untersuchungen über die Viren der Influenza und klassischen Geflügelpest. *Zeitschrift für Naturforschung B* 10: 81–91.

Shi, J., X. Zeng, P. Cui, C. Yan, and H. Chen. 2023. Alarming situation of emerging H5 and H7 avian influenza and effective control strategies. *Emerging Microbes & Infections* 12: 2155072.

Sims, L. D., and M. Peiris. 2013. One health: the Hong Kong experience with avian influenza. *Current Topics in Microbiology and Immunology* 365: 281–298.

Song, W., and K. Qin. 2020. Human-infecting influenza A (H9N2) virus: A forgotten potential pandemic strain? *Zoonoses and Public Health* 67: 203–212.

Spackman, E. 2020. A Brief Introduction to Avian Influenza Virus. *In* E. Spackman [ed.], Animal Influenza Virus: Methods and Protocols, 83–92. Springer US, New York, NY.

Spackman, E., and M. J. Pantin-Jackwood. 2014. Practical aspects of vaccination of poultry against avian influenza virus. *Veterinary Journal (London, England: 1997)* 202: 408–415.

Stärk, K. D., G. Regula, J. Hernandez, L. Knopf, K. Fuchs, R. S. Morris, and P. Davies. 2006. Concepts for risk-based surveillance in the field of veterinary medicine and veterinary public health: Review of current approaches. *BMC Health Services Research* 6: 20.

Stevens, K. B., S. Costard, R. Métras, and D. U. Pfeiffer. 2009. Mapping the Likelihood of Introduction and Spread of Highly Pathogenic Avian Influenza Virus H5N1 in Africa, Ghana, Ethiopia, Kenya and Nigeria using Multicriteria Decision Modelling.

Stevens, K. B., M. Gilbert, and D. U. Pfeiffer. 2013. Modeling habitat suitability for occurrence of highly pathogenic avian influenza virus H5N1 in domestic poultry in Asia: a spatial multicriteria decision analysis approach. *Spatial and Spatio-Temporal Epidemiology* 4: 1–14.

Stevens, K. B., and D. U. Pfeiffer. 2011. Spatial modelling of disease using data- and knowledge-driven approaches. *Spatial and Spatio-Temporal Epidemiology* 2: 125–133.

Sun, Y., and J. Liu. 2015. H9N2 influenza virus in China: a cause of concern. *Protein & Cell* 6: 18–25.

Swayne, D. E., G. Pavade, K. Hamilton, B. Vallat, and K. Miyagishima. 2011. Assessment of national strategies for control of high-pathogenicity avian influenza and

lowpathogenicity notifiable avian influenza in poultry, with emphasis on vaccines and vaccination: -EN- -FR- Évaluation des stratégies nationales de lutte contre l'influenza aviaire hautement pathogène et l'influenza aviaire faiblement pathogène à déclaration obligatoire chez les volailles, et plus particulièrement du recours aux vaccins et à la vaccination -ES- Evaluación de estrategias nacionales de lucha contra la influenza aviar altamente patógena y la influenza aviar levemente patógena de declaración obligatoria en aves de corral, haciendo hincapié en las vacunas y la vacunación. *Revue Scientifique et Technique de l'OIE* 30: 839–870.

Um, S., J. Y. Siegers, B. Sar, S. Chin, S. Patel, S. Bunnary, M. Hak, et al. 2021. Human Infection with Avian Influenza A(H9N2) Virus, Cambodia, February 2021. *Emerging Infectious Diseases* 27: 2742–2745.

Ward, M. P., D. Maftei, C. Apostu, and A. Suru. 2008. Environmental and anthropogenic risk factors for highly pathogenic avian influenza subtype H5N1 outbreaks in Romania, 2005–2006. *Veterinary Research Communications* 32: 627–634.

Ward, M. P., D. N. Maftei, C. L. Apostu, and A. R. Suru. 2009. Association Between Outbreaks of Highly Pathogenic Avian Influenza Subtype H5N1 and Migratory Waterfowl (Family Anatidae) Populations. *Zoonoses and Public Health* 56: 1–9.

Webster, R. G., W. J. Bean, O. T. Gorman, T. M. Chambers, and Y. Kawaoka. 1992. Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiological Reviews* 56: 152–179.

