

**Master 2 : Gestion Intégrée des Zoonoses et des Maladies Animales  
Tropicales**

**RAPPORT DE STAGE :**

**Évaluation du portage du virus de la fièvre hémorragique de  
Crimée-Congo dans les tiques de bétail en Guinée**

**Présenté par Zahida BAYDOUN**

**Réalisé sous la direction de : Dr Grégoire PEREZ et Dr Pierre ROQUES**

**Lieu du stage :** L'Institut Pasteur de Guinée, Conakry et Cirad  
Baillarguet, Montpellier, France

**Période de stage :** du 26 janvier au 10 juillet 2026

**Date de soutenance :** le 9 juillet 2026

# Table des matières

|                                                                                                                                                   |    |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| Table des matières.....                                                                                                                           | 2  |
| REMERCIEMENTS.....                                                                                                                                | 4  |
| LISTE DES ABREVIATIONS.....                                                                                                                       | 5  |
| RÉSUMÉ .....                                                                                                                                      | 6  |
| ABSTRACT .....                                                                                                                                    | 6  |
| Tables des figures .....                                                                                                                          | 7  |
| Liste des tableaux .....                                                                                                                          | 7  |
| PARTIE I : INTRODUCTION .....                                                                                                                     | 8  |
| I.1. Généralités épidémiologiques de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo .....                                                                 | 8  |
| I.1.1 Classification, structure et biologie du virus.....                                                                                         | 8  |
| I.1.2. Modalités de transmission à l'être humains et facteurs de risque associés.....                                                             | 9  |
| I.1.3. Signes cliniques, évolution de la maladie et mortalité .....                                                                               | 9  |
| I.1.4. Distribution géographique mondiale de la maladie .....                                                                                     | 9  |
| I.1.5. Réservoirs et espèces sensibles.....                                                                                                       | 10 |
| I.2.Vecteur de la fièvre hémorragique de Crimée Congo.....                                                                                        | 11 |
| I.2.1. La biologie des tiques .....                                                                                                               | 11 |
| I.2.2. Principales espèces de tiques présentes en Afrique de l'Ouest .....                                                                        | 11 |
| I.2.3. Espèces de tiques impliquées dans la transmission du virus de la fièvre hémorragique de Crimée Congo .....                                 | 12 |
| I.3. Rôle de l'élevage bovin dans l'épidémiologie de la fièvre hémorragique de Crimée Congo .....                                                 | 13 |
| I.3.1. Systèmes et pratiques d'élevage bovin en Guinée et en Afrique de l'ouest – ruminant.....                                                   | 13 |
| I.3.2. Données de prévalence et séroprévalence de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez les bovins et les petits ruminants en Afrique ..... | 14 |
| I.3.3. Facteurs de risques associés à la prévalence de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez les bovins et les petits ruminants.....        | 15 |
| I.3.4. Prévalence du virus chez différentes espèces de tiques en Afrique.....                                                                     | 16 |
| I.3.5. Facteurs environnementaux associées à la prévalence de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo.....                                         | 17 |
| Hypothèses et Objectifs.....                                                                                                                      | 17 |
| PARTIE II : MATÉRIAL ET MÉTHODE .....                                                                                                             | 18 |

|                                                                                                                       |    |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| II.1. Site d'étude et échantillonnage. ....                                                                           | 18 |
| II.2. Collecte des données, questionnaire et traçabilité des bovins à l'abattoir de Conakry. ....                     | 18 |
| II.3. Analyses de laboratoire.....                                                                                    | 19 |
| II.3.1. Analyses sérologiques.....                                                                                    | 19 |
| II.3.2. Identification morphologique et sélection des tiques collectées .....                                         | 19 |
| II.3.3. Traitement des tiques.....                                                                                    | 20 |
| II.2.4. Extraction de l'ADN et l'ARN.....                                                                             | 20 |
| II.2.5. Contrôle de la qualité d'extraction par qPCR ciblant le gène 16S .....                                        | 20 |
| II.2.6. Détection du virus de la fièvre hémorragique de Crimée Congo dans les tiques....                              | 21 |
| II.2.7. PCR classique du gène cytochrome oxydase subunit-I (COI) et séquençage.....                                   | 22 |
| II.2.8. PCR classique du gène cytochrome B (Cyt b) et séquençage .....                                                | 22 |
| II.3. Analyses des données .....                                                                                      | 22 |
| II.3.1. Analyses spatiales .....                                                                                      | 23 |
| II.3.2. Analyses statistiques.....                                                                                    | 23 |
| II.3.3. Arbre phylogénique .....                                                                                      | 24 |
| II.4. Déclaration éthique.....                                                                                        | 24 |
| PARTIE III : RÉSULTATS.....                                                                                           | 24 |
| III.1. Exploration des données de prélèvements .....                                                                  | 24 |
| III.2. Estimation de la séroprévalence du virus chez les bovins.....                                                  | 26 |
| III.3. Analyse des facteurs associés à l'infection bovine (âge, sexe, race et origine géographique).....              | 27 |
| III.4. Analyse des facteurs environnementaux et climatiques associés à la séropositivité des bovins.....              | 29 |
| III.5. Résultats des qPCR du gène 16S et de RT-qPCR pour la détection du virus de la FHCC chez les tiques.....        | 30 |
| III.6. Estimation de la prévalence des différentes espèces de tiques collectées et de leur répartition en Guinée..... | 31 |
| III.7. Résultats des séquençages des gènes COI .....                                                                  | 31 |
| III.8. Analyse phylogénétique pour caractériser les espèces et sous-espèce de tiques.....                             | 33 |
| III.9. Résultats des séquençages des gènes Cyt b.....                                                                 | 33 |
| PARTIE IV : DISCUSSION .....                                                                                          | 35 |
| PARTIE V : CONCLUSION .....                                                                                           | 38 |
| RÉFÉRENCES :.....                                                                                                     | 39 |
| ANNEXES.....                                                                                                          | 46 |

## REMERCIEMENTS

Je tiens tout d'abord à remercier mon encadrante de stage, Dr Grégoire Perez, et mon co-encadrant, le Dr Pierre Roques, responsable de mon stage, pour leur encadrement formateur, leurs conseils et leur contribution afin de rendre cette recherche aussi riche et intéressante que possible. Cette expérience a contribué à mon enrichissement professionnel et personnel.

Je remercie également le Dr Timothée Vergne, responsable du master GIZMAT, pour son accompagnement, son aide et les réponses qu'il m'a apportées chaque fois que cela a été nécessaire.

Je tiens à exprimer mon remerciement au directeur de l'Institut Pasteur de Guinée, Noël Tordo, pour m'avoir accueillie au sein de l'IPG, et son engagement à ce projet.

J'exprime un remerciement avec gratitude à Isabelle Léah Louise Ellis pour ses explications, son accompagnement et son aide précieuse tout au long des travaux de laboratoire, ainsi que pour l'identification des tiques. Je tiens à remercier Salimatou Boiro pour son aide lors des extractions. Je tiens à remercier les personnes qui ont participé au travail de terrain, Dr Siba Pricemou, Dr Mamadi Seyba Doumbouya et Dr Issiaga Touré pour leur aide avec les questionnaires à l'abattoir. Ainsi que, Dr Philip Kolié pour son aide avec l'échantillonnage. Enfin, un grand merci à toute l'équipe de l'IPG pour son accueil chaleureux, sa gentillesse et son soutien.

Je souhaite aussi remercier le Dr David Bru et Karine Huber pour leur aide et leurs conseils et leur accueil au laboratoire du CIRAD.

Je remercie également le Dr Kouramoudou Berete et le Dr Mohamed Idriss Doumbouya pour nous avoir accueillis au Laboratoire Central Vétérinaire de Conakry.

Je tiens à remercier Madame Anne-Karine Husquin pour son soutien et l'organisation qu'elle a mise en place pour la mission.

Je remercie la famille Sayegh pour leur aide à mon installation à Conakry et pour leur générosité.

## LISTE DES ABREVIATIONS

COI : Cytochrome oxydase subunit-I

CT : Cycle Threshold

Cyt b : Cytochrome B

DO : Densité Optique

ELISA : Enzyme-Linked Immunosorbent Assay

F : Femelle

FHCC : Fièvre Hémorragique De Crimée-Congo

L : Large

M : Mâle

M : Medium

N : Nymphé

OR : Odds Ratio

PCR : Polymerase Chain Reaction

qPCR : Quantitative Polymerase Chain Reaction

RT- PCR : Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction

S : Small

## RÉSUMÉ

La fièvre hémorragique de Crimée-Congo est une maladie virale à transmission vectorielle, principalement par des tiques du genre *Hyalomma*, avec une mortalité pouvant atteindre 50 % chez l'humain. Dans les pays endémiques, il existe une concordance entre la séroprévalence de la maladie chez les humains et les bovins. Des études dans plusieurs pays d'Afrique de l'Ouest ont montré des séroprévalences chez les bovins allant jusqu'à 80 %. En Guinée, la séroprévalence chez les bovins et les facteurs associés, la diversité des tiques de bovins ainsi que la prévalence du virus dans les tiques à l'échelle nationale ont rarement, voire jamais, été étudiés. Nous avons déterminé la séroprévalence de 120 bovins échantillonnés durant la saison sèche de 13 préfectures de la Guinée. Une séroprévalence finale de 77,5 % et la cartographie montre un gradient décroissant du nord au sud. 1 461 tiques ont été collectées sur les 120 bovins et ont été identifiées morphologiquement, montrant une abondance de 1 % pour les *Hyalomma*. La détection du virus par RT-qPCR révèle une suspicion de 3 tiques positives sur 294. 94 tiques ont été séquencées pour le gène cytochrome oxydase sous-unité I afin de confirmer les espèces douteuses et de contrôler notre identification, montrant une discordance au niveau des espèces. Les facteurs d'exposition au virus pour les bovins étaient le sexe et la région. Tant que facteur écologique : la température et l'altitude était associée à la séroprévalence. À l'avenir, Des études ultérieures doivent se poursuivre surtout durant la saison de pluie ; la surveillance doit être renforcée au sud pour maintenir le niveau d'exposition bas.

**Mots-clés** : Epidémiologie - One Health - Maladie vectorielle - Virologie - Biologie moléculaire - Fièvre hémorragique de Crimée-Congo

## ABSTRACT

Crimean-Congo hemorrhagic fever is a viral tick-borne disease caused primarily by ticks of the genus *Hyalomma*; mortality in humans can reach 50%. In endemic countries, there is a relationship between the seroprevalence of the disease in bovines and humans. Studies in West Africa show a seroprevalence of up to 80% in bovine species. In Guinea, the seroprevalence, the associated factors, the diversity of tick species in bovines, and the prevalence of the virus at the national level were rarely or never investigated. We have determined the seroprevalence in 120 bovines from 13 prefectures across Guinea. The total seroprevalence was estimated at 77,5%, the map show decreasing levels from north to south. 1461 ticks were collected from the 120 bovines and identified morphologically, showing a 1% abundance of the genus *Hyalomma*. Detection of the virus in ticks using RT-qPCR revealed 3 suspected-positive ticks out of 294. 94 ticks were sequenced for the cytochrome oxidase subunit I gene to confirm our doubtful identification and control our identification. The results show a disagreement with our identification, specifically with species. The factors responsible for the exposition of the virus in the bovines were their sex and their location. For ecological factors, temperature and altitude was associated with seroprevalence,. For the future, other studies should be conducted specially during wet season. Surveillance should be reinforced especially in the south to maintain the low level of exposure.

**Keywords** : Epidemiology - One Health – Public health – Vector-borne disease - Virology – Molecular biology - Crimean-Congo hemorrhagic fever

## Tables des figures

|                                                                                                                                                                                                                                                   |    |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| <b>FIGURE 1 :</b> ARBRE PHYLOGENETIQUE DE LA REGION S DE L'ARN DU VIRUS DE LA FHCC MONTRANT LES SIX CLADES ET LES SEPT GENOTYPES (BENTIL ET AL., 2023).                                                                                           | 8  |
| <b>FIGURE 2:</b> TRANSHUMANCE : INTRA NATIONAL ET TRANSFRONTALIERE EN FONCTION DE LA SAISON ET LES ROUTES COMMERCIAUX EN AFRIQUE DE L'OUEST (THE ROLE OF LIVESTOCK IN FOOD SECURITY, POVERTY REDUCTION AND WEALTH CREATION IN WEST AFRICA, 2020.) | 14 |
| <b>FIGURE 3:</b> DISTRIBUTION DES ECHANTILLONS SELON LES PREFECTURES DE CHAQUE REGION D'ORIGINE.                                                                                                                                                  | 25 |
| <b>FIGURE 4 :</b> DISTRIBUTION DES 120 ECHANTILLONS SELON L'AGE ET LE SEXE.                                                                                                                                                                       | 25 |
| <b>FIGURE 5 :</b> DISTRIBUTION DES RESULTATS DE LA DO DES 120 ECHANTILLONS PROVENANT DES BOVINS MONTRANT LE CUT-OFF (EN ROUGE) ET NOTRE SEUIL DES RESULTAT DOUTEUX (EN JAUNE),                                                                    | 26 |
| <b>FIGURE 6 :</b> CARTE DE LA SEROPREVALENCE DU VIRUS DE LA FIEVRE HEMORRAGIQUE DE CRIMEE-CONGO CHEZ LES BOVINS ET LE NOMBRE D'ECHANTILLONS PAR PREFECTURE.                                                                                       | 27 |
| <b>FIGURE 7 :</b> LA DISTRIBUTION DES DO SELON LES REGIONS DES 116 BOVINS EN GUINEE.                                                                                                                                                              | 28 |
| <b>FIGURE 8:</b> REPARTITION DES CAS POSITIFS ET NEGATIFS SELON LE SEXE DES 120 BOVINS.                                                                                                                                                           | 29 |
| <b>FIGURE 9:</b> DISTRIBUTION DE LA DO EN FONCTION DU SEXE DES 120 BOVINS                                                                                                                                                                         | 29 |
| <b>FIGURE 10:</b> NOMBRE DES ESPECES DE TIQUES PAR STADE ET SEXE COLLECTEES SUR LES BOVINS EN FONCTION DE LEUR PREFECTURE D'ORIGINE, INCLUANT LE MALI. CETTE DISTRIBUTION EST BASEE SUR LES IDENTIFICATIONS MORPHOLOGIQUES DES 1641 TIQUES.       | 31 |
| <b>FIGURE 11 :</b> CARTE DE NOMBRE DE TIQUES COLLECTEES DES BOVINS PAR PREFECTURE ET LA REPARTITION DES TIQUES DE GENRE HYALOMMA EN GUINEE.                                                                                                       | 32 |

## Liste des tableaux

|                                                                                                                                                                                       |    |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| <b>TABLEAU 1 :</b> LES SEROPREVALENCE DE LA FHCC DES BETAILS EN AFRIQUE                                                                                                               | 15 |
| <b>TABLEAU 2 :</b> AMORCES ET PROBES DE FHCC SPECIFIQUE POUR LA RT-qPCR (SAS ET AL., 2018).                                                                                           | 21 |
| <b>TABLEAU 3 :</b> NOMBRE DE BOVINS ECHANTILLONNES ET SEROPREVALENCE CONTRE LE VIRUS DE LA FHCC EN FONCTION DU PAYS, DE LA REGION ET DE LA PREFECTURE.                                | 26 |
| <b>TABLEAU 4 :</b> LES RESULTATS DE LA REGRESSION LOGISTIQUE DE SEROPREVALENCE EN FONCTION DES REGIONS DE LA GUINEE ET LE SEXE DES BOVINS.                                            | 28 |
| <b>TABLEAU 5 :</b> RESULTATS DE LA REGRESSION LOGISTIQUE DE SEROPREVALENCE EN FONCTION DES FACTEURS ECOLOGIQUES DE LA GUINEE.                                                         | 30 |
| <b>TABLEAU 6 :</b> LES INFORMATIONS SUR LES TROIS TIQUES AYANT EU DES AMPLIFICATIONS FAIBLE ET TARDIVE POUR LA DETECTION DE LA FHCC PAR RT-qPCR                                       | 30 |
| <b>TABLEAU 7 :</b> TABLEAU DES RESULTATS COMPARANT L'IDENTIFICATION MORPHOLOGIQUE DES TIQUES ET LA CONFIRMATION DE L'ESPECE OBTENUE PAR LE SEQUENÇAGE CIBLANT LE GENE COI DES TIQUES. | 33 |
| <b>TABLEAU 8 :</b> RESULTAT DE LA PCR ET LE SEQUENÇAGE DE CYT B SELON LE GENRE ET LES 92 ESPECES CONFIRMES PAR SEQUENÇAGE, LE SEXE, LE STADE ET L'ETAT D'ENGORGEMENT DES TIQUES.      | 34 |

## PARTIE I : INTRODUCTION

### I.1. Généralités épidémiologiques de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo

#### I.1.1 Classification, structure et biologie du virus

Le virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo (FHCC) appartient au genre *Orthonaviridae*, à la famille *Nairoviridae* et à l'ordre *Bunyavirales* (Bente et al., 2013; Shahhosseini et al., 2021).

Le virus a une structure sphérique de 100 nm de diamètre, avec une capside dense, en enveloppe lipidique qui l'entoure, contenant des spicules à la surface (Shahhosseini et al., 2021). Ces spicules permettent la fixation du virus aux récepteurs cellulaires des cellules hôtes à travers des glycoprotéines Gn et Gc qui sont présentes dans les spicules. Les anticorps des cellules de mammifères sont capable de neutraliser ces glycoprotéines (Bente et al., 2013; Shahhosseini et al., 2021).

Le virus est un virus à ARN à brin de polarité négative, qui se compose de trois segments : small (S), medium (M) et large (L) (Bente et al., 2013).

Le virus présente une diversité génétique, comme l'attestent des divergences de 20 % pour le segment (S), de 31 % pour le segment (M) et de 22 % pour le segment (L). Il existe sept génotypes du virus FHCC, regroupés en six clades : I (Africa 3), II (Africa 2), III (Africa 1), IV (Asia 1 et 2), V (Europe 1) et VI (Europe 2). Ces génotypes sont associés à la région géographique définie par la séquence du segment S (Frank et al., 2024). La Figure 1 présente un arbre phylogénétique de la région S montrant les différents clades d'après Bentil et al. (2023).

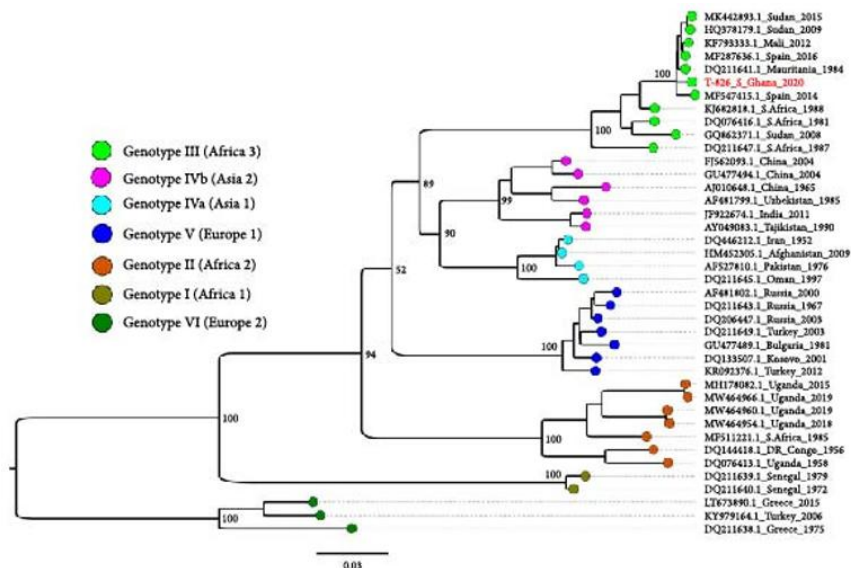


Figure 1 : Arbre phylogénétique de la région S de l'ARN du virus de la FHCC montrant les six clades et les sept génotypes (Bentil et al., 2023).



