

Thème 1

Origine et éco-épidémiologie des zoonoses émergentes et réémergentes en Afrique de l'Ouest et centrale

9 octobre 2023

1.0 Bombali virus in Kenyan bats

Kristian M. Forbes¹, Tarja Sironen²¹ University of Arkansas, USA² University of Helsinki, Finland

tarja.sironen@helsinki.fi, kmforbes@uark.edu

Despite extensive research since the first documented human Ebola virus (EBOV) disease outbreak in 1976, the wildlife species involved and mechanisms by which Ebola viruses spillover to humans remain an enigma. Bats have been implicated as reservoir hosts for Ebola viruses, but empirical evidence remains relatively weak and is often overshadowed by popular belief. Here we report the identification of Bombali virus (BOMV) in *Mops condylurus* bats in Kenya. Using repeated surveys of wild bats at different locations, pan-filovirus and Bombali-specific PCR (polymerase chain reaction), and next generation sequencing to obtain full virus genomes, we uncovered a consistent host-pathogen relationship with low population prevalence; this is the first consistent relationship between an ebolavirus species and a bat species. Viral loads were highest in lungs, while virus was absent in kidney, intestine, and brain samples, indicating infected saliva as a likely transmission route. We conducted further investigation using immunohistopathology to compare Bombali virus-infected and non-infected bats. We found positive EBOV-VP40 immunolabeling, acting as a cross-reactive surrogate for BOMV antigen, in pulmonary macrophages of infected bats and an absence of pathologic changes between infected and non-infected bats, demonstrating that BOMV is well supported by *M. condylurus*. Together, our results show that the *M. condylurus*-BOMV relationship has traits consistent with a reservoir host. More generally, this research provides new types of evidence supporting bats as hosts for Ebola viruses and provides a natural system that could be used to finally understand how Ebola viruses are maintained and transmitted in nature.

Keywords: Ebola virus, emerging infectious disease, reservoir host, spillover, sequencing pipeline

1.1 Maladies à virus Ebola et Marburg : réservoir, hôtes, épidémiologie, mécanismes de maintenance et de transmission, historique et situation actuelle en Afrique centrale et de l'Ouest

1.1.1 Nouvelles approches dans l'étude du cycle naturel du virus Ebola dans la faune sauvage

Telstar Ghestin Ndong Mebailey¹, Pierre Becquart²,Matthieu Fritz², Illich Mobo¹, Larson Boundenga¹,Eric Maurice Leroy², Gaël Darren Maganga^{1,3}.¹ Unité Émergence des Maladies Virales, Centre Interdisciplinaire de Recherches Médicales de Franceville (CIRMF), Franceville, Gabon² Maladies Infectieuses et Vecteurs : Écologie, Génétique, Évolution et Contrôle (MIVEGEC) (IRD 224-CNRS 5290, Université de Montpellier), Institut de Recherche pour le Développement (IRD), Montpellier, France³ Institut National Supérieur d'Agronomie et de Biotechnologies (INSAB), Université des Sciences et Techniques de Masuku (USTM), Franceville, Gabon
telstarhunique@gmail.com

Le cycle naturel du virus Ebola (EBOV) reste encore aujourd'hui largement méconnu. Malgré la détection de séquences génomiques d'EBOV chez plusieurs chauves-souris frugivores au Gabon en 2001 et celle d'anticorps spécifiques chez des espèces frugivores et insectivores dans plusieurs pays d'Afrique, le réservoir du virus n'est pas définitivement identifié et les mécanismes conduisant à l'infection de l'humain ne sont pas élucidés. Dans le cadre d'une thèse soutenue par le projet EBO-SURSY, nous avons utilisé des nouvelles approches de *polymerase chain reaction* (PCR) et de sérologie pour explorer le cycle naturel de l'EBOV à l'interface faune/animaux domestiques/humain. Entre 2018 et 2019, 923 animaux (291 chauves-souris, 157 gibiers de brousse et 475 animaux domestiques dont 79 chiens, 247 caprins et 149 ovins) ont été prélevés, dans la province de l'Ogooué-Ivindo touchée par quatre épidémies de la maladie EBOV entre 1996 et 2001, au nord-est du Gabon. La recherche d'EBOV a été réalisée par PCR digitale (dPCR) et RT-qPCR (*real-time quantitative PCR*) à partir d'échantillons de rate et de foie de chauves-souris et de viande de brousse. La recherche d'immunoglobulines G (IgG) dirigées contre la glycoprotéine (GP) et la nucléoprotéine (NP) d'EBOV a été réalisée par la technologie LuminexTM à partir du sang prélevé chez les animaux domestiques.