WILLAGRI. 2023. Réorganisation de la filière avicole en Afrique de l'Ouest - Willagri - Comprendre les enjeux de l'agriculture. Website https://www.willagri.com/2023/09/19/reorganisation-de-la-filiere-avicole-en-afrique-de-louest/, https://www.willagri.com/2023/09/19/reorganisation-de-la-filiere-avicole-en-afrique-de-louest/ [accessed 23 May 2024].

Willeberg, P., L. R. Nielsen, and M. Salman. 2012. Designing and evaluating risk-based surveillance systems: Potential unwarranted effects of applying adjusted risk estimates. *Preventive Veterinary Medicine* 105: 185–194.

Zhou, B., M. E. Donnelly, D. T. Scholes, K. St. George, M. Hatta, Y. Kawaoka, and D. E. Wentworth. 2009. Single-Reaction Genomic Amplification Accelerates Sequencing and Vaccine Production for Classical and Swine Origin Human Influenza A Viruses. *Journal of Virology* 83: 10309–10313.

Zoma, V., D. Ilboudo, and G. Sangli. 2022. Les marchés ruraux de l'Afrique de l'Ouest: une brève revue de littérature. G. Verlag [ed.],.

Annexes

Annexe 1 : Echelle de comparaison binaire proposée par SAATY. (Saaty, 1990) (LMOUSSAOUI and JAMOULI, n.d.) (Rakotoarivelo, 2015)

Valeur	Echelle sémantique	Description
1	Importance égale des deux critères.	Les deux critères contribuent autant au critère père.
3	Faible importance d'un critère par rapport à un autre.	L'expérience et l'appréciation personnelles favorisent légèrement un élément par rapport à un autre.
5	Importance forte ou déterminante d'un critère par rapport à un autre.	L'expérience et l'appréciation personnelles favorisent fortement un critère par rapport à un autre
7	Importance attestée d'un critère par rapport à un autre.	Un critère est fortement favorisé et sa dominance est attestée dans la pratique.
9	Importance absolue d'un critère par rapport à un autre.	Les preuves favorisant un critère par rapport à un autre sont aussi convaincantes que possible.
2, 4, 6, 8	Valeurs intermédiaires entre deux appréciations voisines.	Un compromis est nécessaire entre deux appréciations.

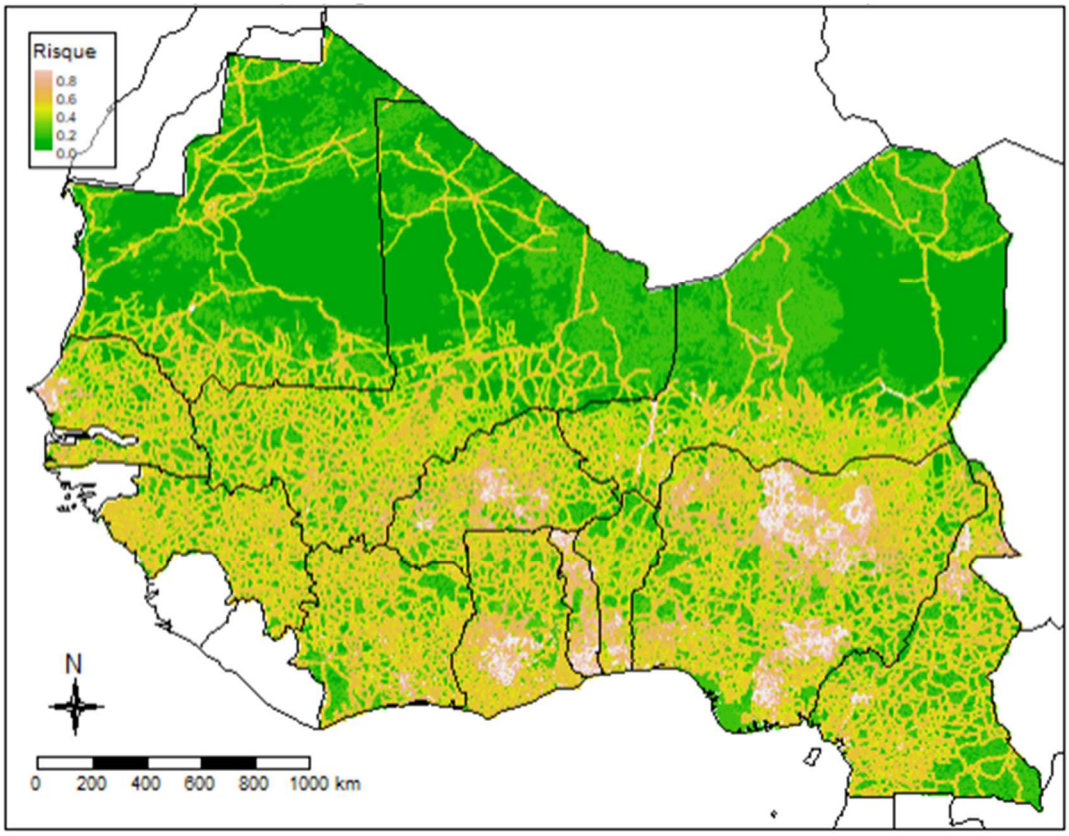
Annexe 2 : Tableau récapitulatif des RT-qPCR réalisées sur les 48 échantillons Maliens.