Il est bien démontré que les recombinaisons génétiques du génome viral et les réassortiments génétiques peuvent survenir dans des zones où plusieurs variants coexistent, ce qui accroît la diversité génétique (Shahhosseini et al., 2021). En outre, la gravité de la maladie chez l'homme dépend des variations génétiques, l'adaptation des vecteurs et des hôtes amplificateurs de la région (Frank et al., 2024).

### I.1.2. Modalités de transmission à l'être humains et facteurs de risque associés

La FHCC est une maladie transmise principalement par les tiques. La transmission entre les tiques et les vertèbres s'effectue par la piqûre des tiques à l'hôte et par l'introduction du pathogène. Lors des repas sanguins, la tique introduit le virus de la FHCC dans la peau, ce qui nécessite un temps de fixation minimal. C'est peu connu, mais les premières cellules infectées chez l'hôte sont probablement des cellules détritiques, immunitaires et d'autres types. Après avoir atteint la circulation sanguine, le virus se réplique dans la rate et le foie (Gargili et al., 2017).

La transmission à l'homme s'effectue par la piqûre d'une tique ou par contact avec le sang ou les fluides corporels d'animaux infectés (Muianga et al., 2017).

Durant l'abattage, la transmission peut s'effectuer surtout lorsque des animaux domestiques virémiques sont abattus, car l'infection est asymptomatique chez le bétail (Muianga et al., 2017). Les personnes à plus haut risque d'être exposés sont ceux travaillant dans des métiers nécessitant un contact avec le bétail, comme les éleveurs, vétérinaires et bouchers, ainsi que les personnes travaillant en extérieur (Mihalakakos et al., 2025). Par contre, la maladie n'est pas transmise par la consommation de la viande d'un animal infecté, car l'acidification rapide des muscles après la mort de l'animal entraîne l'inactivation du virus (Bente et al., 2013). La transmission entre humains est possible, notamment dans un contexte nosocomial, où l'infection peut être transmise aux soignants par contact avec le sang, par blessures, par piqûre d'aiguille et par projections sur les muqueuses ou les fluides corporels, tels que la salive et l'urine d'un patient infecté (Frank et al., 2024).

### I.1.3. Signes cliniques, évolution de la maladie et mortalité

La FHCC se manifeste chez l'homme souvent sous plusieurs formes : asymptomatique (< 88 %), maladie fébrile, et infection hémorragique (Frank et al., 2024). En revanche, l'infection chez les professionnels de la santé reste plutôt cliniquement symptomatique. La maladie se déroule généralement en quatre phases : incubation, pré-hémorragique, hémorragique et rémission. La période d'incubation varie selon le mode de transmission. La première phase pré-hémorragique se manifeste par la fièvre, la fatigue et d'autres symptômes non spécifiques. Durant la deuxième phase hémorragique, il y a le plus souvent l'apparition de pétéchies sur la peau, la conjonctive et les muqueuses et des saignements dans l'appareil urinaire et gastro-intestinal. Une splénomégalie et une hépatomégalie sont souvent observées. Dans les cas sévères, l'hémorragie, la défaillance multiviscérale aboutissent à la mort entre 5 et 14 jours. Une rémission complète peut prendre jusqu'à un an en cas de survie (Bente et al., 2013). La mortalité de la FHCC dépend de la région géographique et varie selon plusieurs facteurs : la variabilité du virus circulant, les co-infections et le système de santé du pays, et la mortalité est entre 5% et 60% (Frank et al., 2024).

### I.1.4. Distribution géographique mondiale de la maladie

Le virus de CCHF est répandu en Afrique, en Asie et dans le sud de l'Europe et est principalement associé à la présence des tiques du genre *Hyalomma* (Monsalve-Arteaga et al., 2020). Les tiques *Hyalomma* présentent une large aire de répartition. Du Kosovo au Pakistan, *H. marginatum* est le vecteur principal. Dans les régions plus nordiques, *H. lusitanicum* infecté par la FHCC a été présent

dans la partie chaude du sud de l'Espagne. En Afrique, les tiques *H. rufipes* sont les principaux vecteurs de la maladie (Bente et al., 2013).

La présence de la maladie reste indéterminée dans 47 pays, y compris dans des régions de Chine et de Russie. Des informations sur l'occurrence de la maladie, ainsi que sur la présence des vecteurs compétents de la transmission du virus de la FHCC dans certains pays, restent insuffisantes, notamment en Afrique subsaharienne, ainsi que dans quelques pays d'Asie du Sud-Est, d'Asie centrale et d'Europe de l'Ouest. (Messina et al., 2015).

En Afrique, jusqu'en 2025, 20 pays ont signalé une épidémie. Entre 1981 et 2022, 54 épidémies ont été recensées dans 9 pays d'Afrique subsaharienne. Cela inclut 20 en Afrique du Sud, ainsi qu'une au Mali et une au Kenya. Un grand nombre de cas de FHCC ont été détectés, en Afrique de l'Est comme le Soudan, et en Afrique australe comme en Namibie et en Afrique de l'Ouest en Mauritanie, au Mali et au Sénégal. Au cours de la dernière décennie seulement, plus de 500 cas de FHCC ont été recensés, avec une centaine de morts (Yessinou et al., 2025)

Les vecteurs du virus sont absents en Europe du Nord en raison de facteurs écologiques, ce qui explique l'absence de la maladie dans cette région (Messina et al., 2015). Cependant, une expansion de la maladie demeure possible en raison du changement climatique (Monsalve-Arteaga et al., 2020).

### 1.1.5. Réservoirs et espèces sensibles

Différentes espèces de vertébrés, sauvages et domestiques, maintiennent et transmettent le virus de la CCHF sans présenter de symptômes cliniques, agissant comme hôtes amplificateurs. Seuls les humains et d'autres primates, avec une clinique variée mais similaire à celles observées chez l'humain, sont connus pour présenter des symptômes sévères et une mortalité (Gargili et al., 2017) (Celina et al., 2025). Cependant, la virémie des animaux vertébrés est transitoire, alors que chez les tiques, le virus subsiste toute la vie. Ainsi, les tiques jouent à la fois le rôle de vecteurs et de principaux réservoirs (Gargili et al., 2017).

Même avec le rôle crucial que jouent les tiques, les hôtes vertébrés sont importants dans l'écologie du virus, car ils amplifient sa circulation en le transmettant d'une tique à l'autre. Les ongulés, notamment, peuvent supporter un grand nombre de tiques et donc en infecter beaucoup à la fois, amplifiant ainsi le virus encore davantage (Gargili et al., 2017).

Pour évaluer le risque de propagation du virus chez les humains, des enquêtes de sérologie chez les animaux sont essentielles pour la surveillance, car elles renseignent du niveau de circulation du virus (Celina et al., 2025). Les études ont montré une séropositivité chez plusieurs espèces d'animaux domestiques : les ovins (*Ovis aries*), les caprins (*Capra aegagrus hircus*) (Sene et al., 2024), les bovins (*Bos taurus*), les équins (*Equus ferus caballus*), les chiens (*Canis lupus caballus*), les ânes (*Equus asinus*) (Mangombi et al., 2020), les chameaux (*Camelus dromedarius*) (Ansgar Schulz et al., 2021), les chats (*Felis catus*) (De Villiers et al., 2025) et les rongeurs (*Rodentia* sp.) (Omoga et al., 2023). Dans la faune sauvage la séropositivité était prouvée chez : la girafe (*Giraffa camelopardalis*), le buffle (*Syncerus caffer*), le zèbre (*Equus quagga*), le phacochère (*Phacochoerus africanus*), le cobe à croissant (*Kobus ellipsiprymnus*), l'oryx (*Oryx leucoryx*) (Mukhaye et al., 2024), les écureuils (*Sciurus* sp.) , les lièvres (*Lepus* sp.), le rat géant (*Cricetomys gambianus*) (Yessinou et al., 2025), le bouquetin (*Capra ibex*) (Rudoler et al., 2025), le sanglier (*Sus scrofa*), le mouflon (*Ovis aries musimon*), le cerf élaphe (*Cervus elaphus*) , le chevreuil (*Capreolus capreolus*), le renard roux (*Vulpes vulpes*) (Bernard et al., 2025), le bouquetin ibérique (*Capra pyrenaica*) (Espunyes et al., 2021), et le cerf élaphe (*Cervus elaphus*) (Dos Santos et al., 2025). La reproduction du virus chez les animaux de laboratoire, notamment chez les rats (*Rattus norvegicus*) , souris (*Mus musculus*), hamsters (*Mesocricetus auratus*), lapins (*Oryctolagus cuniculus*) et autres, a échoué, sauf chez les nouveau-nés de souris (*Mus musculus*) (Bente et al., 2013).

Les oiseaux semblent réfractaires au virus de la FHCC, avec une prévalence de 0,2 % chez les canards (*Anas platyrhynchos*) et les poules (*Gallus gallus domesticus*) (Celina et al., 2025) et de 0 % chez les pigeons (*Columba livia*) (Yessinou et al., 2025). Toutefois, une virémie et une séroprévalence de la FHCC ont été prouvées chez les autruches (*Struthio camelus*), bien détectables et comparables à celles observées chez les mammifères, contrairement à celles observées chez les autres oiseaux qui semblent résistants au virus. Cependant, les oiseaux migratoires peuvent jouer un rôle dans la propagation de la maladie en portant et en transportant des ectoparasites, même s'ils sont réfractaires au virus de FHCC. Les études ont montré la possibilité pour certaines espèces d'oiseau de servir de source d'alimentation à *H. marginatum* et d'en transporter de l'Afrique vers l'Europe, et, en conséquence, de constituer une source potentielle de propagation de la maladie (Celina et al., 2025).

## I.2. Vecteur de la fièvre hémorragique de Crimée Congo

### I.2.1. La biologie des tiques

Les tiques sont des ectoparasites hématophages, répandus à l'échelle mondiale. Les deux familles les plus importantes sont les Argasidae, appelées tiques molles, et les Ixodidae, appelées tiques dures (Onyiche and MacLeod, 2023). Durant les repas de sang, les tiques dures s'attachent à leur hôte pendant plusieurs jours, contrairement aux tiques molles qui s'attachent pour une durée plus courte (Nepveu-Traversy et al., 2024). Il existe une troisième famille, Nuttalliellidae, représentée par une seule sous-famille et une seule espèce : *Nuttalliella namaqua* (Nepveu-Traversy et al., 2024).

En outre, les tiques ont un cycle de vie en trois phases : larve, nymphe et adulte. Chez les tiques dures, ces phases correspondent chacune à un repas de sang, contrairement aux tiques molles qui peuvent faire de nombreux repas de sang de courte durée durant leur vie. Les tiques dures peuvent avoir un cycle à un, deux ou trois hôtes. En cas de cycle à trois hôtes, les larves prennent généralement un repas de sang d'un hôte de petite taille, comme des rongeurs ou des oiseaux, qui sont des réservoirs de nombreuses maladies et se détachent pour muer en nymphes. Ces dernières s'attachent ensuite à un hôte différent pour leur deuxième repas de sang, puis se détachent encore pour muer (Nepveu-Traversy et al., 2024). Les tiques femelles adultes prennent généralement leur repas de sang sur un hôte plus grand et l'accouplement a lieu sur celui-ci. Ensuite, les femelles se détachent pour pondre leurs œufs (Gharbi and Aziz Darghouth, 2014). Certaines espèces du genre *Hyalomma*, comme *H. marginatum*, suivent un cycle à deux hôtes : les larves s'attachent pour se nourrir et muer en nymphes sur des rongeurs ou oiseaux, la nymphe se nourrit sur le même hôte avant de se détacher et muer, puis les adultes s'attachent à de grands mammifères (Bente et al., 2013).

### I.2.2. Principales espèces de tiques présentes en Afrique de l'Ouest

Plusieurs espèces de tiques dures de la famille des Ixodidés sont présentes en Afrique de l'Ouest, avec des variations d'abondance des espèces entre les pays, même entre les régions d'un même pays (Matulis et al., 2025) (Naidenova et al., 2024), selon la disponibilité des hôtes dont les tiques se nourrissent (Konstantinov et al., 1990). Les genres de tiques parasitant le bétail les plus répandus en Afrique de l'Ouest, sans prendre en compte l'effet du climat saisonnier, sont : *Amblyomma*, *Rhipicephalus* et *Hyalomma*. Les prévalences suivantes ont été reportées (nombre de bovins infestés sur le nombre total inspectés) : *A. variegatum* : 37.6%, *R. microplus* : 34.4%, *H. rufipes* : 7.53%, *H. truncatum* : 4.15%, *Rhipicephalus* spp. : 4.82%, *R. decoloratus* : 2.69%, et *R. annulatus*, *R. geigy* et *R. sanguineus* : <0,3 % (Heylen et al., 2023). En Côte d'Ivoire, chez les bovins comme hôtes, les mêmes

genres ont été identifiés, avec des prévalences très similaires pour les espèces les plus répandues (Ehounoud et al., 2016).

En Guinée, les espèces de tiques dures les plus répandues collectées sur des bovins, des caprins, des chiens domestiques et errants et des petits mammifères montrent les abondances relatives suivantes : *A. variegatum* : 53,27 %, *R. decoloratus* : 23,03 %, *R. geigy* : 16,36 %, *R. annulatus* : 3,14 %, *H. truncatum* : 1,78 %, *Hae. Leachi* : 1,22 %, *R. sanguineus* : 0,98 % et *R. senegalensis* : 0,23 % (Naidenova et al., 2020).

Enfin, une collecte de tiques sur des bovins durant mai et juin en 2017 et 2018 en Guinée, dans 7 préfectures a montré les abondances relatives suivantes : *A. variegatum* : 44,2 %, *R. decoloratus* : 34,7 %, *R. annulatus* : 10,3 %, *R. geigy* : 7,3 %, *H. truncatum* : 2,4 %, *R. senegalensis* : 0,8 % et *Hae. leachi* : 0,6 % (Kartashov et al., 2021).

### 1.2.3. Espèces de tiques impliquées dans la transmission du virus de la fièvre hémorragique de Crimée Congo

Le virus de la FHCC a été détecté dans plusieurs espèces de tiques de la famille des Ixodidae. Cependant, toutes les tiques porteuses du virus n'ont pas montré de compétence vectorielle ni de capacité à maintenir le virus (Gargili et al., 2017). La compétence vectorielle inclut la capacité de transmission verticale, impliquant le maintien du virus au cours de la mue, du stade larvaire à l'adulte, ainsi que la transmission du virus de l'adulte femelle au descendant et du mâle à la femelle durant la copulation. Ensuite, la compétence vectorielle dépend de la capacité du vecteur porteur de la FHCC à répliquer le virus dans les intestins, puis à le propager dans les différents tissus et à atteindre les concentrations les plus élevées dans les glandes salivaires et les organes sexuels. Par ailleurs, il existe la transmission horizontale qui se manifeste par deux voies : une tique infectée pique un animal et transmet le virus, ou une tique naïve pique un mammifère en virémie et, par conséquent, devient infectée. Cependant, il existe également une transmission entre tiques par co-alimentation sur la même hôte non virémique (Bente et al., 2013).

Les tiques de genre *Hyalomma* semblent nécessaires pour que le virus circule dans l'environnement. Pourtant, d'autres genres de tiques peuvent être porteuses du virus, mais seules les tiques *Hyalomma* semblent maintenir son cycle naturel. En outre, ce qui renforce cette information, c'est qu'il existe une relation entre la distribution géographique de la maladie et la présence des tiques du genre *Hyalomma* (Gargili et al., 2017). Il n'existe cependant pas d'explication scientifique claire de pourquoi les tiques du genre *Hyalomma* sont les principaux vecteurs de la maladie. D'après une classification basée sur les données, le taux d'infection et l'observation de plus de 30 espèces, les 15 espèces dont il a été démontré qu'elles sont vectrices du virus de la FHCC sont : *H. marginatum*, *A. variegatum*, *H. aegyptium*, *H. anatolicum*, *H. asiaticum*, *H. asiaticum kozlovi*, *H. detritum*, *H. dromedarii*, *H. excavatum*, *H. impeltatum*, *H. rufipes*, *H. schulzei*, *H. truncatum*, *H. turanicum* and *R. bursa*. D'autre part, 16 espèces ont été démontrées comme étant de potentielles vectrices du virus de la FHCC : *D. marginatus*, *D. nuttalli*, *Haemaphysalis concinna*, *Ha. inermis*, *Ha. parva*, *Ha. punctata*, *Ha. sulcata*, *I. ricinus*, *R. annulatus*, *R. appendiculatus*, *R. decoloratus*, *R. evertsi*, *R. geigy*, *R. guilhoni*, *R. sanguineus*, and *R. turanicus* (Celina et al., 2025).

Pourtant, une étude plus récente en Espagne, dans une zone où un patient a été piqué par une tique infectée, montre l'absence de l'espèce *Hyalomma* et détecte une prévalence de FHCC de 12 % chez les tiques collectées. Ces espèces comprennent *I. ricinus*, *R. sanguineus* et *D. marginatus* (Cuadrado-Matías et al., 2024), suggérant potentiellement, que ce n'est pas seulement les tiques du genre *Hyalomma* qui sont vectrices du virus.

Bien que peu d'études mentionnent les tiques molles, il est confirmé que certaines espèces, en particulier *A. persicus*, *A. reflexus* et *O. lahorensis*, de la famille des Argasidae, ont été infectées par le virus de la FHCC (Celina et al., 2025). Une étude dans la province de Hamadan, en Iran, a détecté le virus chez deux tiques du type *A. reflexus*, soulignant que, même si ce type de tique infeste plutôt les pigeons et occasionnellement les mammifères, il peut être à l'origine d'un foyer d'infection en raison de la survie de la tique et de la persistance du virus à long terme (Tahmasebi et al., 2010). Gargili et al., s'opposent à cette idée et suggèrent que la présence du virus dans ce type de tique est probablement due à une contamination de la cavité buccale par le virus ou à une infection du repas sanguin. En conséquence, la persistance du virus par les tiques de la famille des Argasidae dans l'environnement est moins probable. En effet, des expériences sur les tiques Argasidae montrent qu'après l'inoculation du virus, ce dernier n'est pas détecté un jour plus tard, contrairement aux tiques Ixodidae, chez lesquelles le virus persiste même après la mue (Gargili et al., 2017).

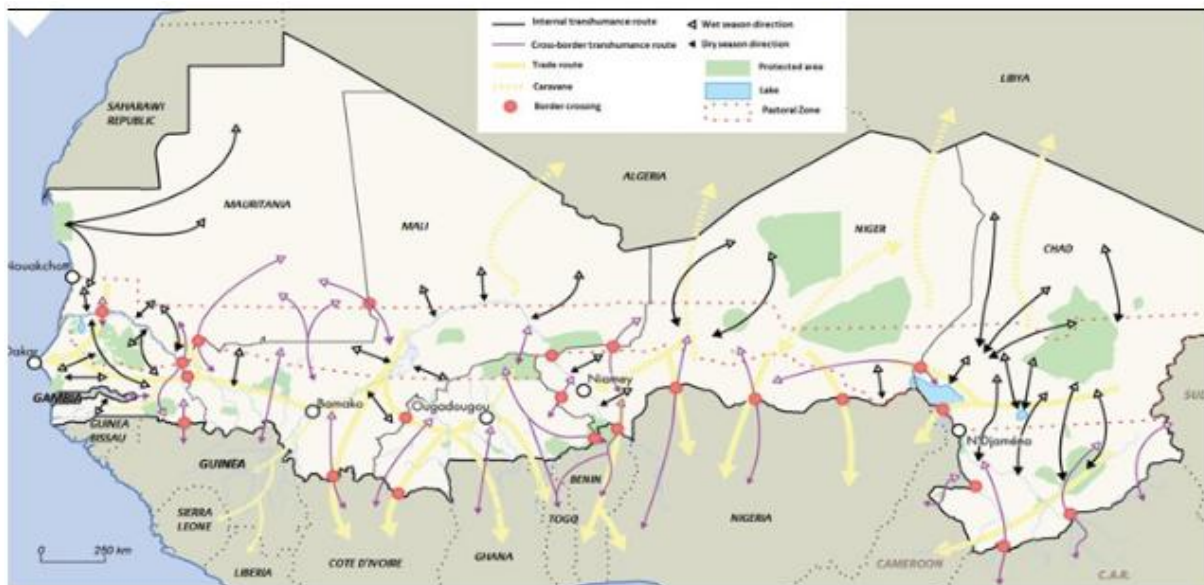
### I.3. Rôle de l'élevage bovin dans l'épidémiologie de la fièvre hémorragique de Crimée Congo

#### I.3.1. Systèmes et pratiques d'élevage bovin en Guinée et en Afrique de l'ouest – ruminant

Le système rependu en en Afrique de l'ouest est le système pastoral, qui existe en Afrique de l'Ouest pour différents types de bétail. Ils se caractérisent par un élevage en plein air (*The role of livestock in food security, poverty reduction and wealth creation in West Africa*, 2020). Ce type de production est principalement dû au climat, qui est aggravé par le changement climatique provoquant des difficultés d'accès à l'eau et des pénuries de nourriture. ("Stratégie de développement du secteur de l'élevage en Afrique," n.d.). Les sous types sont :

Le sous-système de pastoralisme transhumant se caractérise par des mouvements cycliques des animaux et de leurs éleveurs sur des distances courtes ou longues.