Les analyses par dPCR et RT-qPCR n'ont pas révélé de séquences génomiques d'EBOV. En revanche, des IgG anti-EBOV ont été détectées chez 53 des 374 animaux domestiques testés, soit une séroprévalence de 14,1 %, dont 12,7 % (7/55), 11,3 % (25/222) et 21,6 % (21/97), respectivement pour les chiens, les caprins et les ovins.

Ces résultats montrent qu'EBOV circule de manière continue dans la faune sauvage du nord-est du Gabon et que le réservoir animal serait en contacts fréquents avec les animaux domestiques hébergés dans les villages. Notre étude met en évidence la nécessité de poursuivre les recherches dans toutes les fractions de la faune sauvage pendant plusieurs années afin de ne pas passer à côté d'éventuelles hausses de l'activité virale.

Mots clés : caprins, chauves-souris, chiens, ovins, Ebola, Gabon

1.1.2 Population genetics of African fruit bats involved in ecology of Filoviridae (Ebola virus, Marburg virus) in West, Central and Southern Africa

Damien Gailly¹, Alice Mouton¹, Hélène De Nys^{2,3},Mathieu Bourgarel^{2,3}, Julien cappellet², Alexandre Caron^{2,4},Thibault Pouliquen², Fabian Leendertz⁵, Aude Lalis⁶,Violaine Nicolas⁷, Pavel Hulva⁸, Petr Benda⁹, Johan Michaux^{1,2}¹ Conservation Genetics Laboratory/INBIOs, University of Liège, Liège, Belgium² ASTRE, CIRAD, INRAE, University of Montpellier, Montpellier, France ; Petit Bourg, France³ CIRAD, UMR ASTRE, Harare, Zimbabwe⁴ Faculdade de Veterinaria, Universidade Eduardo Mondlane, Maputo, Mozambique⁵ Epidemiology of Highly Pathogenic Microorganisms, Robert Koch Institute, Berlin, Germany⁶ Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris, France⁷ Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB), Muséum national d'Histoire naturelle, CNRS, Université Sorbonne, EPHE, Université des Antilles, Paris, France⁸ Department of Zoology, Faculty of Science, Charles University, Prague, Czech Republic⁹ Department of Zoology, Natural History National Museum, Prague, Czech Republic

Damien.Gailly@doct.uliege.be

For several decades, the Filoviridae family including Ebola virus (EBOV) and Marburg virus (MARV) has been responsible for many haemorrhagic fever outbreaks in humans and great apes, mainly in Central Africa. Since 2005, several studies have shown that certain African fruit bat species might be potentially susceptible to transmit pathogens, including filovirus, between geographically distant African regions. The objective is to understand the spatial dynamics related to the migratory behaviour of these species through a study of the relationships existing between the populations of six frugivorous bat species (*Hypsignathus monstrosus*, *Epomops franqueti*, *Epomops buettikoferi*, *Eidolon helvum*, *Lissonycteris angolensis* and *Rousettus aegyptiacus*), throughout Western, Central and Southern Africa and which were found to be positive for the Zaire strain Ebolavirus. Population genetics studies are achieved by single-nucleotide polymorphism (SNP) obtained through genotyping using sequencing methods. Our research based on 328 samples of all these species from 11 countries gives a better knowledge on their mobility as well as on their genetic structures and population relationships. This information is essential to identify networks of contacts between bat populations and communities as well as interactions between humans and bats, in order to estimate risks of transfer of filoviruses among African regions. For *Eidolon helvum*, a species under focus of scientists due to its migrating behaviour as well as human cohabitation (urban roosts or feeding areas on fruit crops), 58 pooled libraries were sequenced resulting of an average of 7.2 million reads analyses per samples with 91.2% sequences retained after filtering. Analyses of these data show a panmictic distribution for *E. helvum* throughout its area distribution, implying possible transfer of virus across this area.