Echantillon	Résultat RT-qPCR gène M | Ct	Résultats RT- qPCR gène H9 | Ct	PCR
476	-		
477	-		
478	-		
479	+ | 22.78	+ | 33.82	
480	+ | 35.12	-	
481	-		
482	-		
483	-		
484	+ | 26.75	+ | 27.02	
485	-		
486	+ | 23.15	+ | 24.92	-
487	-		
488	-		
489	-		
490	+ | 35.26	-	
491	-		
492			
493	-		
494	-		
495	-		
496	-		
497	-		
498	-		
499	+ | 35.51	-	
500	-		
501	-		
502	+ | 20.57	+ | 21.82	-
503	+ | 35.15	-	
504	+ | 34.43	+ | 37.72	

505	-		
506	-		
507	+ | 29.23	+ | 29.45	
508	-		
509	-		
510	-		
511	-		
512	-		
513	-		
514	-		
515	-		
516	-		
517	-		
518	-		
519	-		
520	-		
521	-		
522	-		
523	-		

Annexe 3 : Séquence issue du séquençage de l'échantillon 502 du Mali.

>507_Mali_HA1F_NS890R
ATGGAAGTGATATCACTGATGACTGTATTACTGGTGGTAACAACAAGCAATGCAGACA
AAATCTGCATTGGTCACCAATCAACAAACTCCACGGAAACTGTGGACACGCTAACAGA
AACAAATGTTCCTGTAACACAAGCCAAAGAACTGCTCCACACAGAGCACAACGGGAT
GCTATGTGCAACAAATCTGGGACGTCCTCTTATTCTAGACACATGCACCATTGAAGGA
CTGATCTACGGCAACCCATCTTGTGACATGCTGTTAGGAGGAAGGGAATGGGCCTAC
ATTGTCGAAAGACCATCTGCAGTAAATGGAACATGCTACCCTGGAAATGTAGAAAACC
TAGAGGAACTTAGAGCATTTTTCAGCTCTTCTAGTTCTTACCAAAGAATCCAACTCTTT
CCAGACTCAATCTGGAATGTGACTTACACCGGAACAAGCAAATCATGCTCAGATTCAT
TCTATAGGAATATGAGATGGTTAACCCAAAAGAGTGGGAATTACCCAATCCAAGATGC
CCAGTACACAAACAACAGGGGAAAGGACATTCTTTTCGTGTGGGGTATACATCATCCA
CCAACCGATACTGCACAGACAAATTTATATACAAGGACCGACACAACAACAAGTGTAA
CAACTGAGACTTTAGATAGGACCTTCAAACCATTGATAGGGCCGAGGCCCCTTGTCA
ATGGTCTAATTGGAAGAATTAATTATTATTGGTCAGTGCTAAAACCTGGCCAAACTTTG
CGAGTGAGATCAAATGGAAATCTAATTGCTCCATGGTTTGGACATGTTCTCTCAGGTG
AGAGCCATGGGAGGATCTTGAGAACTGATTTAAAAAGTGGTAATTGTGTGGTACAATG
CCAGACTGAAAAGGGTGGCCTAAACAGTACAATGCCATTTCACAACATCAGCAAATAT
GCTTTTGGGACCTGTCCCAAATATATTGGAGTCAAGAGTCTCAAACTTGCAATTGGCC
TTAGAAACGTGCATGCTAGATCCAGTAGAGGACTATTCGGAGCAATAGCTGGATTCAT
AGAAGGAGGTTGGCCAG~~~~~~~CC~~~GGTGGTATGGTTTCCAGCATTCAAATGATC
AAGGGGTTGGCATGGCTGCGGATAAGGTTTCAACTCAAAAGGCAGTTGACAAAATAA
CAACAAAGGTAAATAATATAGTTGACAAGATGAACAAACAATATGAAATAATTGATCAT
GAATTCAATGAGATTGAAGCCAGACTCAATATGATCAACAATAAGATTGATGATCAAAT
ACAAGACATATGGGCATATAATGCAGAGTTACTAGTGCTACTTGAGAACCAGAAAACG
CTCGATGAGCATGATGCAAACGTGAACAACCTATACAACAAGGTGAAAAGGGCTCTG
GGCTCCAATGCAATGGAAGATGGAAAGGGCTGTTTCGAGCTATACCATAAATGTGAT
GATCAATGCATGGAAACAATTCGGAACGGAACCTATAATAGGAGAAAGTACACAGAG
GAATCAAGGCTAGAAAGACAGAAAATAGACGGGGTTAAACTGGAAGCTGAAGGGACT
TACGAAATTCTTTCCATTTATTCGACTGTCGCCTCGTCTCTTGTGCTTGCAATGGGGTT
TGCTGCCTTTTTGTTCTGGGCTATGTCCCATGGATCATGCAGGTGCAACATTTGTATA
TAATTAGCAAA~