Les trajets des transhumants en Afrique de l'Ouest, durant la saison des pluies (de juin à septembre), de la Guinée vers le nord : Burkina Faso, Mali et Niger, où la pâture est disponible depuis le sud. En revanche, durant la saison sèche (d'octobre à mai), vers le sud : Bénin, Ghana, Guinée, Togo depuis le nord notamment Mali, où les résidus de cultures et les pâtures inondées sont présents. Il a été identifié en Afrique de l'ouest sur 22 routes, dont 16 sont transfrontalières. Enfin, une exportation début Guinée existe au pays alentours notamment Sierra Leone et Cote d'Ivoire. (*The role of livestock in food security, poverty reduction and wealth creation in West Africa*, 2020).



**Figure 2:** Transhumance : intra national et transfrontalière en fonction de la saison et les routes commerciaux en Afrique de l'ouest (*The role of livestock in food security, poverty reduction and wealth creation in West Africa, 2020.*)

Ensuite, Le nomadisme est adopté dans les régions où la pluviométrie est faible ou irrégulière ; le territoire parcouru est alors immense pour la recherche de l'eau et de meilleures pâtures. (*The role of livestock in food security, poverty reduction and wealth creation in West Africa, 2020.*)

### 1.3.2. Données de prévalence et séroprévalence de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez les bovins et les petits ruminants en Afrique

Dans les pays endémiques présentant des cas humains confirmés, il y avait concordance entre les séroprévalences humaines et bovines (Rudoler et al., 2025). La méthode de détection la plus adaptée pour les réservoirs est la sérologie, car les anticorps sont conservés pendant plusieurs années, alors que la virémie chez bovins et petits ruminants ne dure que 7 à 15 jours. Donc, pour détecter précocement la circulation du virus dans une zone, notamment lors de la surveillance, la sérologie reste la méthode idéale (Bernard et al., 2025; Celina et al., 2025). Plusieurs enquêtes ont été menées pour déterminer la séroprévalence chez les bovins et les petits ruminants dans les pays endémiques (voir **tableau 1**). La séroprévalence varie entre espèces dans un même pays avec des valeurs généralement plus fortes chez les bovins que les petits ruminants. Pour une même espèce, elle varie aussi beaucoup d'un pays à l'autre (par exemple de 7,0 à 98,2 % pour les bovins) et dans un même pays (par exemple de 10% à 98% chez les bovins au Cameroun).

**Tableau 1** : Les séroprévalence de la FHCC des bétails en Afrique

| Région             | Pays       | Espèce           | Séroprévalence (%) | Référence                                                    |
|--------------------|------------|------------------|--------------------|--------------------------------------------------------------|
| Afrique de l'Ouest | Sénégal    | Bovins           | 57%                | (Mangombi et al., 2020)                                      |
|                    |            | Bovins           | 80%                | (Ngom et al., 2024).                                         |
|                    |            | Petits ruminants | 9–45%              | (Mhamadi et al., 2022; Ngom et al., 2024; Sene et al., 2024) |
|                    | Bénin      | Bovins           | 42%                | (Yessinou et al., 2025)                                      |
|                    | Mauritanie | Bovins           | 69%                | (A. Schulz et al., 2021)                                     |
|                    |            | Petits ruminants | 15–16%             |                                                              |
|                    | Gambie     | Bovins           | 60%                | (Matthews et al., 2023)                                      |
|                    |            | Petits ruminants | 9-19%              |                                                              |
| Afrique de l'Est   | Kenya      | Bovins           | 62%                | (Mukhayе et al., 2024)                                       |
|                    |            | Petits ruminants | 9–11%              |                                                              |
|                    |            | Bovins           | 31%                |                                                              |
|                    | Soudan     | Bovins           | 7%                 | (Adam et al., 2013)                                          |
|                    | Tanzanie   | Bovins           | 50%                | (Hughes et al., 2024)                                        |
|                    |            | Petits ruminants | 28–34%             |                                                              |
| Afrique Centrale   | Cameroun   | Ouganda          | 75%                | (Balinandi et al., 2021)                                     |
|                    |            | Bovins           | 98%                | (Simo Tchétgna et al., 2023)                                 |
|                    |            | Petits ruminants | 6–16%              |                                                              |
|                    |            | Bovins           | 10%                | (Gasparine et al., 2025)                                     |
|                    |            | Caprins          | 3%                 |                                                              |

### I.3.3. Facteurs de risques associés à la prévalence de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez les bovins et les petits ruminants

Les études menées en Afrique mettent en évidence des facteurs influençant la séroprévalence. La plupart des auteurs observent que les bovins plus âgés présentent une séroprévalence plus élevée que celle des jeunes (Daodu et al., 2025; Mangombi et al., 2020; Mukhayе et al., 2024; Naidenova et al., 2020; Ngom et al., 2024; A. Schulz et al., 2021; Yessinou et al., 2025). Une hypothèse qui peut expliquer cela est l'augmentation de la probabilité d'être en contact avec une tique infectée avec l'âge, d'où un effet additif, mais la durée de persistance des anticorps reste inconnue et une exposition additive due à l'âge reste incertaine (Gasparine et al., 2025; Ansgar Schulz et al., 2021).

Concernant le sexe, plusieurs études observent une différence. Certaines précisent que les femelles présentent une séroprévalence plus élevée que les mâles (Daodu et al., 2025; Mangombi et al., 2020; Matthews et al., 2023; Ngom et al., 2024; Yessinou et al., 2025). Une hypothèse qui pourrait expliquer le différence est que les femelles sont plus exposées à des tiques (Matthews et al., 2023). Alternativement, la résistance chez les femelles peut être diminuée due au stress de la lactation et la gestation (Rehman et al., 2017). Cependant, Schulz et al. n'a pas trouvé d'effet du sexe sur la

séroprévalence (A. Schulz et al., 2021). Par ailleurs, certaines études soulignent que les bovins présentent une séroprévalence plus élevée que celle des petits ruminants (Matthews et al., 2023; Ngom et al., 2024). La préférence des tiques *Hyalomma* et *Amblyomma* pour les animaux de grande taille pourrait expliquer cette différence et par conséquent suggère que les bovins constituent l'hôte amplificateur majeur du virus de la FHCC (Daodu et al., 2024).

D'autres auteurs ont constaté une influence de la présence et de l'infestation par les tiques sur la séroprévalence (Daodu et al., 2025; Ngom et al., 2024), alors que d'autres ne l'ont pas observée (Mangombi et al., 2020). De même, une différence de séroprévalence entre race pure et croisées due à la prédisposition de la résistance au tiques: dans une étude la race locale pure était plus résistante aux tiques et en conséquence avaient une exposition 37 fois moins que les races croisées (Adam et al., 2013). Enfin, deux études au Nigéria signalent une augmentation de la séroprévalence pendant la saison sèche par rapport à la saison des pluies. Cette observation pourrait être expliquée l'abondance des tiques vectrices de la FHCC due à l'influence des facteurs environnementaux tels que l'humidité, la température et les précipitations (Daodu et al., 2025, 2024), ainsi qu'une hausse de la séroprévalence proportionnelle aux mouvements du troupeau (nomades > semi-nomadique > sédentaire) suggérant une exposition plus forte au virus (Yessinou et al., 2025). Enfin, une étude a montré que la différence de séroprévalence était clairement distincte entre les bovins pastoraux et les vaches laitières : elle atteint 56 % chez les bovins pastoraux, contre seulement 6 % chez les vaches laitières. Cette différence marquée s'explique par le fait que les vaches laitières, principalement logées, sont beaucoup moins exposées aux tiques que les bovins pastoraux, qui pâturent plus souvent (González Gordon et al., 2022).

#### I.3.4. Prévalence du virus chez différentes espèces de tiques en Afrique

Plusieurs études ont été réalisées sur des tiques individuelles ou regroupées en lots (« pools ») pour détecter le virus par des analyses par reverse transcription polymérase chain reaction (RT-qPCR). Au Ghana, dans les régions de l'Est et du Grand Accra, la prévalence des tiques pour le virus de la FHCC était égale à 0,6 % (3/705) ; les trois tiques positives étaient des espèces suivantes : deux *H. truncatum*, *A. variegatum* et *H. rufipes* (Bentil et al., 2023). Une autre étude menée dans un abattoir au Ghana a montré une prévalence de 5.15 % de lots positifs parmi de tiques collectées sur des bovins (Akuffo et al., 2016).

Dans l'est du Sénégal, un lot de quatre tiques de l'espèce *H. marginatum rufipes* analysés sur 16 lots de tiques était positif (Sene et al., 2024). Une autre étude au nord du Sénégal a montré trois lots positifs sur 808 chez des ovins, deux lots composés de l'espèces *R. evertsi* et un autre de l'espèce: *R. guilhoni* (Mhamadi et al., 2022). Tandis que cinq de 319 lots collectés chez le bétail a été confirmée positive dans le nord du Sénégal, impliquant des espèces différentes de celles de l'étude précédente, et comprenant deux lots de *H. impeltatum* et un lot de *H. rufipes* chez les ovins, et deux lots de *H. impeltatum* chez les bovins (Ngom et al., 2024). Enfin, une étude menée dans trois zones différentes du Sénégal a trouvé six de 1709 de lots positifs chez le bétail. Chez les ovins, les lots positifs étaient : un de *H. rufipes* et deux de *H. impeltatum*; chez les bovins : deux de *H. impeltatum* et un de *H. rufipes* ; et chez les caprins, tous les pools étaient négatifs (Khoule et al., 2025).

Une étude sur les tiques du genre *Hyalomma* chez les bovins, exclusivement menée en Mauritanie, a mis en évidence une prévalence de 3.72 % pour *H. dromadarji*, 21.43 % pour *H. rufipes*, et tous les tiques d'espèce *H. impeltatum* étaient négatifs (A. Schulz et al., 2021).

Finalement, en Guinée, les analyses des pools de tiques collectées de plusieurs espèces ont montré les prévalences suivantes : 3.1 % pour *A. variegatum*, 5.6 % pour *R. annulatus*, 5.1 % pour *R. geigy*, 1.8 % pour *R. decoloratus* et 10.0 % pour *R. sanguineus* (Naidenova et al., 2020).



### I.3.5. Facteurs environnementaux associées à la prévalence de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo

Les prairies, les sols nus et les zones arbustives constituent un habitat favorable pour les *Hyalomma*. De même, dans les zones arides et semi-arides où l'élevage extensif existe, la présence de bétail, qui est l'hôte des tiques, et la présence de rongeurs, qui maintiennent le cycle de vie des tiques, favorisent la circulation du virus de la FHCC. En revanche, le risque de FHCC est plus faible dans les zones forestière (Ilboudo et al., 2025). La migration des oiseaux qui transporte les tiques, le commerce illégal de la faune sauvage et le transport du bétail aident à la propagation du virus (Lorenzo Juanes et al., 2023).

Les infections par le virus de la FHCC apparaissent lors de l'abondance des vecteurs, qui dépend de facteurs climatiques spécifiques. (Lorenzo Juanes et al., 2023): l'augmentation des précipitations, l'élévation de la pente des terrains et l'augmentation de la température moyenne sont associées à des risques d'épidémie plus faibles. (Ebert and Becker, 2025). Par exemple, au Sénégal, l'humidité et les longues périodes de faibles précipitations étaient des facteurs associés à l'augmentation de la FHCC. En Turquie, au Sénégal et en Iran, l'indicateur du virus était la température élevée (Messina et al., 2015). Mais des différences de phénologie des tiques peuvent être observées entre les régions, et même entre des fermes d'une même région, en raison de facteurs abiotiques et de différences de microclimat (Gharbi and Aziz Darghouth, 2014).

## Hypothèses et Objectifs

Des résultats préliminaires de l'institut Pasteur de Guinée montrant une très forte prévalence des anticorps anti-CCHF chez les bovins, ovins et caprins en 2018 suggèrent une haute circulation du virus.

**Notre objectif scientifique** est de cartographier cette circulation du CCHF en évaluant la séroprévalence chez le bétail, la présence du virus chez les tiques et la densité de ces dernières dans le pays afin d'identifier les facteurs environnementaux pouvant expliquer leur répartition.

**Les hypothèses de travail** sont les suivantes :

- La séroprévalence est associée à l'échelle de la préfecture à des variables climatiques et topographiques : température (effet +), pluviométrie (effet -), altitude (effet -).
- La prévalence est plus forte dans les tiques vectrices du genre *Hyalomma*. La prévalence du virus dans les tiques doit être de l'ordre de 3% en accord avec la littérature (Naidenova et al., 2020)
- Les facteurs individuels des bovins devaient être pris en compte comme variables confondantes. En particulier : i) la séroprévalence des bovins augmente avec l'âge des animaux et dépend du système d'élevage (nomade > semi-nomade), ii) les mâles sont plus séropositifs (effet négatif de la testostérone sur l'immunité, effet toutefois potentiellement modulé par le type d'élevage), et iii) la pratique de traitement préventif contre les ectoparasites à l'ivermectine peut diminuer le portage.

**Pour répondre à notre objectif scientifique, notre objectif technique** était d'obtenir une diversité d'échantillons de sang et de tiques d'environ 200 bovins représentatifs de différentes régions de

Guinée, garantissant ainsi la pertinence des résultats à l'échelle nationale et une bonne représentation régionale tout en limitant les déplacements hors de Conakry.

## **PARTIE II : MATÉRIEL ET MÉTHODE**

### **II.1. Site d'étude et échantillonnage.**

L'échantillonnage a été effectué à l'abattoir de Kakimbo à Conakry, dans la commune de Ratoma. Le choix de cet abattoir s'explique par le flux d'animaux provenant de plusieurs régions de Guinée et des pays frontaliers et par sa proximité à l'Institut Pasteur de Guinée facilitant ainsi la logistique. À leur arrivée à l'abattoir, les animaux peuvent rester jusqu'à quatre jours dans des enclos avant leur mise à mort. Les prélèvements étaient effectués sur ces animaux en veillant à la diversité des origines des animaux et après accord du propriétaire.

Les échantillons à prélever sur chaque animal comprenaient un tube de 5 ml de sang total par ponction veineuse, des matières fécales par écouvillonnage rectal, et les tiques présentes dans un tube Falcon de 15 ml. Le jour même du prélèvement, après centrifugation du tube sec de 5 ml de sang total à une vitesse de 8000 rpm pendant 10 minutes, le sérum a été conservé à 20°C. La récolte de toutes les tiques sur l'animal prévue initialement s'est avérée difficile en pratique sur le terrain du fait de l'agressivité des animaux, de la contention brève et compliquée, et du grand nombre de tiques sur certains animaux. Il a donc été décidé de collecter le maximum de tiques possible sur chaque animal. Tous les prélèvements ont été effectués en portant des équipements de protection personnel adaptés (blouse, gants).

### **II.2. Collecte des données, questionnaire et traçabilité des bovins à l'abattoir de Conakry**

Pour la collecte de données l'abattoir, un questionnaire a été élaboré sur KoboToolbox (<https://kf.kobotoolbox.org/>) et déployé via l'application mobile. Ce questionnaire débute par l'identifiant de l'animal. Ensuite, venaient les questions suivantes portant sur les facteurs qui étaient potentiellement associés à l'exposition au virus par le bétail dans leur étude. Les questions portaient sur l'anamnèse de l'animal : l'espèce, la race, l'âge et l'origine géographique (région et préfecture/sous-préfecture). L'âge était estimé à partir du développement des cornes avec les anneaux présents. La région était très pertinente, non seulement comme facteur d'analyse de l'exposition, mais aussi pour l'origine de certaines espèces de tiques. La seconde partie visait à savoir le type d'élevage, les déplacements à l'étranger (avec précision du pays) et l'application d'un traitement préventif contre les ectoparasites dans les six derniers mois. Enfin, la dernière partie concernait la confirmation des prélèvements de sang et de matières fécales pour notre propre validation, ainsi que le décompte total des tiques prélevées et leur répartition par région corporelle (tête, jambe, anus, région ventrale et reste du corps) pour mieux comprendre la préférence de site de piqûres de chaque espèce de tiques.

## II.3. Analyses de laboratoire

### II.3.1. Analyses sérologiques

La séroprévalence chez les bovins a été évaluée par une sérologie Enzyme-Linked Immunosorbent Assay (ELISA), employant le kit ID Screen 'CCHF Double Antigen Multi-species' (IDScreen; IDvet, Grables, France). Ce test permet de détecter les anticorps contre la FHCC chez les bovins, les caprins, les ovins et les humains.

La méthode repose sur la détection d'anticorps viraux. La présence de la nucléoprotéine virale dans les puits permet la formation d'un complexe anticorps-antigène en cas de présence d'anticorps (Sas et al., 2018).

Le protocole débute par l'ajout de 30 µl de sérum (échantillon à tester, et contrôle positif ou négatif inclus dans le kit commercial) dans chaque puits, avec 50 µl de Buffer 14. La plaque est ensuite couverte et incubée pendant  $45 \pm 4$  minutes à  $21 \pm 5$  °C. Après un lavage de 300 µl de solution tampon par puits, répété cinq fois, 50 µl de conjugué  $\times 1$  sont ajoutés qui doit se lier au fragment Fab en cas présence des anticorps. Une incubation de  $30 \pm 3$  minutes à  $21 \pm 5$  °C, plaque couverte, suit. Une coloration bleue de la solution dans le puits indique la présence d'anticorps à ce stade. Une seconde série de lavages de 300 µl de solution tampon par puits, répétée cinq fois, précède l'ajout de 100 µl de solution de substrat dans chaque puits. La plaque est ensuite incubée pendant  $15 \pm 2$  minutes à  $21 \pm 5$  °C dans une chambre noire. Finalement, 100 µl de solution Stop sont ajoutés dans chaque puits pour stopper la réaction et voir la coloration des solutions au jaune avant lecture au spectromètre à 450 nm (Sas et al., 2018).

Le kit a démontré une spécificité de 100 % et une sensibilité de 99 % pour la détection du virus de la FHCC (Sas et al., 2018). Les échantillons positifs présentant une densité optique proche du seuil et les résultats négatifs ont été soumis à une seconde ELISA avec une dilution au 1/10 pour validation.