Acknowledgments: This project is integrated in the EU funded EBO-SURSY Project.

Keywords: Ebola, filoviridae, outbreak, disease, Chiroptera

1.1.3 Disparité géographique dans l'exposition des porcs de Guinée à des Ebola virus

Solène Grayo¹, Alimou Camara², Bakary Doukoure¹, Isabelle Ellis Bangoura¹, Cécile Troupin³, Kerstin Fischer⁴, Jessica Vanhomwegen⁵, Mickael White⁶, Martin H. Groschup⁴, Sandra Diederich⁴, Noël Tordo¹

¹ Institut Pasteur de Guinée (IPGui), Conakry, Guinée

² Centre de Recherche en Virologie, Laboratoire des Fièvres Hémorragiques Virales de Guinée (CRV-LFHVG), Conakry, Guinée

³ Institut Pasteur du Laos (IPL), Vientiane, Laos

⁴ Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Insel Riems, Greifswald, Allemagne

⁵ Environment and Infectious Risks unit (ERI), Institut Pasteur, Paris, France

⁶ Infectious Disease Epidemiology and Analytics Unit (IDEA), Institut Pasteur, Université Paris Cité, Paris, France
solene.grayo.ext@pasteur.fr

Il a été montré expérimentalement que les porcs sont des hôtes sensibles à deux espèces d'Ebolavirus : le virus Reston (RESTV) et le virus Ebola Zaire (EBOV). À ce jour, leur rôle dans l'écologie naturelle des Ebolavirus reste inconnu, et peut être différent selon l'espèce virale et l'environnement. En Afrique de l'Ouest, les études sérologiques montrent une exposition des élevages porcins à l'espèce EBOV en Sierra Leone et au Ghana. En Guinée, une collection de 900 sérums de porcs domestiques couvrant les régions d'élevage a été constituée de 2017 à 2019, entre l'épidémie d'Ebola de 2013-2016 et sa résurgence en 2021. Sur la base de différentes méthodes sérologiques telles que l'ELISA ciblant la nucléoprotéine d'EBOV (NP-EBOV), le Luminex™ ou l'immunofluorescence ciblant plusieurs protéines (NP, GP, vp40) de plusieurs espèces d'Ebolavirus, ou encore la séroneutralisation, nous avons montré une disparité géographique en termes de pourcentage d'animaux séropositifs (% IgG), comme en termes de niveau de réactivité. Alors que la capitale et sa sous-région montrent un faible nombre d'animaux positifs, deux « hot spots » d'exposition des porcs à des

Ebolavirus ont été identifiés aux antipodes du pays. Le premier au nord-ouest, sur la côte atlantique, proche de la Guinée-Bissau, montre 55,32 % de porcs positifs (26/47). Le second site se trouve au sud-est, au cœur de la Guinée forestière à la frontière du Liberia, c'est-à-dire dans la zone d'émergence d'EBOV en 2013 et 2021, où l'exposition des porcs peut atteindre 83,72 % (36/43). L'approche Luminex™ multi-cibles confirme cette différence de réactivité entre les sites, avec un profil différent selon les espèces de filovirus. Ces résultats suggèrent la circulation d'Ebolavirus ou de virus proches au sein des élevages porcins et, en fait, de futures sentinelles de l'émergence de nouveaux foyers épidémiques, notamment en Guinée forestière.

Mots clés : filovirus, cochon domestique, sérologie, Guinée

1.1.4 Large-scale bat migration at the bat/human interface: implications for disease emergence

Alexandre Caron^{1,2,10}, Julien Cappelle^{1,2}, Hélène De Nys^{1,2,9}, Elodie Schloesing^{1,2}, Ahidjo Ayoub³, Martine Peeters³, Mohamed Idriss Doumbouya⁴, Aboubacar Samoura⁵, Innocent Ndong Bass⁶, Flaubert Mba Djondzo⁶, Célia Lacomme^{1,2}, Juliette Reynier^{1,2}, Larisa Lee-Cruz^{7,8}, Morgane Labadie^{1,2}, Thibault Pouliquen^{1,2}, Mathieu Bourgarel^{1,2,9}

¹ CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier, France

² ASTRE, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

³ TransVIHMI, Institut de Recherche pour le Développement (IRD), Université de Montpellier, INSERM, Montpellier, France