<u>Annexe 4</u> : Carte du risque d'occurrence des virus Influenza aviaires en Afrique de l'ouest comprenant les cours d'eau.

Nom : BOURGOIS **Prénom** : Laura

Titre : Surveillance et cartographie du risque de l'influenza A en Afrique de l'Ouest

Résumé : L'Afrique de l'ouest est, comme la plupart des autres continents, fortement touché par les virus influenza aviaire et ce depuis des années. La dangerosité de certaines souches pour les volailles constitue un fléau pour l'économie et l'alimentation du continent et du monde entier. De plus, le potentiel zoonotique de ces virus fait d'eux une menace pour la santé humaine et fait de cette maladie une priorité mondiale. Cependant, l'Afrique reste une partie du monde avec peu de moyens financiers et matériels, ce qui rend la surveillance compliquée. Ainsi, des surveillances basées sur le risque via les méthodes d'information des systèmes géographiques couplée à l'analyse décisionnelle multicritères sont utilisées pour générer des cartes du risque. Ces cartes mettent en évidence les zones à fort risque d'occurrence des virus influenza aviaire dans les 12 pays sur lesquels cette étude a été réalisée : Bénin, Burkina Faso, Cameroun, Côte d'Ivoire, Ghana, Guinée, Mali, Mauritanie, Niger, Nigeria, Sénégal et Togo. Le but de cette étude est de réaliser une carte du risque pour plusieurs pays d'Afrique de l'ouest afin d'améliorer la surveillance des virus influenza aviaires dans la région. Cette étude a également pour but d'identifier les données indispensables à la réalisation d'une carte de risque précise, tels que les marchés de volaille. Enfin, la surveillance permet aussi de connaitre les souches circulantes, facteur déterminant pour prévenir les réassortiments.

Mots-clefs : cartographie du risque, système d'information géographique - analyse décisionnelle multicritères, virus influenza aviaire, Afrique de l'ouest, volaille, surveillance, zoonotique

Title: Influenza A surveillance and risk mapping in West Africa

Abstract : West Africa, like most other continents, has been significantly affected by avian influenza viruses for years. The danger posed by certain strains to poultry is a major threat to the economy and food security of the continent and the entire world. Additionally, the zoonotic potential of these viruses makes them a threat to human health, elevating this disease to a global priority. However, Africa remains a part of the world with limited financial and material resources, complicating surveillance efforts. Therefore, risk-based surveillance methods using geographic information systems (GIS) coupled with multi-criteria decision analysis are employed to generate risk maps. These maps highlight high-risk areas for the occurrence of avian influenza viruses in the 12 countries covered by this study: Benin, Burkina Faso, Cameroon, Côte d'Ivoire, Ghana, Guinea, Mali, Mauritania, Niger, Nigeria, Senegal, and Togo. The aim of this study is to create a risk map for several West African countries to improve surveillance of avian influenza viruses in the region. This study also aims to identify the essential data needed to create an accurate risk map, such as poultry markets. Finally, surveillance also allows for the identification of circulating strains, a crucial factor in preventing reassortment events.

Mots-clefs : risk mapping, geographic information system - multi-criteria decision analysis, avian influenza virus, West Africa, poultry, surveillance, zoonotic