### II.3.2. Identification morphologique et sélection des tiques collectées

Du retour du terrain, les tiques collectées sur un bovin étaient réunies dans un tube propre unique, stockées à +4 °C pendant quelques heures, puis à -27 °C jusqu'à la manipulation. Chaque tique a été morphologiquement identifiée à l'aide d'une loupe binoculaire et d'un guide d'identification (Walker and Bouattour, n.d.) en respectant la chaîne du froid. Elle était ensuite stockée dans son propre tube et identifiée en fonction du numéro du bovin sous la forme BVxxTIQyy, où xx représente l'identifiant du bovin (le numéro du bovin par ordre (01 à 120) et yy le numéro d'ordre de la tique prélevée sur cet animal. Pour chaque tique, les critères d'identification, le sexe, le stade et les caractères morphologiques ont été notés sur une fiche d'identification (**annexe 1**). L'ensemble de ces données a permis de conclure au genre et à l'espèce de la tique. En cas de doute sur le genre ou l'espèce, la tique était mise à part pour un traitement ultérieur et une identification par biologie moléculaire.

Pour la recherche du virus de la FHCC dans les tiques, nous étions limités par le temps et les moyens à disposition. Plutôt que de faire un test sur un broyat de plusieurs tiques, nous avons choisie de faire une sélection. Sur chaque bovin, une tique mâle et une tique femelle, a priori non gorgées, de chaque espèce ont été sélectionnées. La sélection de tiques adultes visait à avoir plus de chances de détecter le virus, étant donné qu'a priori les nymphes qui n'ont pas eu leur repas précédent des bovins et ont vécu moins longtemps que les adultes et ont donc eu moins de chances d'exposition au virus. et qu'il y

a potentiellement plus d'ARN de virus dans les adultes. Le critère de la tique non gorgée permet d'avoir moins de contamination de l'ADN de l'hôte et afin d'augmenter la possibilité de détection du virus. Enfin, toutes les tiques du genre *Hyalomma* ont retenues pour les analyses ultérieures car cette espèce est reconnue comme étant le vecteur principal du virus de la FHCC. En total 294 tiques ont été sélectionnées pour les analyses ultérieures.

### II.3.3. Traitement des tiques

Les 294 tiques issues de la sélection précédente ont été conditionnées en laboratoire de haute sécurité de niveau 3 (P3) en vue de tests futurs. Le protocole de traitement impliquait un lavage de chaque tique dans son propre tube avec de l'eau stérile, une ou plusieurs fois jusqu'à nettoyage des tiques de tous les débris jusqu'à l'eau devient clair. Par la suite, deux passages ont été effectués dans le milieu de culture (contenant du milieu L-15, 20 % de sérum fœtal bovin, 50 µg/ml de gentamicine et 1 µg/ml d'amphotéricine B).

Dans chaque tube contenant une tique, 500 µl de milieu de culture et une bille métallique (5 mm, REF 69989, Allemagne) ont été ajoutés. Les tiques ont ensuite été broyées pendant 2 minutes à 30 Hz/s à l'aide de l'homogénéiseur Bead Mill 24 (Fisherbrand, Massachusetts, États-Unis). Après broyage, 500 µl supplémentaires de milieu de culture ont été ajoutés, et les tubes étaient centrifugés 10 minutes à 10 000 tours/minute à 4 °C.

Le surnageant est ensuite récupéré pour l'extraction d'ARN/ADN. Bien qu'un filtre de 22 µm ait été envisagé pour éliminer les débris cellulaires et de chitine, le volume perdu a conduit à une récupération directe du surnageant par pipette, qui semblait dépourvu de débris. Le filtrat/surnageant était enfin stocké à -80 °C en vue des analyses ultérieures.

### II.2.4. Extraction de l'ADN et l'ARN

Le kit QIAamp, RNA easy a été utilisé pour extraire l'ARN de tous les échantillons. La lyse initiale a été réalisée sur 140 µL de filtrat de tique en suivant le protocole du kit : une incubation pour 10 minutes avec 580 µL de tampon AVL et d'ARN carrier avec, suivie de l'ajout de 560 µL d'éthanol à 96 % pour obtenir le lysat. La purification du lysat et la fixation du matériel génétique ont ensuite été réalisées grâce aux mini-colonnes QIAamp et avec des lavages utilisant les tampons AW1 et AW2. La troisième étape consistait en l'élution, permettant de récupérer 50 µL de matériel génétique. Les extraits ont été stockés à -27 °C jusqu'à leur utilisation.

Pour extraire l'ADN un prétraitement avec 20 µL de protéinase K (Macherey- GmbH & Co. KG, Düren, Allemagne) par échantillon durant la lyse initial de l'extraction de l'ARN.

### II.2.5. Contrôle de la qualité d'extraction par qPCR ciblant le gène 16S

L'extraction d'ADN de tiques est reconnue comme problématique dans la littérature, principalement à cause de la dégradation de l'ADN et de la présence d'inhibiteurs de la Taq polymérase, qu'elles soient gorgées ou non. Cela peut limiter la détection du virus et l'amplification d'autres gènes. Un contrôle de l'extraction d'ADN et d'ARN à partir des tiques a été effectué sur les 294 extraits par quantitative polymerase chain reaction (qPCR) du gène mitochondrial 16S ARNr (ADN ribosomal [ADNr])(Gondard et al., 2020; Halos et al., 2004). Les amorces F (FAAATACTCTAGGGATAACAGCGT) et R

(TCTTCATCAAACAAGTATCCTAATC), ainsi que la sonde FAM-CAACATCGAGGTCGCAAACCATTTTGTCTA-BHQ1, mises au point par Gondard et al. (2020) ont été utilisées. Un mélange de 5 µl de chaque extrait de tique ou d'un témoin négatif a été ajouté au mélange de 15 µl de toutes les amorces, l'eau distillée et au 1-Step RT-PCR Polymerase Mix (MOLBIOL, Allemagne). Le processus thermique débute par une étape de pré-incubation de 3 minutes à 95 °C, suivie de 40 cycles d'amplification incluant une dénaturation de 15 secondes à 95 °C et une hybridation/élongation de 30 secondes à 60 °C. Les échantillons montrant une amplification positive ont été jugés aptes aux analyses ultérieures, confirmant une extraction adéquate.

## II.2.6. Détection du virus de la fièvre hémorragique de Crimée Congo dans les tiques

Une RT-qPCR a été effectuée sur les 294 extraits de tiques. Les régions ciblées par les amorces par RT-qPCR sont des fragments du segment S permettant la détection des six génotypes : I, II, III, IV, V et VI. Chaque génotype du virus a ses propres amorces et une amorce dégénérée pour détecter d'autres variantes non couvertes. Deux sondes portant un fluorophore rapporteur 6-carboxyfluorescéine (FAM) en 5' et un quencher Black Hole Quencher 1 (BHQ1) ont été ajoutées pour diminuer la variabilité intra-essai (**Tableau 2**) (Sas et al., 2018). Pour préparer le mélange, 5 µl de l'extrait de tiques, le témoin négatif ou le témoin positif sont ajoutés à 15 µl de mix de toutes les amorces mentionnées précédemment, d'eau distillée et le 1-step RT-PCR polymerase Mix (MOLBIOL, Allemagne). Le processus thermique débute par une transcription inverse qui est réalisée à 55 °C pendant 3 minutes afin de transformer l'ARN en ADN complémentaire. S'ensuit une étape de pré-incubation de 3 minutes à 55 °C, puis une amplification de 45 cycles en deux étapes : la dénaturation qui s'effectue à 95 °C pendant une minute et l'hybridation/élongation pendant 30 secondes à 95 °C. Les échantillons montrant une amplification positive ont été jugés comme positifs pour le virus.

**Tableau 2** : Amorces et probes de FHCC spécifique pour la RT-qPCR (Sas et al., 2018).

| Amorces et sondes | Oligo sequence 5' – 3'       | Taille |
|-------------------|------------------------------|--------|
| FLI-CCHF-I-f      | CAAGAGGCACTAAAAAATGAAGAAGGC  | 28 nt  |
| FLI-CCHF-II-f     | CAAGGGGYACCAARAAAATGAAGAAGGC | 28 nt  |
| FLI-CCHF-III-f    | CAAGAGGTACCAAGAAAATGAAGAAGGC | 28 nt  |
| FLI-CCHF-IV-f     | CAAGGGGTACCAAGAAAATGAAGAARGC | 28 nt  |
| FLI-CCHF-V-f      | CAAGGGGGACCAARAAAATGAAAAAGGC | 28 nt  |
| FLI-CCHF-VI-f     | CAAGGGGCACCAAGAAAATGAAGAAAGC | 28 nt  |
| FLI-CCHF-deg-f    | CAAGGGGKACCAAGAAAATGAARAAGGC | 28 nt  |
| FLI-CCHF-I-r      | GCAACAGGGATGGTTCCAAAGCAAAC   | 26 nt  |
| FLI-CCHF-II-r     | GCYACRGGGATGGTTCCRAAGCAGAC   | 26 nt  |
| FLI-CCHF-III-r    | GCCACGGGGATTGTCCCAAAGCAGAC   | 26 nt  |
| FLI-CCHF-IV-r     | GCCACAGGGATTGTCCCAAAGCAGAC   | 26 nt  |
| FLI-CCHF-V-r      | GCAACAGGGATTGTCCCAAAGCAGAC   | 26 nt  |
| FLI-CCHF-VI-r     | GCTACAGGAATTGTCCCAAAGCAGAC   | 26 nt  |
| FLI-CCHF-deg-r    | GCMACAGGGATTGTGCCAAAGCAGAC   | 26 nt  |
| FLI-CCHF-probe-1  | ATCTACATGCACCCTGCYGTGYTGACA  | 27 nt  |
| FLI-CCHF-probe-2  | TTCTTCCCCCACTTCATTGGRGTGCTCA | 28 nt  |

### II.2.7. PCR classique du gène cytochrome oxydase subunit-I (COI) et séquençage

Pour confirmer l'identification des espèces de tiques, nous avons utilisé une polymerase chain reaction (PCR) ciblant le gène COI suivant le protocole de (Hornok et al., 2016) adapté, optimisé et validé par le CNR des Naïrovirus de l'Institut Pasteur.

Parmi 294 prélèvements de tiques, 94 ont été retenus pour cette phase. Ce choix a porté sur les tiques dont l'identification morphologique était incertaine, l'intégralité du genre *Hyalomma*, et des spécimens de chaque espèce avec représentation égale de toutes les origines des bovins, afin de contrôler l'identification morphologique. La quantité de réactifs disponible a restreint la sélection à 94 échantillons.

Pour le gène COI servant à l'identification des espèces de tiques, un fragment du gène de 710 paires de bases a été amplifié par une PCR standard avec les amorces LCO1490 (GGTCAACATCATAAAGATATTGG) et HCO2198 (TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA) (Hornok et al., 2016). Ce mélange d'amorces, de l'eau distillée et le mélange 1-step RT-PCR polymerase Mix (MOLBIOL, Allemagne) étaient combinés dans un volume de 15 µl, auquel étaient ajoutés 5 µl d'extrait de tique ou de témoin négatif. Le protocole thermique débutait par une dénaturation initiale à 95 °C pendant 3 minutes, suivie de 35 cycles d'amplification comprenant trois étapes : dénaturation à 95 °C pendant 30 secondes, hybridation à 50 °C pendant 60 secondes et élongation à 72 °C pendant 60 secondes, enfin, une extension finale à 72 °C pendant 10 minutes. Les amplicons ont été mis à migrer sur gel d'agarose à 1,5 % (100 volts, 45 minutes) et en utilisant le GelRed (Biotium, Fremont, États-unis) pour la visualisation des bandes.

### II.2.8. PCR classique du gène cytochrome B (Cyt b) et séquençage

Les 94 échantillons qui ont subi cette PCR sont les mêmes extraits sélectionnés pour la PCR de COI. Pour le gène Cyt b utilisé pour confirmer l'espèce sur laquelle les tiques ont pris leurs repas sanguins. La connaissance de l'hôte des vecteurs est indispensable pour la compréhension du cycle de transmission des maladies vectorielles (Che Lah et al., 2015) un fragment du gène de 1192 paires de bases a été amplifié par PCR standard avec les amorces L14724 (CGAAGCTTGATATGAAAAACCATCGTTG) et H15915 (AACTGCAGTCATCTC CGGTTTACAAGAC) (Irwin et al., 1991). Ce mélange d'amorces, de l'eau distillée et le mélange 1-step RT-PCR polymerase Mix (MOLBIOL, Allemagne) étaient combinés dans un volume de 15 µl, auquel étaient ajoutés 5 µl d'extrait de tique ou de témoin négatif. Le protocole thermique débutait par une dénaturation initiale réalisée à 95 °C pendant 3 minutes, suivie d'une amplification de 35 cycles composée de trois étapes : une dénaturation à 95 °C pendant 30 secondes, une hybridation à 60 °C pendant 30 secondes et une élongation à 72 °C pendant 60 secondes. Enfin, une étape d'élongation finale a été réalisée à 72 °C pendant 10 minutes. Les amplicons ont été migrés sur gel d'agarose à 1,5 % (100 volts, 45 minutes) et visualisés à l'aide de GelRed sous ultraviolets.

## II.3. Analyses des données

### II.3.1. Analyses spatiales

La cartographie a été réalisée sur le logiciel QGIS, version 4.0.1. La carte de la Guinée, divisée en l'ensemble des préfectures et indiquant les frontières, a été téléchargée à partir du site ([Guinea - Subnational Administrative Boundaries | Humanitarian Dataset | HDX](#)). La séroprévalence des bovins, le nombre d'échantillons de bovins et le nombre de tiques collectées ont été ajoutés dans la table attributaire en fonction de l'origine géographique pour enfin être présentés sur la carte de la Guinée.

### II.3.2. Analyses statistiques

Les données du questionnaire ont été importées depuis le site KoboToolbox dans Microsoft Excel, où les résultats des sérologies ont été ajoutés à un tableur. Toutes les fiches d'identification des tiques et les résultats des analyses de biologie moléculaire ont également été insérés. Des tableaux croisés dynamiques ont été établis afin d'obtenir la somme du nombre de bovins échantillonnés et la séroprévalence, en fonction des préfectures et des régions. De plus, les tableaux croisés ont été utilisés pour déterminer le nombre de tiques en fonction du genre, de l'espèce, du stade, du sexe et de l'état d'égorgement.

Les données sur la séroprévalence et les informations sur les bovins ont été nettoyées, puis formatées de manière optimale pour être exportées et traitées sur le logiciel RStudio. Pour les analyses statistiques, le logiciel RStudio a été utilisé, permettant d'abord de décrire les variables pertinentes de nos échantillons, pour ensuite étudier les liens potentiels entre les séropositivités et les facteurs (origine, race, sexe) ainsi que les variables environnementales susceptibles d'être des facteurs associés.

La représentativité du nombre d'échantillons de chaque région a été évaluée d'après un test Chi-square ( $\chi^2$ ) avec une simulation de 10 000 p-values, en comparant le nombre d'échantillons de chaque région au nombre attendu d'échantillons par rapport à la proportion du nombre total recensé de bovins dans chaque région. Ensuite, un calcul de l'analyse des résidus standardisés a été effectué. Les données de la population de référence proviennent du site de l'Institut national de la statistique (<https://www.stat-guinee.org/index.php/publications-ins/publications-annuelles>), et correspondent aux statistiques de 2022. La représentativité du sexe, de l'âge et de la race de nos échantillons a également été évaluée avec un test du  $\chi^2$ . Les données de la population de référence proviennent du site de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture des statistiques de la Guinée de 1985.

Pour déterminer les facteurs en relation avec la séropositivité chez les 116 bovins de la Guinée, une régression logistique a été effectuée. Les facteurs pris en considération pour la régression étaient la région, le sexe, la race et l'âge. De plus, un test du  $\chi^2$  a été utilisé pour évaluer l'association entre le sexe (mâle, mâle castré et femelle) et la séroprévalence pour la FHCC.

Pour identifier les facteurs écologiques en relation avec la séropositivité chez les 116 bovins de la Guinée, les variables environnementales retenues comme facteurs pour chaque préfecture sont les suivantes : la pluviométrie annuelle de 2025 en millimètres (mm ; produit CHIRPS v3 à 0,05 degré d'angle de résolution) de la référence et du site suivant : [CHIRPS: Rainfall Estimates from Rain Gauge and Satellite Observations | Climate Hazards Center - UC Santa Barbara](#) et (Funk et al., 2026), l'altitude moyenne en mètres (m ; produit Copernicus à 30 m de résolution) ([Copernicus DEM - Global and European Digital Elevation Model | Copernicus Data Space Ecosystem](#)), la température mensuelle moyenne maximale de 2025 en °C (correspondant à la moyenne la plus élevée des températures de

jour mensuelles) et la température nocturne mensuelle moyenne minimale de 2025 en °C (correspondant à la moyenne la plus faible des températures de nuit mensuelles) à partir des températures de surface de la NASA ([MODIS/Terra Land Surface Temperature/Emissivity Monthly L3 Global 0.05Deg CMG V061 | NASA Earthdata](#)). Toutes les variables étaient celles de 2025.

Enfin, une mesure du Kappa de Cohen a été effectuée pour évaluer la concordance entre l'identification morphologique des tiques et l'identification par biologie moléculaire. La comparaison a été effectuée entre les genres, puis entre les espèces.

### II.3.3. Arbre phylogénique

Une identification moléculaire a été réalisée en complément de l'identification morphologique de 94 tiques. L'assignation a été réalisée à partir des séquences du gène COI par la recherche de similarité de séquences à l'aide du site NCBI BLAST sur la base de données de séquences GenBank ainsi que par reconstruction phylogénétique. Ce gène, très largement utilisé pour de l'assignation spécifique (Dawnay et al., 2007; Huang et al., 2008), est celui pour lequel nous disposons du plus grand nombre de séquences de référence. Un arbre phylogénétique en maximum de vraisemblance (ML) a été calculé selon un modèle de substitution estimé dans le logiciel MEGA 12.1.2 (Kumar et al., 2024). Le critère d'information bayésien (BIC) a été utilisé pour déterminer le modèle d'évolution le plus approprié ; il s'agissait du modèle de Tamura-Nei (1993) avec une variation de taux distribuée gamma (+ $\gamma$ ) entre les sites (5 catégories ; paramètre = 3.1591) et une proportion de sites invariables (+I) de 58.38%. Les données manquantes, y compris les indels, ont été exclues de l'analyse aboutissant à un jeu de données final comprenant 426 positions. L'arbre a été soumis à 500 répliques de bootstrap pour tester sa topologie.

### II.4. Déclaration éthique

Notre étude a été menée avec l'autorisation de la Direction Nationale des Services vétérinaires, dépendante du Ministère de l'Élevage, de la mairie de la commune de Ratoma et de la Coopérative des bouchers de Ratoma en accord avec les lois en vigueur. Le transfert de matériel génétique depuis la Guinée vers la France a été fait en accord avec la réglementation en vigueur sur les données et le partage équitable des avantages qui en découle (protocole de Nagoya).

## PARTIE III : RÉSULTATS

### III.1. Exploration des données de prélèvements

Un total de 120 bovins ont été échantillonnés à l'abattoir de Kakimbo au cours de six jours de prélèvements du 7 au 23 avril 2026. Ces bovins provenaient de 13 préfectures représentant toutes les régions de Guinée, sauf de Conakry, la capitale, région majoritairement urbaine. Par ailleurs, sur les 120 bovins, 4 provenaient du Mali, pays frontalier de la Guinée (à ne pas confondre avec la préfecture guinéenne de Mali) (**Figure 1**). L'âge des animaux variait entre 2 et 14 ans, avec une moyenne de 7 ans et 4 mois et une médiane de 8 ans. Au total, nous avons eu 33 femelles, 87 mâles dont 21 castrés. La distribution de l'âge et du sexe sont présentées dans la **figure 3**.