⁴ Office Guinéen des Parcs Nationaux et Réserves de Faune (OGPRF), Ministère de l'Environnement, et du Développement Durable (MEDD), Conakry, Guinée

⁵ Direction Nationale des Services Vétérinaires, Ministère de l'Élevage et des Productions Animales, Conakry, Guinée

⁶ CREMER, Institut de Recherches Médicales et d'Études des Plantes Médicinales (IMPM), Yaoundé, Cameroon

⁷ CIRAD, UMR TETIS, Montpellier, France

⁸ TETIS, Univ Montpellier, AgroParisTech, CIRAD, CNRS, INRAE, Montpellier, France

⁹ CIRAD, UMR ASTRE, Harare, Zimbabwe

¹⁰ Universidade Eduardo Mondlane, Faculdade de Veterinaria, Maputo, Mozambique
alexandre.caron@cirad.fr

Frugivorous bats are involved in the ecology of Ebola viruses and other zoonotic viruses. Their role in these ecologies is still unclear; therefore, understanding bat ecology in Africa is important to better elucidate their role in viral emergence and the risk of pandemic threats. Very little is known about bat ecology, their diversity and inter-species interactions, their population dynamics, and their movement ecology; all of which determine the interface between bats and other animals, including humans. Within the EBO-SURSY project, several studies on bat ecology have been implemented.

Here we focus on Argos telemetry data on 10 individuals of *Eidolon helvum* in West and Central Africa (Guinea and Cameroon). We present their local-scale and large-scale movements, including an individual visiting 5 countries in West Africa in its year-long journey. Bats from Guinea and Cameroon preferably selected urbanized areas for roosting, over dense forest and crops. These studies provide an opportunity to review the knowledge about the species movements and migration patterns. They also help identify the main research gaps remaining in bat ecology, including: how far do bats travel? How are their populations inter-connected? Where do they feed? Which habitats are more attractive for roosting and foraging? And what are the consequences in terms of pathogen surveillance and risk of pathogen transmission to important species? Narrowing down these gaps will allow us to better understand the risks of virus spillover at the bat-human interface.

Studies on bat ecology are key to improve our understanding of their role in disease ecology, as well as to optimize epidemiological studies, and to better manage the risk of spillover at the bat/human interface.

They are also important in the frame of bat conservation given that bats play important ecological roles as they provide various ecosystem services that benefit biodiversity and agricultural systems.

Keywords: *telemetry, bat ecology, migration, bat/human interface*

1.1.5 Habitat selection in environments with contrasted anthropization degrees: the case of the Hammer-Headed bat in Central and West Africa

Elodie Schloesing^{1,2}, Célia Lacomme^{1,2}, Estelle Cumin^{1,2}, Morgane Labadie^{1,2,3}, Alexandre Caron^{1,2,5}, Rémi Chambon⁶, Hélène M. De Nys^{1,2,7}, Mathieu Bourgairel^{1,2,7}, N'Kaya-Tobi⁴, Mohamed Idriss Doumbouya⁸, Aboubacar Samoura⁹, Nicolas Courbin¹⁰, Julien Cappelle^{1,2}

¹ CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier, France

² ASTRE, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

³ Université Marien Ngouabi, Faculté des Sciences et Techniques, Brazzaville, Republic of the Congo

⁴ Ministère de l'Agriculture, de l'Élevage et de la Pêche, Direction Générale de l'Élevage, Brazzaville, Republic of the Congo

⁵ Universidade Eduardo Mondlane, Faculdade de Veterinária, Maputo, Mozambique

⁶ Université de Rennes 1, unité BOREA MNHN, CNRS 8067, SU, IRD 207, UCN, UA Rennes, France

⁷ CIRAD, UMR ASTRE, Harare, Zimbabwe

⁸ Direction Nationale des Services Vétérinaires, Ministère de l'Agriculture et de l'Élevage, Conakry, Guinea

⁹ Office Guinéen des Parcs Nationaux et Réserves de Faune (OGPNRF), Ministère de l'Environnement, et du Développement Durable (MEDD), Conakry, Guinea

¹⁰ CEF, Univ Montpellier, CNRS, EPHE, IRD, Montpellier, France
elodie.schloesing@gmail.com

Studying wildlife movement ecology in human-modified environments contributes to the characterization of wildlife-human interactions to assess risks of zoonotic-pathogen transmission.