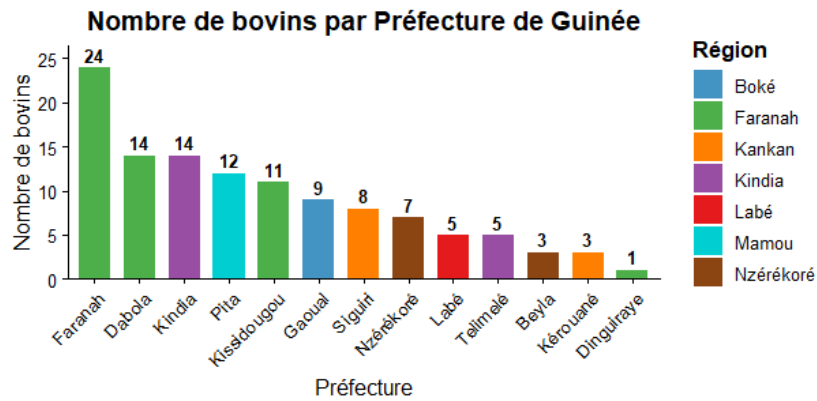


Figure 3: Distribution des échantillons selon les préfectures de chaque région d'origine.

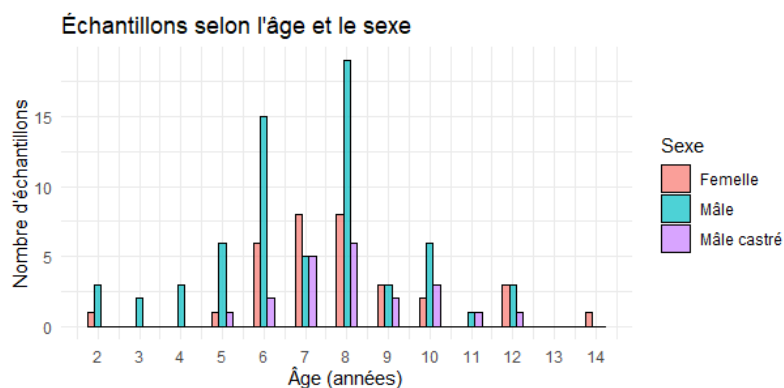


Figure 4 : Distribution des 120 échantillons selon l'âge et le sexe.

Concernant les questionnaires sur le savoir préventif des ectoparasites administrés durant les six derniers mois, comme nous étions face à des marchands et non à des éleveurs, nous n'avons pas pu obtenir de réponse. Cependant, en Guinée les éleveurs sont tenus légalement de traiter les animaux à l'ivermectine. Toutefois, la compliance à cette réglementation étant incertaine, cette partie a été négligée. Ensuite, pour le type de système d'élevage, la réponse était uniformément « extensive ». Ce facteur a donc aussi été négligé par la suite.

Les évaluations de la représentativité des échantillons a pris en compte tous les bovins échantillonnés sauf les bovins provenant du Mali, comme leur nombre est très petit (4) et que l'étude était focalisée prioritairement sur la Guinée. Les comparaisons de la séroprévalence ont été faites en fonction du nombre de bovins de chaque région, le sexe, l'âge et la race. Le seuil de significativité alpha était fixé sur  $\alpha = 0.05$ .

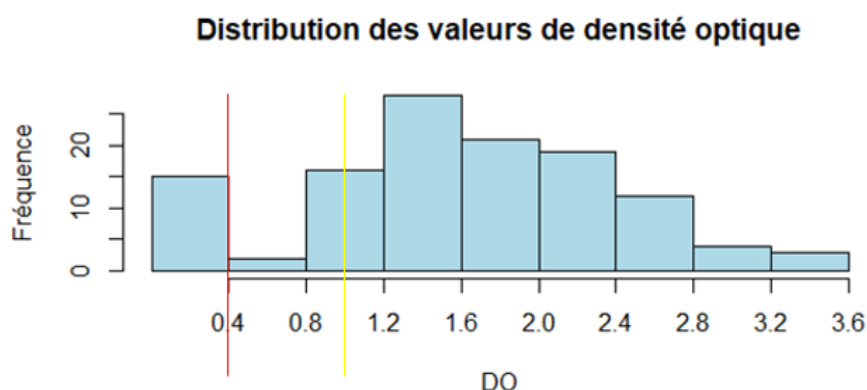
Le résultat montre une surreprésentation des régions de Faranah avec une surreprésentation sévère (résidu = 7.73), tandis que trois régions de la Guinée était légèrement à modérément sous représenter : Labé (résidu = -3,10), Boké (résidu = -2,87) et Kankan (résidu = -2,90). Enfin, Les régions de Kindia (résidu = +1.11), Nzérékoré (résidu = +1.61) et Mamou (résidu = +0.29) étaient bien représentées.

Le sexe, l'âge et la race de notre échantillon de bovins de Guinée n'étaient pas représentatives des proportions observées dans la population. Le test du Chisq<sup>2</sup> a montré une différence significative ( $p <$

0,001) pour le sexe, ainsi que pour l'âge ( $p < 0.001$ ) et la race avec ( $p = 0.0083$ ). À noter que les données de comparaison sur la répartition du sexe, l'âge et la race des bovins en Guinée proviennent d'une seule source en ligne : une référence de la FAO datant de 1985.

### III.2. Estimation de la séroprévalence du virus chez les bovins.

Selon le kit IDvet, un « cut-off », basé sur un calcul de la densité optique, est fixé à une densité optique (DO) d'environ 0,4. Ainsi, un échantillon inférieur à cette densité est considéré comme séronégatif et un échantillon supérieur est considéré comme séropositif. La distribution des DO des 120 échantillons est présentée dans la **figure 5** ci-dessous :



**Figure 5 :** Distribution des résultats de la DO des 120 échantillons provenant des bovins montrant le cut-off (en rouge) et notre seuil des résultats douteux (en jaune),

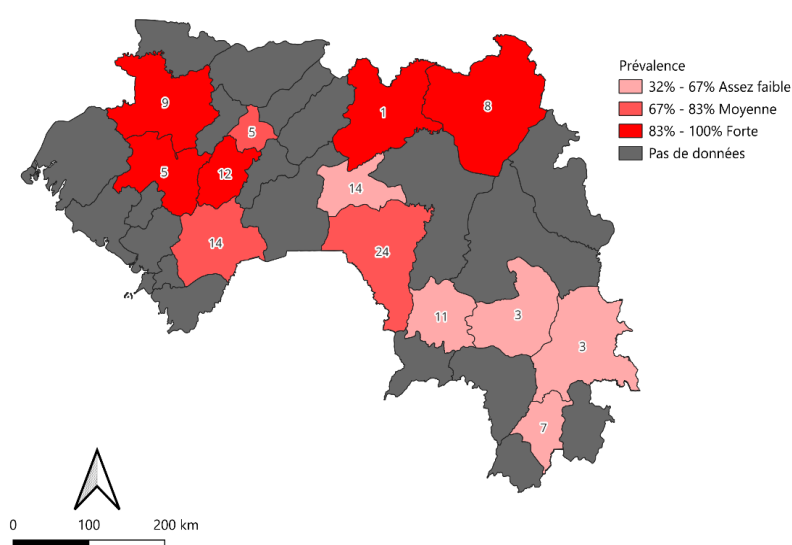
Quatre-vingt-douze échantillons avaient une DO supérieure à 1 et ont été considérés comme positifs. Un intervalle de DO compris entre 0,4 et 1 a été interprété par nous comme douteux et a été reconstrôlé avec une dilution. Douze des treize échantillons initialement considérés comme douteux se sont révélés négatifs après dilution, la dernière était positive.

En définitive, 93 bovins sur 120 ont été considérés comme séropositifs, soit une séroprévalence finale de 77,5 %. La séroprévalence de chaque origine est présentée dans le **tableau 3** ci-dessous et illustrée dans la **figure 6**.

**Tableau 3 :** Nombre de bovins échantillonnés et séroprévalence contre le virus de la FHCC en fonction du pays, de la région et de la préfecture.

| Région de Guinée ou pays | Préfecture  | Nombre d'échantillon | Cas positif | Séroprévalence |
|--------------------------|-------------|----------------------|-------------|----------------|
| <b>Mali (pays)</b>       | Non précisé | 4                    | 4           | 100%           |
| Boké                     | Gaoual      | 9                    | 9           | 100%           |
|                          | Dabola      | 14                   | 9           | 64,20%         |
|                          | Dinguiraye  | 1                    | 1           | 100%           |
|                          | Faranah     | 24                   | 18          | 75%            |

|              |             |            |           |              |
|--------------|-------------|------------|-----------|--------------|
|              | Kissidougou | 11         | 5         | 45,45%       |
| Kankan       | Kérouané    | 3          | 1         | 33,30%       |
|              | Siguiri     | 8          | 8         | 100%         |
| Kindia       | Kindia      | 14         | 13        | 92,80%       |
|              | Telimele    | 5          | 5         | 100%         |
| Labé         | Labé        | 5          | 4         | 80%          |
| Labé total   |             | 5          | 4         | 80%          |
| Mamou        | Pita        | 12         | 12        | 100%         |
| Nzérékoré    | Beyla       | 3          | 1         | 33,30%       |
|              | Nzérékoré   | 7          | 3         | 42,85%       |
| <b>Total</b> |             | <b>120</b> | <b>93</b> | <b>77,5%</b> |



*Figure 6 : Carte de la séroprévalence du virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez les bovins et le nombre d'échantillons par préfecture*

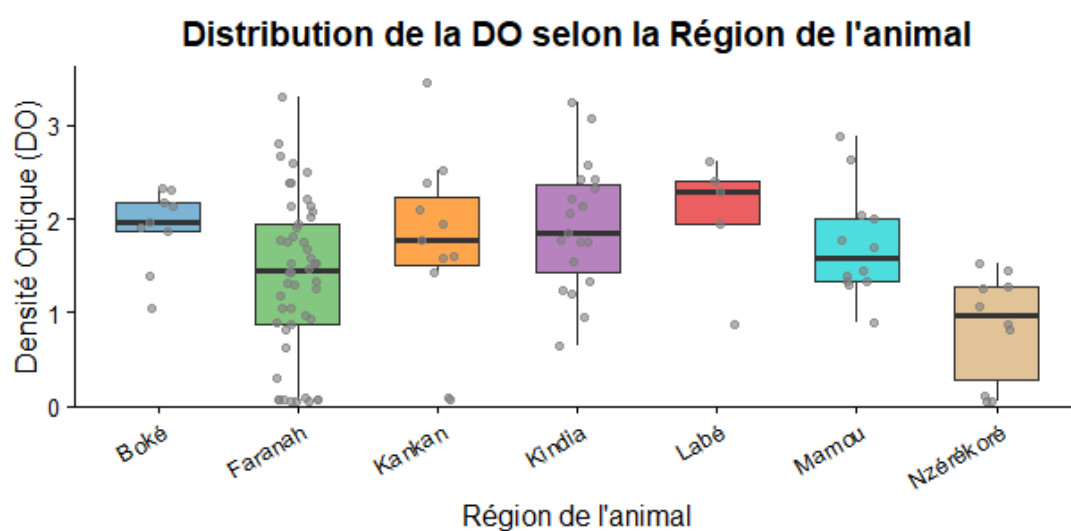
### III.3. Analyse des facteurs associés à l'infection bovine (âge, sexe, race et origine géographique)

Une sélection de modèles de régression logistique binomiale a montré que le meilleur modèle incluait le sexe et la région (AIC = 114,2). Le deuxième modèle incluait seulement la région (AIC = 115,9). Cependant, l'erreur standard étant très élevée, un deuxième type de régression a été effectué.

La régression logistique pénalisée de Firth, en prenant en compte le sexe et les régions, présentait un coefficient d'erreur raisonnable. Alors, un calcul de l'odds ratio (OR) a été effectué et a donné les résultats dans le **tableau 4** ci-dessous. La référence pour les régions était Boké et celle pour le sexe était Femelle. Il existe une différence significative de la séroprévalence des bovins de la région de Nzérékoré avec un OR = 0,045, ce qui indique une association négative de la séroprévalence à cette région (95 % de moins que Boké) et le sexe était non significative. La **figure 7** représente la distribution de la DO des bovins en fonction de chaque région.

**Tableau 4 :** les résultats de la régression logistique de séroprévalence en fonction des régions de la Guinée et le sexe des bovins.

| Région      | OR    | Intervalle de confiance 95% | P value   |
|-------------|-------|-----------------------------|-----------|
| Boké        | 1     |                             | Reference |
| Faranah     | 0.12  | [0.001 – 1.207]             | 0.077     |
| Kankan      | 0.29  | [0.002 – 4.614]             | 0.412     |
| Kindia      | 0.82  | [0.005 – 17.995]            | 0.905     |
| Labé        | 0.18  | [0.001 – 4.534]             | 0.303     |
| Mamou       | 1.64  | [0.008 – 325.0]             | 0.811     |
| Nzérékoré   | 0.045 | <b>[0.000 – 0.585]</b>      | 0.014     |
| Femelle     | 1     |                             | Reference |
| Mâle        | 0.463 | [0.146 – 1.331]             | 0.155     |
| Mâle castré | 2.402 | [0.402 – 25.652]            | 0.354     |



**Figure 7 :** La distribution des DO selon les régions des 116 bovins en Guinée.

L'association entre le sexe et la séroprévalence des 120 bovins a été évaluée avec le test du Chi<sup>2</sup>. Le résultat montre une association significative (**p = 0.040**). La **figure 8** représente la répartition des cas positifs et négatifs selon le sexe des 120 bovins. La **figure 9** représente la distribution de la DO en fonction du sexe des 120 bovins.

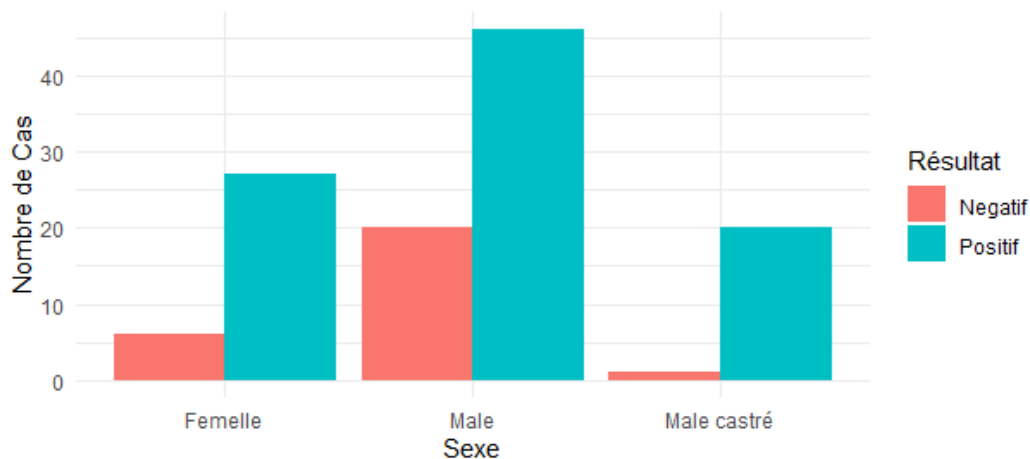


Figure 8: Répartition des cas positifs et négatifs selon le sexe des 120 bovins.

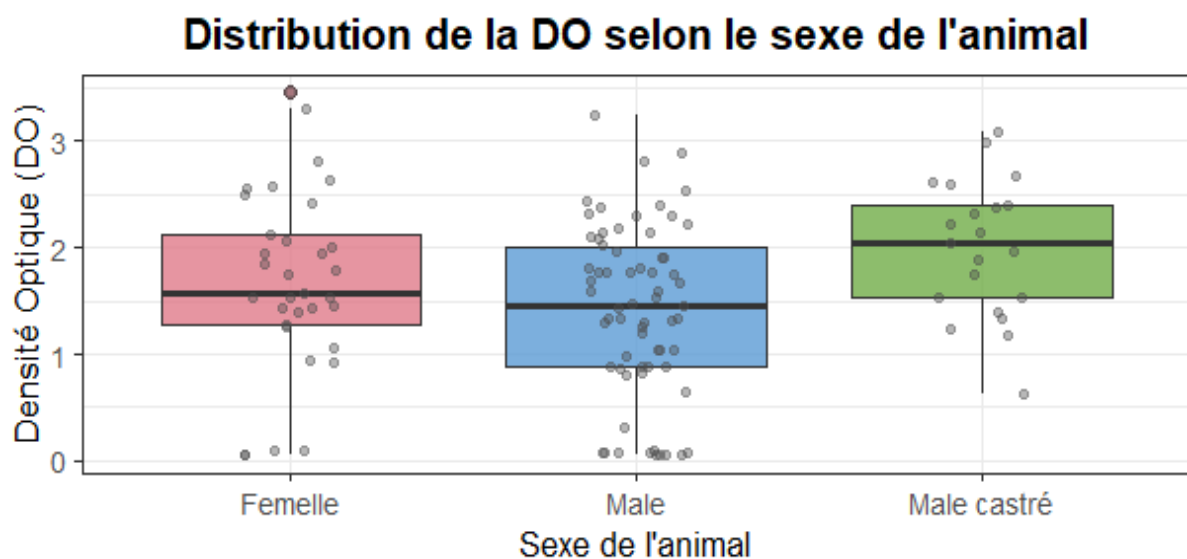


Figure 9: Distribution de la DO en fonction du sexe des 120 bovins

### III.4. Analyse des facteurs environnementaux et climatiques associés à la séropositivité des bovins.

Comme les régions étaient associées à la séroprévalence des bovins, il était pertinent de voir si cette influence était due aux facteurs climatiques. Une régression logistique binomiale avec sélection de modèles par AIC a montré que le modèle (AIC = 106,6 ; poids = 0,50) inclut l'altitude moyenne, la température maximale mensuelle moyenne et la température minimale nocturne mensuelle moyenne,

Les résultats des OR (**Tableau 5**) ont démontré que la température maximale mensuelle moyenne est le facteur écologique le plus important : une augmentation de la température augmente la probabilité d'infection donc un effet positif. Ensuite, le deuxième facteur écologique par importance est la température minimale nocturne mensuelle moyenne, qui a un effet négatif : une augmentation de la température pendant la nuit diminue les chances d'une exposition à la FHCC. Enfin, l'altitude a un effet négatif modéré : plus l'altitude est haut il y a réduction d'exposition à la maladie.

**Tableau 5 :** Résultats de la régression logistique de séroprévalence en fonction des facteurs écologiques de la Guinée.

| Facteurs écologique                             | OR    | Intervalle de confiance 95% | P value |
|-------------------------------------------------|-------|-----------------------------|---------|
| Température maximale mensuelle moyenne          | 1.536 | [1.235 – 1.988]             | <0.001  |
| Température minimale nocturne mensuelle moyenne | 0.396 | [0.180 – 0.817]             | 0.011   |
| Altitude moyenne                                | 0.995 | [0.991 – 1.000]             | 0.031   |

### III.5. Résultats des qPCR du gène 16S et de RT-qPCR pour la détection du virus de la FHCC chez les tiques.

Les 294 extraits ont montré une amplification et des signaux modérés à élevés, avec cycle threshold (CT) moyen de 17,18, un maximum de 24,36 et un minimum de 8,4. De même, on note l'absence d'amplification pour les contrôles négatifs, ce qui permet de valider l'extraction et de poursuivre les manipulations de biologie moléculaire suivantes.

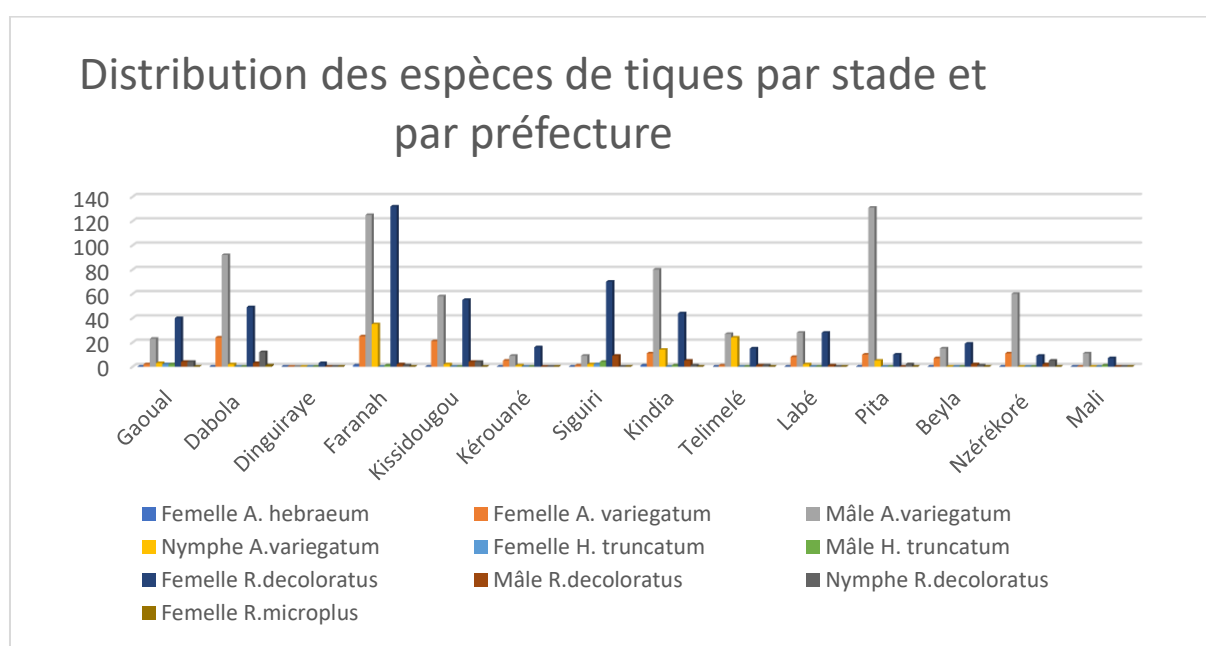
Les résultats des RT-qPCR réalisées sur les 294 extraits n'ont pas montré de tiques positives pour le virus, mais trois échantillons doivent être réanalysés pour confirmation en raison de la présence d'une amplification tardive possible. Le **tableau 6** montre les informations concernant ces trois tiques. Le contrôle positif présentait des amplifications avec une courbe sigmoïde, avec des CT entre 20 et 27, et les contrôles négatifs avaient une absence d'amplification, validant notre protocole.

**Tableau 6 :** Les informations sur les trois tiques ayant eu des amplifications faible et tardive pour la détection de la FHCC par RT-qPCR

| Espèce (morphologie)             | Espèce (moléculaire) | Sexe    | Gorgée | CT   | Préf.    | Sexe bovin | Âge   | Race  |
|----------------------------------|----------------------|---------|--------|------|----------|------------|-------|-------|
| <i>Hyalomma truncatum</i>        | <i>H. rufipes</i>    | Mâle    | Non    | 36,8 | Siguiri  | Mâle       | 8 ans | Zébu  |
| <i>Rhipicephalus decoloratus</i> | Non effectuée        | Femelle | Non    | 35,9 | Dabola   | Femelle    | 5 ans | Ndama |
| <i>Rhipicephalus decoloratus</i> | Non effectuée        | Femelle | Non    | 38,1 | Farana h | Mâle       | 5 ans | Ndama |

### III.6. Estimation de la prévalence des différentes espèces de tiques collectées et de leur répartition en Guinée

Au total, 1 461 tiques ont été collectées sur 120 bovins et identifiées morphologiquement. Toutes les tiques étaient des tiques dures, comprenant les stades suivants : 630 (43 %) femelles (F), 710 (49%) mâles (M) et 121 (8 %) nymphes (N). Les résultats de toutes les identifications, selon la région et la préfecture, figurent en **annexe 2**. Au total, la proportion des espèces collectées était la suivante : *A. variegatum* : 884 (61 %) ; 126 (14 %) F, 668 (75 %) M et 90 (10 %) N, *H. truncatum* : 13 (1 %) ; 4 (31 %) F et 9 (69%) M %, *R. decoloratus* : 561 (38 %) ; 498 (88 %) F, 33 (6 %) M et 31 (6 %) N et des pourcentages presque négligeables de *R. microplus* : 1 (0.07 %) ; 1 (100 %) F et *A. hebraeum* : 2 (0.14 %) ; 2 (100 %) F (**Figure 10**).

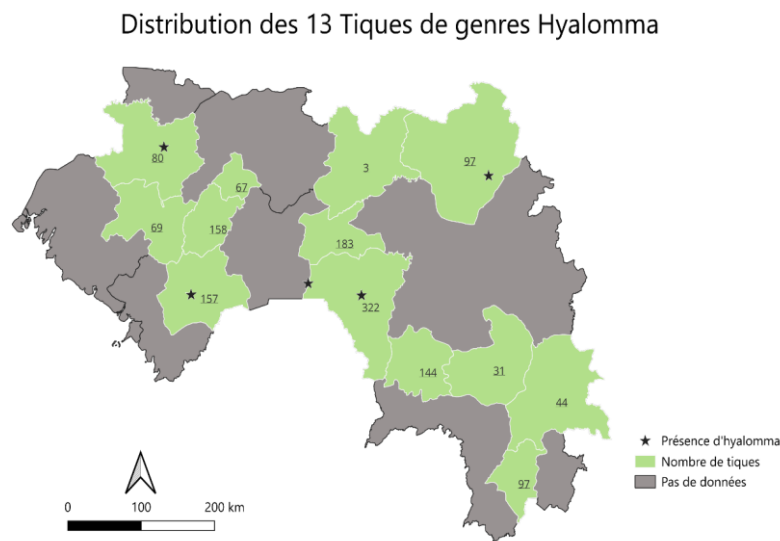


**Figure 10:** Nombre des espèces de tiques par stade et sexe collectées sur les bovins en fonction de leur préfecture d'origine, incluant le Mali. Cette distribution est basée sur les identifications morphologiques des 1641 tiques.

### III.7. Résultats des séquençages des gènes COI

Les résultats de migration d'amplicons révèlent 92 bandes de taille conformes sur les 94 attendues. Ces 92 amplicons ont ensuite été purifiés par billes métalliques, dosés en acide nucléique et transportés de Conakry au CIRAD Montpellier pour un séquençage Sanger via le laboratoire GENEWIZ (Allemagne). Les séquences obtenues ont été ultérieurement soumises à GenBank. Les résultats 92 séquençages en les comparant avec l'identification morphologique se trouvent dans le **tableau 7**. Concernant les espèces de *Hyalomma*, les résultats étaient pour la plupart non définitifs, avec un pourcentage de couverture et d'identité identique partagé pour plusieurs espèces. Ainsi, seules quatre espèces de *Hyalomma* ont été confirmées.

Les treize tiques confirmées du genre *Hyalomma* proviennent de 8 bovins des préfectures suivantes : Faranah, Gaoual, Siguiri et Kindia correspondant aux régions suivantes : Faranah, Boké, Kindia et Kankan. (Figure 11).



**Figure 11** : Carte de nombre de tiques collectées des bovins par préfecture et la répartition des tiques de genre *Hyalomma* en Guinée.

Par ailleurs, les résultats montrent deux espèces de *Rhipicephalus* rares, qui sont *R. sanguineus* et *R. senegalensis*, provenant de bovins originaires de la préfecture de Télémélé (région de Kindia) et du Mali, respectivement. Les résultats pour la première tique sont à considérer avec précaution, car elle montre une similarité avec *R. sanguineus* de 90,33 % (MK648408.1), mais une couverture de 99 %, et une similarité de 100 % avec une *Rhipicephalus* sp. (PV461569.1), mais une couverture de 70 %. Les deux tiques suspectées d'être *A. hebraeum* ont été confirmées comme étant des *A. variegatum*.

Sur les 92 extraits de tiques séquencés pour le gène COI, la mesure du Kappa de Cohen pour le genre a montré accord presque parfait et significatif ( $k = 0,928$  et  $p\text{-value} = 0$ ). Pour les espèces, les tiques du genre *Hyalomma* ont été exclues en raison de résultats finaux non définitifs. Ainsi, sur 79 tiques, on a obtenu une concordance faible et significative ( $k = 0,326$  et  $p\text{-value} = 1,55 \times 10^{-15}$ ).

En excluant les tiques dont l'identification était douteuse et les *Hyalomma*, 60 tiques sélectionnées ont été prises en compte pour le contrôle de l'identification. Une mesure du Kappa de Cohen pour comparer notre identification et l'identification par biologie moléculaire au genre a montré un accord parfait et significatif ( $k = 1,00$  et  $p\text{-value} = 4,44 \times 10^{-16}$ ). Pour l'espèce, le résultat a montré un accord faible et significatif ( $k = 0,378$  et  $p\text{-value} = 2,22 \times 10^{-16}$ ).

L'accord faible des identifications des espèces est dû au genre *Rhipicephalus* mal identifié. Toutes les tiques identifiées comme *R. decoloratus*, on était confirmé d'être des *R. geigyii* ou *R. microplus*.



**Tableau 7 :** Tableau des résultats comparant l'identification morphologique des tiques et la confirmation de l'espèce obtenue par le séquençage ciblant le gène COI des tiques.

| Genre et espèce (suivant analyse moléculaire)                        | Espèce (morphologique) |                    |                     |                        |                      | Nombre total |
|----------------------------------------------------------------------|------------------------|--------------------|---------------------|------------------------|----------------------|--------------|
|                                                                      | A. <i>variegatum</i>   | A. <i>hebraeum</i> | H. <i>truncatum</i> | Rh. <i>decoloratus</i> | Rh. <i>microplus</i> |              |
| <i>A. variegatum</i>                                                 | 43                     | 2                  |                     | 1                      |                      | 46           |
| <i>H. truncatum</i>                                                  |                        |                    | 1                   |                        |                      | 1            |
| <i>H. rufipes</i>                                                    |                        |                    | 3                   |                        |                      | 3            |
| <i>H. rufipes</i> ,<br><i>H. marginatum</i>                          | 1                      |                    | 4                   |                        |                      | 5            |
| <i>H. dromedarii</i> ,<br><i>H. rufipes</i> ,<br><i>H. truncatum</i> |                        |                    | 2                   |                        |                      | 2            |
| <i>H. dromedarii</i> ,<br><i>rufipes</i>                             |                        |                    | 2                   |                        |                      | 2            |
| <i>R. sanguineus</i>                                                 | 1                      |                    |                     |                        |                      | 1            |
| <i>R. geigy</i>                                                      |                        |                    |                     | 16                     |                      | 16           |
| <i>R. microplus</i>                                                  |                        |                    |                     | 14                     | 1                    | 15           |
| <i>R. senegalensis</i>                                               |                        |                    | 1                   |                        |                      | 1            |

A. = *Amblyomma* ; H. = *Hyalomma* ; Rh. = *Rhipicephalus*

### III.8. Analyse phylogénétique pour caractériser les espèces et sous-espèce de tiques

Des 92 séquences obtenues, huit séquences ont été exclues en raison d'un alignement de qualité faible ou d'une longueur de séquence trop courte. Des séquences de référence des tiques de l'Afrique de l'Ouest ont été extraites à partir de la littérature (Coimbra-Dores et al., 2018; Sands et al., 2018; Smit et al., 2024) puis leur séquence récupérées de GenBank pour l'inclure dans notre arbre.

L'arbre montre bien un regroupement de nos neuf tiques *Hyalomma* dont plusieurs n'avaient pas l'espèce définitive après le blast, leur regroupement était avec les références *H. rufipes*. Ensuite la tique *Rh. sanguineus* était bien regroupé avec les références de cette espèce. Par contre, la tique considéré comme *Rh. senegalensis* a été seulement regroupée avec la référence de *Rh. sp.* (**annexe 3**).

### III.9. Résultats des séquençages des gènes Cyt b.

Pour les séquences du gène Cyt B, la migration des amplicons révèlent 31 bandes d'intensité variable de taille conforme sur les 94 attendues. Ces 31 amplicons ont ensuite été purifiés par billes métalliques, et dosés en acides nucléiques. Seulement trois des 31 amplicons avaient une concentration adéquate en acide nucléique pour le séquençage. Sur les 28 amplicons pauvres, six ont été éliminés à cause de leur pauvreté extrême en acides nucléiques (<1 nanogrammes par microlitre), et les 22 amplicons

purifiés restants ont subi une deuxième PCR avec le même protocole que la première, mais avec 25 cycles d'amplification au lieu de 35. Les échantillons purifiés et non purifiés (25) à ce stade ont été transportés de Conakry au CIRAD Montpellier pour un séquençage Sanger via le laboratoire GENEWIZ (Allemagne), après re-purification des échantillons qui ont subi une deuxième PCR. Les séquences obtenues, exploitables au nombre de 20, ont été ultérieurement soumises à GenBank. Pour les séquences du gène Cyt b, parmi les 94 échantillons analysés, dont 31 seulement ont été visibles sur la migration des amplicons, nous avons obtenu des résultats de séquençage pour 20 échantillons (**tableau 8**), qui étaient tous similaires et correspondaient à *Bos taurus*. Un résultat attendu, car les tiques étaient collectées sur des bovins.

**Tableau 8 :** Résultat de la PCR et le séquençage de Cyt B selon le genre et les 92 espèces confirmés par séquençage, le sexe, le stade et l'état d'engorgement des tiques.

| Stade et sexe<br>(N)   | État<br>d'engorgement | Genre et<br>espèce (N)         | Séquençage<br>s obtenues<br>(%) | Genre et<br>espèce<br>obtenues (N) |
|------------------------|-----------------------|--------------------------------|---------------------------------|------------------------------------|
| Adulte Femelle<br>(40) | Non gorgée            | Espèce non<br>confirmée<br>(2) | 10 (25)                         | <i>A.var</i> (7)                   |
|                        |                       | <i>A.var</i> (19)              |                                 |                                    |
|                        |                       | <i>Rh. gei</i> (7)             |                                 | <i>Rh. gei</i> (1)                 |
|                        |                       | <i>Rh. micro</i> (9)           |                                 | <i>Rh. micro</i> (2)               |
|                        |                       | <i>H. ru</i> (3)               |                                 | <i>H. ru</i> (0)                   |
| Adulte Femelle<br>(11) | Gorgée                | <i>A.var</i> (5)               | 1 (9)                           | <i>Rh. micro</i> (1)               |
|                        |                       | <i>Rh. gei</i> (2)             |                                 |                                    |
|                        |                       | <i>Rh. micro</i> (1)           |                                 |                                    |
|                        |                       | <i>H. ru</i> (2)               |                                 |                                    |
|                        |                       | <i>Rh. se</i> (1)              |                                 |                                    |
| Adulte Mâle<br>(40)    | Non gorgée            | <i>A.var</i> (20)              | 8 (20)                          | <i>A.var</i> (8)                   |
|                        |                       | <i>Rh. gei</i> (7)             |                                 |                                    |
|                        |                       | <i>Rh. micro</i> (4)           |                                 |                                    |
|                        |                       | <i>H. ru</i> (7)               |                                 |                                    |
|                        |                       | <i>H. trun</i> (1)             |                                 |                                    |
| Nymphe<br>(3)          | Non gorgée            | <i>Rh. se</i> (1)              | 1 (33)                          | <i>Rh. micro</i> (1)               |
|                        |                       | <i>A.var</i> (2)               |                                 |                                    |
|                        |                       | <i>Rh. micro</i> (1)           |                                 |                                    |
| Total                  |                       | 94                             | 20 (21)                         | 20                                 |

*A. her* : *Amblyomma hebraeum* ; *A. var* : *A. variegatum* ; *H. trun* : *Hyalomma truncatum* ; *Rh. dec* : *Rhipicephalus decoloratus* ; *Rh. micro* : *Rhipicephalus microplus* ; *Rh. gei* :

*Rhipicephalus. geigy*; *H. ru* : *Hyalomma rufipes*; *Rh. se* : *Rhipicephalus senegalensis*; N : Nombre

## PARTIE IV : DISCUSSION

L'objectif était d'obtenir une diversité d'échantillons de sang et de tiques de 200 bovins représentatifs de différentes régions de Guinée. Nous avons pu échantillonner 120 bovins de 13 préfectures en raison du temps limité et notre échantillonnage n'a pas été représentatif de toutes les régions de la Guinée par rapport à la population bovine. De même, le sexe, l'âge et la race n'étaient pas représentatifs de la population, mais ces trois paramètres ont été comparés à des données en ligne datant de 1985 et peut-être plus valides.

Cette étude a montré que le virus de la FHCC circule fortement en Guinée, avec une séroprévalence totale de 77,5 % chez les bovins, confirmant les résultats préliminaires de l'Institut Pasteur de Guinée (en cours de publication). Aucune publication à ce jour ne montre l'exposition des bovins à la FHCC dans le pays, mais nos résultats sont en accord avec l'étude la plus récente au Sénégal (pays transfrontalier du nord de la Guinée), qui démontre une séroprévalence de 80 % chez les bovins (Ngom et al., 2024). Une cartographie illustrant la prévalence montre une variation de la séroprévalence par préfecture entre les différentes parties de la Guinée, avec un gradient décroissant du nord au sud, concordant avec plusieurs études qui ont montré une différence de séroprévalence dans un même pays dépendant de la localisation (Daodu et al., 2024; Ngom et al., 2024 ; Simo Tchegnina et al., 2023).

Pour l'interprétation de notre DO des bovins, afin d'être plus rigoureux, nous avons défini un intervalle pour des valeurs douteuses qui semble large ; pour ces échantillons, une dilution a été faite pour éviter la réaction croisée avec d'autres anticorps, diminuant notre séroprévalence initiale. Plusieurs études utilisant les mêmes kits ont utilisé le cut-off du kit sans noter de résultats douteux. Ensuite, l'étude sur le kit mentionné pour la validation démontre la détection des anticorps contre les virus de clades III, IV et V, mais pas ceux des clades I et II africains (Sas et al., 2018). Enfin, bien que la sensibilité et la spécificité du kit utilisé soient connues, idéalement, un autre kit ELISA et/ou une méthode de détection des anticorps neutralisant le virus de la FHCC devrait être utilisés pour confirmation des cas positifs ou négatifs, comme fait dans une étude au Gabon (Bohou Kombila et al., 2024). Ces facteurs engendrent une sous-estimation de notre séroprévalence totale de la CCHF qui est déjà élevée.

Un des facteurs significativement associés à la séroprévalence était la région, avec une séroprévalence plus faible à Nzérékoré, sachant que cette région était bien représentée dans notre échantillonnage. Deux hypothèses peuvent expliquer cette association négative : Nzérékoré est une région forestière dont le risque lié au virus est plus faible (Ilboudo et al., 2025), et c'est la région avec le plus petit nombre de bovins de toute la Guinée d'après les données statistiques nationales, ce qui entraîne possiblement une diminution de l'effet amplificateur du virus par les bovins. Il aurait été intéressant de comparer la séroprévalence de Nzérékoré à celle des pays transfrontaliers du sud de la Guinée (Libéria, Sierra Leone ou Côte d'Ivoire), mais il n'existe pas de données de ces pays à notre connaissance.

Le deuxième facteur était le sexe : il existe une influence significative du sexe sur la séropositivité, les mâles castrés et les femelles étant plus séropositifs, ce qui suggère un effet plutôt hormonal. Pourtant, la testostérone est plutôt liée à une charge parasitaire plus forte (Heylen et al., 2023). Une autre

hypothèse qui peut expliquer cette association est la différence de mode de vie et rôle dans l'élevage de sexe qui peut potentiellement engendrer une sous ou sur exposition aux tiques.