We used satellite telemetry data from males belonging to (1) a large, and (2) a medium population of Hammer-Headed bats (*Hypsignathus monstrosus*), a lek-mating species suspected to be involved in the ecology of the Ebola virus in Africa. These populations occupied far-apart regions that differ in their degree of anthropogenic transformations: (1) a rainforest with thin strings of small villages linked by roads in Republic of the Congo and (2) an agricultural landscape dotted with villages and islands of forest remnants in Guinea. Resource selection function (RSF) modeling was used to identify patterns of foraging-habitat selection of each group of tracked males. For Guinean males, an additional RSF was used to identify their habitat preference for diurnal roosting.

Males from Republic of the Congo primarily foraged in areas that included secondary forests, fields, and villages, rather than in more intact forest. Guinean males preferred foraging and roosting in dense forest, secondary forest, and villages, rather than in agroforest. A heterogeneous pattern was observed, since 31% of Guinean individuals roosted only in dense forest, while the rest of males roosted exclusively in more anthropized habitats. Individuals that roosted in dense forest are also those with the highest probability of selecting this habitat for foraging.

Overall, *H. monstrosus* can adjust its space-use depending on anthropogenic level perturbation, using more or less anthropized habitats to meet its daily foraging and resting needs. Inter-individual variability and suspected behavioral plasticity might contribute to explaining the ability of the species to persist in landscapes with contrasting anthropogenic modifications. These data could help to implement epidemiological modeling to improve knowledge on the interactions between fruit bats, humans and domestic animals, as well as pathogen transmission routes.

Acknowledgments: Funder, European commission – EBO-SURSY project. Republic of the Congo, fieldwork team: R. Nina, F. Mouiti

Mbadinga, W. Ngoubili, D. Sandiala and R. Dassaut Mbon Obami. Contribution to project supervision and administration: F. R. Niama and J. Akiana. Guinea. Fieldwork team: A. Bountouraby Camara, A. Camara, A. Diallo, A. Béavogui, D. Koïvogui, L. Gouavogui, M. A. Sow, M. Bailo Diallo and S. Bansy.

Keywords: *bat/human interface, Ebola, Global Positioning System (GPS), Hypsignathus monstrosus, telemetry*

1.2 Chauves-souris et virus

1.2.1 Longitudinal antibody-based investigation of Ebola virus circulation in bat populations

Hélène M. De Nys^{1,2,3}, Maëli Champagne^{1,2,4},

Julien Cappelle^{1,2}, Alexandre Caron^{1,2,5}, Thibault Pouliquen^{1,2,6},

Aboubacar Samoura⁷, Mohamed Idriss Doumbouya⁸, Guillaume

Thaurignac⁴, Ahidjo Ayoub⁴, Alpha Kabinet Keita^{4,6},

Martine Peeters⁴, Mathieu Bourgairel^{1,2,3}

¹ CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier, France

² ASTRE, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

³ CIRAD, UMR ASTRE, Harare, Zimbabwe

⁴ TransVIHMI, Institut de Recherche pour le Développement (IRD), Université de Montpellier, INSERM, Montpellier, France

⁵ Faculdade de Veterinária, Universidade Eduardo Mondlane, Maputo, Mozambique

⁶ Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie de Guinée (CERFIG), Université Gamal Abdel Nasser de Conakry, Conakry, Guinea

⁷ Office Guinéen des Parcs Nationaux et Réserves de Faune (OGPNRF), Ministère de l'Environnement et du Développement Durable (MEDD), Conakry, Guinea

⁸ Direction Nationale des Services Vétérinaires, Ministère de l'Agriculture et de l'Élevage, Conakry, Guinea
helene.de_nys@cirad.fr

Ebola viruses emerge regularly on the African continent and represent a heavy public health burden of global importance. Despite extensive research efforts to identify Ebola outbreak origins and natural hosts, the ecology of Ebola viruses, including factors which drive circulation in wild reservoir populations and spill-over to other animals including humans, remain relatively enigmatic.