Par contre, notre hypothèse selon laquelle la séroprévalence des bovins augmente avec l'âge des animaux n'a pas pu être validée à travers notre étude. Nous n'avons pas pu analyser si d'autres facteurs, tels que la charge de tiques de l'animal, le sous-type de système d'élevage ou le troupeau, avaient un effet sur la séroprévalence et l'utilisation des traitements de prévention contre les ectoparasites. En effet, nous avons rencontré des limites au cours du travail de terrain : l'identification des troupeaux a été impossible, car les animaux étaient achetés individuellement par les commerçants présents. Initialement, le protocole stipulait la récolte de toutes les tiques accessibles sur l'animal ; ainsi, en pratique sur le terrain, du fait de l'agressivité des animaux, de la contention brève et compliquée, et du grand nombre de tiques, cela n'a pas été possible pour tous les animaux. De même, la collecte de la répartition des tiques s'est avérée infaisable en raison de la multiplicité des personnes impliquées dans cette tâche.

Pour les facteurs écologiques liés à l'exposition au virus, qui peuvent expliquer la différence de prévalence entre les régions, notre hypothèse a été partiellement validée en montrant que la température a un effet positif, et l'altitude un effet négatif. En revanche il n'y avait pas d'effet significatif de la pluviométrie. Des résultats en accord partiel avec Messina et al. (2015), suggérant que la température haute était un indicateur du virus. La limite dans cette analyse était l'utilisation de données écologiques généralisées pour chaque préfecture, sans prendre en compte les différences au sein d'une même préfecture sans prendre en compte l'humidité. Ainsi que, l'utilisation des données écologiques de toute l'année sans prendre en considération que notre résultat est durant la période sèche seulement.

La densité des tiques dans le pays n'a pas pu être identifiée en raison des contraintes et des limites de terrain que nous avons eues, mais on a pu obtenir la distribution des espèces selon les préfectures, en prenant compte que l'origine des tiques est présumée être la même que celle du bovin mais non confirmée.

L'identification morphologique a révélé des résultats de bonne identification du genre, mais l'espèce *Rh. decoloratus* était sévèrement surestimée. D'après les résultats des séquençages du gène COI, cette espèce était confondue principalement avec *Rh. geigy* et *Rh. microplus*. En effet, la loupe binoculaire utilisée ne permettait pas de bien voir certains critères pour une meilleure identification morphologique des tiques. De plus, le séquençage n'a pas été réalisé au fur et à mesure de notre identification, mais en dernière étape, ce qui n'a pas aidé à améliorer notre identification morphologique des tiques collectées plus tard.

Sur l'abondance des espèces de tiques chez les bovins, il existe quelques études en Guinée. Nous avons eu 38 % de *R. decoloratus* toutes mal identifiées, pourcentage similaire à celui identifié par Kartashov et al. (2021), et Naidenova et al., mentionne que cette espèce est l'une des plus répandues suggérant qu'ils ont mal identifié cette espèce. La seule étude en Guinée, à notre connaissance, à confirmer par biologie moléculaire l'espèce des tiques collectées des bovins était Makenov et al., 2021 mais seulement l'espèce *Rhipicephalus microplus* comme elle n'existait pas avant 2007 en Guinée. Pour le genre *Hyalomma* les études en Guinée ont démontré des pourcentages très faibles du genre *Hyalomma* de 1,2 % en 2018 dans trois régions, similaires à nos résultats (Makenov et al., 2021). De même, Kartashov et al., a eu une abondance presque similaire à notre pour les *Hyalomma* à 2%. Ces deux études ont identifié l'espèce comme *H. truncatum* exclusivement, comme nous, sachant que l'identification génétique conclut que la quasi-totalité étaient des *H. rufipes*.

En revanche, au Sénégal, l'abondance de tiques *Hyalomma* est beaucoup plus importante qu'en Guinée et inclut *H. impeltatum*, que nous n'avons jamais pu identifier, ni morphologiquement ni par biologie moléculaire, en Guinée. Sachant que le pourcentage d'exposition des bovins à la maladie est le même en Sénégal et en Guinée mais avec une différence d'abondance du genre *Hyalomma*, cela suggère que ce genre n'est pas le seul vecteur avec une compétence vectorielle capable de transmettre la maladie.

Plusieurs études en Guinée ont démontré la présence de *Rh. annulatus* en faible proportion sur les bovins comme hôte (Kartashov et al., 2021; Makenov et al., 2021) mais, dans notre étude, nous n'avons pas pu l'identifier ni morphologiquement ni par confirmation moléculaire.

Le résultat le plus intéressant de notre identification est la tique qui se regroupe, dans l'arbre phylogénique, avec les *Rhipicephalus sp.*, une suspicion, suite aux caractères morphologiques, qu'elle appartienne à l'espèce *evertsi evertsi*, une espèce jamais identifiée chez les bovins en Guinée à notre connaissance. Alors, un recontrôle du séquençage et, éventuellement, une PCR et le séquençage d'autres gènes pour confirmer l'espèce sont nécessaires. D'autre part, Le BLAST n'a pas pu nous confirmer les espèces des *Hyalomma* sans un arbre phylogénique, suggérant de cibler plusieurs gènes par PCR pour les prochaines études pour une confirmation finale de l'espèce.

La prévalence du virus n'a pas pu être identifiée en raison de résultats finaux non confirmés, qui doivent l'être plus tard. En effet, le protocole de RT-qPCR du virus, le mélange de plusieurs amorces de six clades et une amorce dégénérée, rend la sensibilité plus basse. En France, Bernard et al., optimisent la détection par modification du thermocycleur de PCR pour obtenir une bonne amplification de la courbe du contrôle positif (Bernard et al., 2025). Cela pourrait expliquer notre courbe très faible pour les trois tiques suspectées d'être positives et le pourcentage important de tiques négatives. Une publication en Guinée montre une prévalence de 3 % des pools de tiques en utilisant un autre type de kit de PCR (Naidenova et al., 2024) un résultat plus important que notre prévalence éventuelle. Une autre étude encore était plus exigeante que la nôtre pour confirmer la positivité d'une tique individuelle, par la positivité de deux régions cibles du segment S (Rudoler et al., 2025), une bonne méthode pour valider les tiques positives. Cela suggère une possibilité d'améliorer le protocole de la RT-qPCR avec une méthode plus sensible afin d'augmenter les probabilités de détecter le virus dans les futures études et d'avoir plusieurs cibles pour la validation des cas positives.

Enfin, pour le résultat du gène Cyt b, nous avons obtenu 20 résultats compatibles avec *Bos taurus*. Ainsi, nous n'avons pas pu connaître le cycle de la tique par l'identification des repas précédents, mais cela a pu valider notre protocole. Le taux de succès est de 21 %. La plupart des tiques étaient non gorgées (83/94), ce qui pourrait expliquer le faible nombre de résultats obtenus (Black et al., 2021). En revanche, nous avons un taux de succès de 9 % seulement pour les tiques gorgées, alors qu'une étude sur 27 tiques gorgées présentait un succès de 100 % pour leur amplification. Leur protocole d'extraction comportait une étape supplémentaire par rapport au nôtre : du PBS et du tampon ATL ont été ajoutés durant l'extraction (Che Lah et al., 2015). Plusieurs études mentionnent la dégradation de l'ADN de l'hôte dans les tiques gorgées après un certain délai (Black et al., 2021; Kirstein and Gray, 1996), ce qui peut expliquer notre faible taux de succès. Il serait intéressant d'essayer notre protocole sur des tiques collectées dans l'environnement et non déjà fixées sur des hôtes. Enfin, notre résultat obtenu reflète seulement la saison sèche en Guinée, la saison démontré avoir des plus séroprévalence plus haute que la saison des pluies (Daodu et al., 2025, 2024) ainsi qu'une différence d'abondance d'espèce de tiques.

## PARTIE V : CONCLUSION

Le virus de la FHCC circule fortement en Guinée, surtout dans le nord et le centre du pays. Les régions, ainsi que le sexe des bovins, sont des facteurs associés à une exposition au virus de la FHCC en Guinée d'après nos résultats, sauf que tous les facteurs de risque n'ont pas été évalués. Le risque pour les travailleurs de l'abattoir de Kakimbo semble très élevé, tout comme pour les éleveurs. Des mesures de protection individuelle doivent être mises en place par les autorités. De même, un traitement contre les tiques avec une bonne observance doit être renforcé chez les bovins pour essayer de limiter l'amplification du virus. Il est important de renforcer la surveillance, particulièrement dans les régions du sud, sur le plan vectoriel et climatique, afin de détecter d'éventuelle augmentation dans la séroprévalence actuelle, signe d'augmentation du risque. Les études sur ce virus en Guinée doivent se poursuivre, surtout pour obtenir des données en saison des pluies et sur les autres facteurs associés à l'exposition au virus. Une étude plus longue avec des déplacements vers les bovins est plus idéal pour des résultats plus confirmés principalement sur la diversité des tiques et leur origine.

## RÉFÉRENCES :

- Adam, I.A., Mahmoud, M.A., Aradaib, I.E., 2013. A seroepidemiological survey of Crimean Congo hemorrhagic fever among Cattle in North Kordufan State, Sudan. *Virol J* 10, 178. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-10-178>
- Akuffo, R., Brandful, J.A.M., Zayed, A., Adjei, A., Watany, N., Fahmy, N.T., Hughes, R., Doman, B., Voegborlo, S.V., Aziati, D., Pratt, D., Awuni, J.A., Adams, N., Dueger, E., 2016. Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in livestock ticks and animal handler seroprevalence at an abattoir in Ghana. *BMC Infect Dis* 16, 324. <https://doi.org/10.1186/s12879-016-1660-6>
- Balinandi, S., Von Brömssen, C., Tumusiime, A., Kyondo, J., Kwon, H., Monteil, V.M., Mirazimi, A., Lutwama, J., Mugisha, L., Malmberg, M., 2021. Serological and molecular study of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in cattle from selected districts in Uganda. *Journal of Virological Methods* 290, 114075. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2021.114075>
- Bente, D.A., Forrester, N.L., Watts, D.M., McAuley, A.J., Whitehouse, C.A., Bray, M., 2013. Crimean-Congo hemorrhagic fever: History, epidemiology, pathogenesis, clinical syndrome and genetic diversity. *Antiviral Research* 100, 159–189. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2013.07.006>
- Bentil, R.E., Addo, S.O., Mosore, M., Kumordjie, S., Yeboah, C., Agbodzi, B., Behene, E., Tagoe, J., Baako, B.O.A., Asoala, V., Ampadu, R.O., Mingle, D.L., Nyarko, E.O., Fox, A.T., Letizia, A.G., Diclaro, J.W., Sanders, T., Oduro, D., Nimo-Paintsil, S.C., Harwood, J., Dadzie, S.K., 2023. First Whole Genome Sequencing of Crimean–Congo Hemorrhagic Fever Virus (CCHFV) in Tick Species within Ghana. *Transboundary and Emerging Diseases* 2023, 1–8. <https://doi.org/10.1155/2023/2063317>
- Bernard, C., Apolloni, A., Grosbois, V., Peyraud, A., Saengram, P., Jori, F., Faure, E., Keck, N., Pin, R., Ferraris, O., Comtet, L., Combes, B., Bastien, M., Chauvin, V., Guerrini, L., Holzmüller, P., Vial, L., 2025. First detection of Crimean Congo Hemorrhagic Fever antibodies in cattle and wildlife of southern continental France: Investigation of explanatory factors. *PLoS One* 20, e0331875. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0331875>
- Black, M.K., Chandler, J.G., Trout Fryxell, R.T., Vail, K.M., 2021. The Common Bed Bug (Hemiptera: Cimicidae) Does Not Commonly Use Canines and Felines as a Host in Low-Income, High-Rise Apartments. *Journal of Medical Entomology* 58, 2040–2046. <https://doi.org/10.1093/jme/tjab070>
- Blanco-Penedo, I., Obanda, V., Kingori, E., Agwanda, B., Ahlm, C., Lwande, O.W., 2021. Seroepidemiology of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus (CCHFV) in Cattle across Three Livestock Pastoral Regions in Kenya. *Dairy* 2, 425–434. <https://doi.org/10.3390/dairy2030034>
- Bohou Kombila, L., Lerolle, S., Mombo, I.M., Longo-Pendy, N.-M., Koumba Mavoungou, D., Maganga, G.D., Cosset, F.-L., Vanhomwegen, J., Deschermeier, C., Leroy, E.M., Legros, V., N'dilimabaka, N., Becquart, P., 2024. First Detection of Antibodies Specific to Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Rural Populations of Gabon. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* tpmd240054. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.24-0054>
- Celina, S.S., Italiya, J., Tekkara, A.O., Černý, J., 2025a. Crimean-Congo haemorrhagic fever virus in ticks, domestic, and wild animals. *Front. Vet. Sci.* 11, 1513123. <https://doi.org/10.3389/fvets.2024.1513123>

- Che Lah, E.F., Yaakop, S., Ahamad, M., Md Nor, S., 2015. Molecular identification of blood meal sources of ticks (Acari, Ixodidae) using cytochrome b gene as a genetic marker. *ZK* 478, 27–43. <https://doi.org/10.3897/zookeys.478.8037>
- Coimbra-Dores, M.J., Maia-Silva, M., Marques, W., Oliveira, A.C., Rosa, F., Dias, D., 2018. Phylogenetic insights on Mediterranean and Afrotropical *Rhipicephalus* species (Acari: Ixodida) based on mitochondrial DNA. *Exp Appl Acarol* 75, 107–128. <https://doi.org/10.1007/s10493-018-0254-y>
- Cuadrado-Matías, R., Moraga-Fernández, A., Peralbo-Moreno, A., Negredo, A.I., Sánchez-Seco, M.P., Ruiz-Fons, F., 2024. CRIMEAN–CONGO haemorrhagic fever virus in questing NON-*Hyalomma* spp. ticks in Northwest Spain, 2021. *Zoonoses and Public Health* 71, 578–583. <https://doi.org/10.1111/zph.13130>
- Daodu, O.B., Hartlaub, J., Olopade, J.O., Oluwayelu, D.O., Groschup, M.H., 2024. Serological evidence of tick-borne Crimean-Congo haemorrhagic fever and Dugbe orthonairovirus infections in cattle in Kwara State in northern Nigeria indicate independent endemics. *PLoS Negl Trop Dis* 18, e0012539. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0012539>
- Daodu, O.B., Shaibu, J.O., Audu, R.A., Oluwayelu, D.O., 2025. Genetic tracking of Crimean-Congo haemorrhagic orthonairovirus in *Hyalomma* population infesting cattle in Nigeria. *PLoS ONE* 20, e0316770. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0316770>
- Dawnay, N., Ogden, R., McEwing, R., Carvalho, G.R., Thorpe, R.S., 2007. Validation of the barcoding gene COI for use in forensic genetic species identification. *Forensic Science International* 173, 1–6. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2006.09.013>
- De Villiers, L., Molini, U., Van Zyl, L., Khaiseb, S., Busch, F., Dietze, K., Knauf, S., Franzo, G., 2025. Serological evidence of Crimean-Congo haemorrhagic fever in domestic animals from eight regions of Namibia. *Acta Tropica* 262, 107524. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2025.107524>
- Dos Santos, F.A., Duarte, M.D., Caçote, A., Lourenço, A., Maroco, D., Varela, A.R., Bonifácio, L., Pimpão, M., Henriques, M., Duarte, A., Barros, S.C., 2025. Evidence of Crimean–Congo hemorrhagic fever virus in livestock and wildlife in Northeastern Portugal. *Sci Rep* 15, 25142. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-10627-5>
- Ebert, C.L., Becker, S.C., 2025. Tick-Borne Viruses in a Changing Climate: The Expanding Threat in Africa and Beyond. *Microorganisms* 13, 1509. <https://doi.org/10.3390/microorganisms13071509>
- Ehounoud, C.B., Yao, K.P., Dahmani, M., Achi, Y.L., Amanzougaghene, N., Kacou N’Douba, A., N’Guessan, J.D., Raoult, D., Fenollar, F., Mediannikov, O., 2016. Multiple Pathogens Including Potential New Species in Tick Vectors in Côte d’Ivoire. *PLoS Negl Trop Dis* 10, e0004367. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0004367>
- Espunyes, J., Cabezón, O., Pailler-García, L., Dias-Alves, A., Lobato-Bailón, L., Marco, I., Ribas, M.P., Encinosa-Guzmán, P.E., Valldeperes, M., Napp, S., 2021. Hotspot of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Seropositivity in Wildlife, Northeastern Spain. *Emerg. Infect. Dis.* 27, 2480–2484. <https://doi.org/10.3201/eid2709.211105>
- Frank, M.G., Weaver, G., Raabe, V., State of the Clinical Science Working Group of the National Emerging Pathogens Training, Education Center’s Special Pathogens Research Network2, 2024c. Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus for Clinicians—Epidemiology, Clinical Manifestations, and Prevention. *Emerg. Infect. Dis.* 30. <https://doi.org/10.3201/eid3005.231647>



- Funk, C., Peterson, P., Harrison, L., Saldivar, R., Landsfeld, M., Pedreros, D., Shukla, S., Fink, A.H., Davenport, F., Peterson, S., Turner, W., Sonnier, A., Budde, M., Tabor, K., Verdin, J., Hauzaree, D., Naim, M., Alaso, D., Husak, G., 2026. The Climate Hazards Center Infrared Precipitation with Stations, Version 3. *Sci Data* 13, 718. <https://doi.org/10.1038/s41597-026-07096-4>
- Gargili, A., Estrada-Peña, A., Spengler, J.R., Lukashev, A., Nuttall, P.A., Bente, D.A., 2017. The role of ticks in the maintenance and transmission of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus: A review of published field and laboratory studies. *Antiviral Research* 144, 93–119. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2017.05.010>
- Gasparine, M., Namekong Fokeng, A., Lopez, E., Mvodo, S., Thirion, L., Paguem, A., Charrel, R., De Lamballerie, X., Falchi, A., 2025. First report of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus exposure in human and livestock populations, Center Region, Cameroon. *Front. Cell. Infect. Microbiol.* 15, 1578518. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2025.1578518>
- Gharbi, M., Aziz Darghouth, M., 2014. A review of *Hyalomma scupense* (Acari, Ixodidae) in the Maghreb region: from biology to control. *Parasite* 21, 2. <https://doi.org/10.1051/parasite/2014002>
- Gondard, M., Delannoy, S., Pinarello, V., Aprelon, R., Devillers, E., Galon, C., Pradel, J., Vayssier-Taussat, M., Albina, E., Moutailler, S., 2020. Upscaling the Surveillance of Tick-Borne Pathogens in the French Caribbean Islands. *Pathogens* 9, 176. <https://doi.org/10.3390/pathogens9030176>
- González Gordon, L., Bessell, P.R., Nkongho, E.F., Ngwa, V.N., Tanya, V.N., Sander, M., Ndip, L., Morgan, K.L., Handel, I.G., Mazeri, S., Bronsvort, B.M., Kelly, R.F., 2022. Seroepidemiology of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever among cattle in Cameroon: Implications from a One Health perspective. *PLoS Negl Trop Dis* 16, e0010217. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010217>
- Halos, L., Jamal, T., Vial, L., Maillard, R., Suau, A., Le Menach, A., Boulouis, H.-J., Vayssier-Taussat, M., 2004. Determination of an efficient and reliable method for DNA extraction from ticks. *Vet. Res.* 35, 709–713. <https://doi.org/10.1051/vetres:2004038>
- Heylen, D.J.A., Kumsa, B., Kimbita, E., Frank, M.N., Muhanguzi, D., Jongejan, F., Adehan, S.B., Toure, A., Aboagye-Antwi, F., Ogo, N.I., Juleff, N., Fourie, J., Evans, A., Byaruhanga, J., Madder, M., 2023. Tick communities of cattle in smallholder rural livestock production systems in sub-Saharan Africa. *Parasites Vectors* 16, 206. <https://doi.org/10.1186/s13071-023-05801-5>
- Hornok, S., Flaisz, B., Takács, N., Kontschán, J., Csörgő, T., Csipak, Á., Jaksa, B.R., Kováts, D., 2016. Bird ticks in Hungary reflect western, southern, eastern flyway connections and two genetic lineages of *Ixodes frontalis* and *Haemaphysalis concinna*. *Parasites Vectors* 9, 101. <https://doi.org/10.1186/s13071-016-1365-0>
- Huang, D., Meier, R., Todd, P.A., Chou, L.M., 2008. Slow Mitochondrial COI Sequence Evolution at the Base of the Metazoan Tree and Its Implications for DNA Barcoding. *J Mol Evol* 66, 167–174. <https://doi.org/10.1007/s00239-008-9069-5>
- Hughes, E.C., De Glanville, W., Kibona, T., Mmbaga, B.T., Rostal, M.K., Swai, E., Cleaveland, S., Lankester, F., Willett, B.J., Allan, K.J., 2024. Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Seroprevalence in Human and Livestock Populations, Northern Tanzania. *Emerg. Infect. Dis.* 30. <https://doi.org/10.3201/eid3004.231204>

- Ilboudo, A.K., Oloo, S.O., Sircely, J., Nijhof, A.M., Bett, B., 2025. Spatial analysis and risk mapping of Crimean-Congo hemorrhagic fever (CCHF) in Sub-Saharan Africa. *Sci Rep* 15, 2292. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-85873-8>
- Irwin, D.M., Kocher, T.D., Wilson, A.C., 1991. Evolution of the cytochrome b gene of mammals. *J Mol Evol* 32, 128–144. <https://doi.org/10.1007/BF02515385>
- Kartashov, M.Yu., Naidenova, E.V., Zakharov, K.S., Yakovlev, S.A., Skarnovich, M.O., Boumbaly, S., Nikiforov, K.A., Plekhanov, N.A., Kritzkiy, A.A., Ternovoi, V.A., Boiro, M.Y., Loktev, V.B., 2021b. Detection of *Babesia caballi*, *Theileria mutans* and *Th. velifera* in ixodid ticks collected from cattle in Guinea in 2017–2018. *Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports* 24, 100564. <https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2021.100564>
- Khoule, A., Ngom, D., Faye, M., Sene, O., Badji, A., Ndiaye, E., Fall, G., Dia, I., Diallo, M., Diallo, D., 2025. Tick Species Infesting Livestock in Three Bioclimatic Areas of Senegal: Bioecology, Prevalence of Tick Infestation, Associated Categorical Factors and Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus Infection. *Veterinary Medicine & Sci* 11, e70165. <https://doi.org/10.1002/vms3.70165>
- Kirstein, F., Gray, J.S., 1996. A molecular marker for the identification of the zoonotic reservoirs of Lyme borreliosis by analysis of the blood meal in its European vector *Ixodes ricinus*. *Appl Environ Microbiol* 62, 4060–4065. <https://doi.org/10.1128/aem.62.11.4060-4065.1996>
- Konstantinov, O.K., Balde, M.C., Tchounina, L.M., Mourzin, S.V., Popov, N.V., Tchebotarev, A.N., 1990. Les tiques de la famille Ixodidae comme réservoir d'arbovirus en République de Guinée. I. Faune et écologie des tiques. *Rev. Elev. Med. Vet. Pays Trop.* 43, 85–92. <https://doi.org/10.19182/remvt.8902>
- Lorenzo Juanes, H.M., Carbonell, C., Sendra, B.F., López-Bernus, A., Bahamonde, A., Orfao, A., Lista, C.V., Ledesma, M.S., Negredo, A.I., Rodríguez-Alonso, B., Bua, B.R., Sánchez-Seco, M.P., Muñoz Bellido, J.L., Muro, A., Belhassen-García, M., 2023. Crimean-Congo Hemorrhagic Fever, Spain, 2013–2021. *Emerg. Infect. Dis.* 29, 252–259. <https://doi.org/10.3201/eid2902.220677>
- Makenov, M.T., Toure, A.H., Korneev, M.G., Sacko, N., Porshakov, A.M., Yakovlev, S.A., Radyuk, E.V., Zakharov, K.S., Shipovalov, A.V., Boumbaly, S., Zhurenkova, O.B., Grigoreva, Y.E., Morozkin, E.S., Fyodorova, M.V., Boiro, M.Y., Karan, L.S., 2021. *Rhipicephalus microplus* and its vector-borne haemoparasites in Guinea: further species expansion in West Africa. *Parasitol Res* 120, 1563–1570. <https://doi.org/10.1007/s00436-021-07122-x>
- Mangombi, J.B., Roqueplo, C., Sambou, M., Dahmani, M., Mediannikov, O., Comtet, L., Davoust, B., 2020. Seroprevalence of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Domesticated Animals in Northwestern Senegal. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 20, 797–799. <https://doi.org/10.1089/vbz.2019.2592>
- Matthews, J., Secka, A., McVey, D.S., Dodd, K.A., Faburay, B., 2023. Serological Prevalence of Crimean–Congo Hemorrhagic Fever Virus Infection in Small Ruminants and Cattle in The Gambia. *Pathogens* 12, 749. <https://doi.org/10.3390/pathogens12060749>
- Matulis, G., Potter, A.M., Lilak, A.A., Pecor, D.B., Rodriguez, D., Wood, L., Cerimele, R., Stone, K., Cleary, N.G., Butler, K., Linton, Y.-M., Von Fricken, M.E., 2025. A compilation of ticks and tick-borne pathogen distributions in seven countries within North and West Africa from 1901 to 2022: a systematic literature review. *Parasites Vectors* 19, 13. <https://doi.org/10.1186/s13071-025-07153-8>

- Messina, J.P., Pigott, D.M., Golding, N., Duda, K.A., Brownstein, J.S., Weiss, D.J., Gibson, H., Robinson, T.P., Gilbert, M., William Wint, G.R., Nuttall, P.A., Gething, P.W., Myers, M.F., George, D.B., Hay, S.I., 2015. The global distribution of Crimean-Congo hemorrhagic fever. *Trans R Soc Trop Med Hyg* 109, 503–513. <https://doi.org/10.1093/trstmh/trv050>
- Mhamadi, Moufid, Badji, A., Dieng, I., Gaye, A., Ndiaye, E.H., Ndiaye, Mignane, Mhamadi, Moundhir, Touré, C.T., Mbaye, M.R., Barry, M.A., Ndiaye, O., Faye, B., Ba, F.A., Diop, B., Ndiaye, Mamadou, Fall, M., Sagne, S.N., Fall, G., Loucoubar, C., Fausther-Bovendo, H., Sall, A.A., Kobinger, G., Faye, Ousmane, Diallo, M., Faye, Oumar, 2022. Crimean–Congo Hemorrhagic Fever Virus Survey in Humans, Ticks, and Livestock in Agnam (Northeastern Senegal) from February 2021 to March 2022. *TropicalMed* 7, 324. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed7100324>
- Mihalakakos, E.A., Ssempijja, V., Ribeiro, R.M., Molina-Paris, C., Katushabe, G., Nalwadda, J., Omooja, J., Byarugaba, D.K., Rosenke, K., Reynolds, S.J., Grabowski, M.K., Galiwango, R.M., Ssekubugu, R., Feldmann, H., Hawman, D.W., 2025. Longitudinal seroprevalence of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in Southern Uganda. *Emerging Microbes & Infections* 14, 2465315. <https://doi.org/10.1080/22221751.2025.2465315>
- Monsalve-Arteaga, L., Alonso-Sardón, M., Muñoz Bellido, J.L., Vicente Santiago, M.B., Vieira Lista, M.C., López Abán, J., Muro, A., Belhassen-García, M., 2020. Seroprevalence of Crimean-Congo hemorrhagic fever in humans in the World Health Organization European region: A systematic review. *PLoS Negl Trop Dis* 14, e0008094. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0008094>
- Muianga, A.F., Watson, R., Varghese, A., Chongo, I.S., Ali, S., Monteiro, V., Inalda, F., Chelene, I., António, V., Hewson, R., Gudo, E.S., 2017. First serological evidence of Crimean-Congo haemorrhagic fever in febrile patients in Mozambique. *International Journal of Infectious Diseases* 62, 119–123. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2017.07.024>
- Mukhay, E., Akoko, J.M., Nyamota, R., Mwatondo, A., Muturi, M., Nthiwa, D., Kirwa, L.J., Bargul, J.L., Abkallo, H.M., Bett, B., 2024. Exposure patterns and the risk factors of Crimean Congo hemorrhagic fever virus amongst humans, livestock and selected wild animals at the human/livestock/wildlife interface in Isiolo County, upper eastern Kenya. *PLoS Negl Trop Dis* 18, e0012083. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0012083>
- Naidenova, E.V., Zakharov, K.S., Kartashov, M.Y., Agafonov, D.A., Senichkina, A.M., Magassouba, N., Nouridine, I., Nassour, A.A., Bah, M.B., Kourouma, A., Boumbali, S., Boiro, M.Y., Scherbakova, S.A., Kutyrev, V.V., Dedkov, V.G., 2020. Prevalence of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in rural areas of Guinea. *Ticks and Tick-borne Diseases* 11, 101475. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2020.101475>
- Nepveu-Traversy, M.-E., Fausther-Bovendo, H., Babuadze, G. (Giorgi), 2024. Human Tick-Borne Diseases and Advances in Anti-Tick Vaccine Approaches: A Comprehensive Review. *Vaccines* 12, 141. <https://doi.org/10.3390/vaccines12020141>
- Ngom, D., Khoulé, A., Faye, E.T., Sène, O., Diop, S.M., Sagne, S.N., Diallo, M.K., Dia, M., Barry, M.A., Diaw, Y., Bocoum, M., Ndiaye, E.H.M., Sall, Y., Diop, B., Faye, Oumar, Faye, Ousmane, Diallo, M., Simon-Lorière, E., Sakuntabhai, A., Fall, G., Diallo, D., 2024. Crimean-Congo haemorrhagic fever outbreak in Northern Senegal in 2022: Prevalence of the virus in livestock and ticks, associated risk factors and epidemiological implications. *Zoonoses and Public Health* 71, 696–707. <https://doi.org/10.1111/zph.13136>
- Omoga, D.C.A., Tchouassi, D.P., Venter, M., Ogola, E.O., Osalla, J., Kopp, A., Slothouwer, I., Torto, B., Junglen, S., Sang, R., 2023. Transmission Dynamics of Crimean–Congo

- Haemorrhagic Fever Virus (CCHFV): Evidence of Circulation in Humans, Livestock, and Rodents in Diverse Ecologies in Kenya. *Viruses* 15, 1891. <https://doi.org/10.3390/v15091891>
- Onyiche, T.E., MacLeod, E.T., 2023. Hard ticks (Acari: Ixodidae) and tick-borne diseases of sheep and goats in Africa: A review. *Ticks and Tick-borne Diseases* 14, 102232. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2023.102232>
- Rehman, A., Nijhof, A.M., Sauter-Louis, C., Schauer, B., Staubach, C., Conraths, F.J., 2017. Distribution of ticks infesting ruminants and risk factors associated with high tick prevalence in livestock farms in the semi-arid and arid agro-ecological zones of Pakistan. *Parasites Vectors* 10, 190. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2138-0>
- Rudoler, N., Rubinstein-Guini, M., Roth, A., Indenbaum, V., Erster, O., Lustig, Y., Eliahoo, E., 2025. Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Cattle and Ticks, Israel. *Emerg. Infect. Dis.* 31. <https://doi.org/10.3201/eid3111.250622>
- Sands, A.F., Apanaskevich, D.A., Matthee, S., Horak, I.G., Harrison, A., Karim, S., Mohammad, M.K., Mumcuoglu, K.Y., Rajakaruna, R.S., Santos-Silva, M.M., Kamani, J., Matthee, C.A., 2018. Corrigendum to Effects of tectonics and large scale climatic changes on the evolutionary history of Hyalomma ticks *Molecular Phylogenetics and Evolution* (2017) 114:153-165. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 120, 390. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2018.01.010>
- Sas, M.A., Comtet, L., Donnet, F., Mertens, M., Vatansever, Z., Tordo, N., Pourquier, P., Groschup, M.H., 2018. A novel double-antigen sandwich ELISA for the species-independent detection of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus-specific antibodies. *Antiviral Research* 151, 24–26. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2018.01.006>
- Schulz, Ansgar, Barry, Y., Stoek, F., Ba, A., Schulz, J., Haki, M.L., Sas, M.A., Doumbia, B.A., Kirkland, P., Bah, M.Y., Eiden, M., Groschup, M.H., 2021b. Crimean-Congo hemorrhagic fever virus antibody prevalence in Mauritanian livestock (cattle, goats, sheep and camels) is stratified by the animal's age. *PLoS Negl Trop Dis* 15, e0009228. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009228>
- Schulz, A., Barry, Y., Stoek, F., Pickin, M.J., Ba, A., Chitimia-Dobler, L., Haki, M.L., Doumbia, B.A., Eisenbarth, A., Diambar, A., Bah, M.Y., Eiden, M., Groschup, M.H., 2021. Detection of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in blood-fed Hyalomma ticks collected from Mauritanian livestock. *Parasites Vectors* 14, 342. <https://doi.org/10.1186/s13071-021-04819-x>
- Sene, O., Sagne, S.N., Ngom, D., Diagne, M.M., Badji, A., Khoulé, A., Ndiaye, E.H., Sankhe, S., Loucoubar, C., Diallo, M., Weidmann, M., Dia, N., Simon-Lorière, E., Sall, Y., Diop, B., Ndiaye, M., Sakuntabhai, A., Sall, A.A., Faye, Ousmane, Faye, Oumar, Diallo, D., Barry, M.A., Fall, G., 2024. Emergence of Crimean–Congo Hemorrhagic Fever Virus in Eastern Senegal in 2022. *Viruses* 16, 315. <https://doi.org/10.3390/v16020315>
- Shahhosseini, N., Wong, G., Babuadze, G., Camp, J.V., Ergonul, O., Kobinger, G.P., Chinikar, S., Nowotny, N., 2021. Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Asia, Africa and Europe. *Microorganisms* 9, 1907. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9091907>
- Simo Tchétgna, H., Yousseu, F.S., Cosset, F.-L., De Freitas, N.B., Kamgang, B., McCall, P.J., Ndip, R.N., Legros, V., Wondji, C.S., 2023. Molecular and serological evidence of Crimean-Congo hemorrhagic fever orthonaviruses prevalence in livestock and ticks in Cameroon. *Front. Cell. Infect. Microbiol.* 13, 1132495. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2023.1132495>

- Smit, A., Mulandane, F., Labuschagne, M., Wójcik, S.H., Malabwa, C., Sili, G., Mandara, S., Dlamkile, Z., Ackermann, R., Rose Vineer, H., Stoltsz, W.H., Huber, K., Horak, I.G., Morar-Leather, D., Makepeace, B.L., Neves, L., 2024. Intra- and interspecific variation of *Amblyomma* ticks from southern Africa. *Parasites Vectors* 17, 364. <https://doi.org/10.1186/s13071-024-06394-3>
- Stratégie de développement du secteur de l'élevage en Afrique, n.d.
- Tahmasebi, F., Ghiasi, S.M., Mostafavi, E., Moradi, M., Piazak, N., Mozafari, A., Haeri, A., Fooks, A.R., Chinikar, S., 2010. Molecular epidemiology of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus genome isolated from ticks of Hamadan province of Iran. *J VECTOR BORNE DIS.*
- The role of livestock in food security, poverty reduction and wealth creation in West Africa, 2020. . FAO. <https://doi.org/10.4060/ca8385en>
- Walker, A.R., Bouattour, A., n.d. Ticks of Domestic Animals in Africa: a Guide to Identification of Species.
- Yessinou, R.E., Farougou, S., Olopade, J.O., Oluwayelu, D.O., Happi, A., Happi, C., Groschup, M., 2025. Seroprevalence and Risk Factors of Crimean–Congo Hemorrhagic Fever Exposure in Wild and Domestic Animals in Benin. *Viruses* 17, 387. <https://doi.org/10.3390/v17030387>

## ANNEXES

**Annexe 1 : La fiche d'identification le sexe, le stade, l'état d'engorgement et les caractères morphologiques pour l'indentification morphologique des tiques.**

[illegible]

**Annexe 2 :** Nombre de tiques et leur pourcentage en fonction de l'identification morphologique et l'origine géographique.

| Région et<br>pays<br>Préfecture | Nombre de tiques (%) |               |                |                        |                  | Nombre total de<br>tiques |
|---------------------------------|----------------------|---------------|----------------|------------------------|------------------|---------------------------|
|                                 | <i>A. her</i>        | <i>A. var</i> | <i>H. trun</i> | <i>Rh. dec</i>         | <i>Rh. micro</i> |                           |
| Boké                            | 0                    | 28 (35)       | 4 (5)          | 48 (60)                | 0                | 80                        |
| Gaoual                          | 0                    | 28 (35)       | 4 (5)          | 48 (60)                | 0                | 80                        |
| Faranah                         | 0                    | 384 (59)      | 1 (0,15)       | 265                    | 1 (0,001)        | 652                       |
| Dabola                          | 0                    | 118 (64)      | 0              | (40)                   | 1 (0,5)          | 183                       |
| Dinguiraye                      | 0                    | 0             | 0              | 64 (35)                | 0                | 3                         |
| Faranah                         | 1 (0,003)            | 185 (57)      | 1 (0,3)        | 3 (100)                | 0                | 322                       |
| Kissidougou                     | 0                    | 81 (56)       | 0              | 135<br>(42)<br>63 (44) | 0                | 144                       |
| Kankan                          | 0                    | 27 (21)       | 6 (5)          | 95 (74)                | 0                | 128                       |
| Kérouané                        | 0                    | 15 (48)       | 0              | 16 (52)                | 0                | 31                        |
| Siguiro                         | 0                    | 12 (12)       | 6 (6)          | 79 (82)                |                  | 97                        |
| Kindia                          | 1 (0,4)              | 157 (69)      | 1 (0,4)        | 67 (30)                | 0                | 226                       |
| Kindia                          | 1 (0,6)              | 105 (68)      | 1 (0,6)        | 50 (32)                | 0                | 157                       |
| Telimélé                        | 0                    | 52 (75)       | 0              | 17 (25)                | 0                | 69                        |
| Labé                            | 0                    | 38 (57)       | 0              | 29 (43)                | 0                | 67                        |
| Labé                            | 0                    | 38 (57)       | 0              | 29 (43)                | 0                | 67                        |
| Mamou                           | 0                    | 146 (92)      | 0              | 12 (8)                 | 0                | 158                       |
| Pita                            | 0                    | 146 (92)      | 0              | 12 (8)                 | 0                | 158                       |
| Nzérékoré                       | 0                    | 93 (71)       | 0              | 38 (29)                | 0                | 131                       |
| Beyla                           | 0                    | 22 (50)       | 0              | 22 (50)                | 0                | 44                        |
| Nzérékoré                       | 0                    | 71 (82)       | 0              | 16 (18)                | 0                | 87                        |
| Mali (pays)                     | 0                    | 11 (58)       | 1 (5)          | 7 (37)                 | 0                | 19                        |
| Total                           | 2 (0,13)             | 884 (60)      | 13 (0,88)      | 561<br>(38)            | 1 (0,6)          | 1641                      |

*A. her* : *Amblyomma hebraeum* ; *A. var* : *A. variegatum* ; *H. trun* : *Hyalomma truncatum* ; *Rh. dec* : *Rhipicephalus decoloratus* ; *Rh. microplus* : *Rhipicephalus microplus*

**Annexe 3** : Arbre phylogénique en maximum de vraisemblance (ML) a été calculé selon un modèle de substitution estimé dans le logiciel MEGA 12.1.2(Kumar et al., 2024). Le critère d'information bayésien (BIC) a été utilisé pour déterminer le modèle d'évolution le plus approprié ; il s'agissait du modèle de Tamura-Nei (1993) avec une variation de taux distribuée gamma (+ $\gamma$ ) entre les sites (5 catégories ; paramètre = 3.1591) et une proportion de sites invariables (+I) de 58.38%. Les données manquantes, y compris les indels, ont été exclues de l'analyse aboutissant à un jeu de données final comprenant 426 positions. L'arbre a été soumis à 500 réplifications de bootstrap pour tester sa topologie.