We are presenting a study led in Guinea which aimed at shedding light on dynamics of ebolavirus circulation in bats and related ecological drivers based on multiplex serology technology (Luminex™). We tested 1425 bat samples from Forested Guinea for antibodies against antigens from different species of Ebola viruses. Blood samples from populations of 4 fruit bat species suspected of playing a role in ebolavirus circulation, namely *Eidolon helvum*, *Hypsignathus monstrosus*, *Lissonycteris angolensis* and *Rousettus aegyptiacus*, were collected longitudinally over an 18-month period. The influence of bat species, age, gender, and season on the presence of antibodies against Ebola viruses was tested. Significant positive effects related to *Eidolon helvum* and *Rousettus aegyptiacus* species, males, sexually immature adults, and dry season on antibody detection suggest that these factors may play a role in ebolavirus ecology.

We discuss the utility, related challenges, and limitations of this approach, and to what extent it is a useful tool to guide further research and inform surveillance, prevention and awareness strategies, and explore future avenues of research to better understand the role of bats in ebolavirus emergence.

Acknowledgments: all the field staff who contributed to the data collection: Aboubacar Diallo, Pierre Kabinet Kamano, Mamadou Aliou Bah, Jean Paul Guilavogui, Mamadou Aliou Sow, Aboubacar Camara Bountouraby, Aboubacar Camara, Fassou Kourouma, KoïKoï Sakouvgui. EBO-SURSY project, funded by the European Union,

and the EbOHealth project, funded by I-SITE MUSE, for supporting this study.

Keywords: Ebola, filoviruses, fruit bats, Guinea, zoonoses, seroprevalence, ecology

1.2.2 High diversity of coronaviruses and evidence for SARS-CoV related coronaviruses circulating in bats in West and Central Africa

Audrey Lacroix¹, Dowbiss Meta Djomsi², Abdoul Karim Soumah³, Eddy Kinganda Lusamaki⁴, Asma Mesdour¹, Raisa Raulino¹, Amandine Esteban¹, Innocent Ndong Bass², Flaubert Auguste Mba Djonzo², Souana Goumou³, Simon Pierre Ndimbo-Kimugu⁴, Guy Lempu⁴, Placide Mbala Kengebeni^{4,5}, Daniel Mukadi Bamuleka^{4,5}, Jacques Likofata⁶, Jean-Jacques Muyembe Tamfum^{4,5}, Abdoulaye Toure^{3,7}, Eitel Mpoudi Ngole^{2,†}, Charles Kouanfack², Éric Delaporte¹, Alpha Kabinet Keita^{1,3,7}, Steve Ahuka-Mundeke^{4,5}, Ahidjo Ayoub¹, Martine Peeters¹

¹ TransVIHMI, Université de Montpellier, Institut de Recherche pour le Développement, INSERM, Montpellier, France

² Centre de Recherche sur les Maladies Émergentes et Réémergentes (CREMER), Yaoundé, Cameroon

³ Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie de Guinée (CERFIG), Université Gamal Abdel Nasser (UGANC), Conakry, Guinea

⁴ Institut National de Recherche Biomédicale (INRB), Kinshasa, Democratic Republic of the Congo

⁵ Service de Microbiologie, Cliniques Universitaires de Kinshasa, Kinshasa, Democratic Republic of the Congo

⁶ Laboratoire Provincial de Mbandaka, Mbandaka, Democratic Republic of the Congo

⁷ Département de santé publique, Faculté des sciences et techniques de santé, Université Gamal Abdel Nasser (UGANC), Conakry, Guinea

[†] E. M. N. deceased on 27 September 2021

audrey.lacroix@ird.fr

Bats have been recognized as an important reservoir of zoonotic coronaviruses (CoVs). Intertropical Africa hosts a high diversity of bats but the current knowledge on the circulation of CoVs in African bats is still limited, especially at the interface with human populations. We tested swabs from 4,597 bats (897 from the Democratic Republic of the Congo, 2,191 from Cameroon and 1,509 from Guinea) with a broadly reactive PCR in the RdRp region. Coronaviruses were detected in 903 (19.6%) bats and in all species, with more than 25 individuals tested for each species. The highest prevalence was observed in *Eidolon helvum* (239/733; 39.9%) and *Rhinolophus* sp. (306/899; 34.1%), followed by *Hipposideros* sp. (61/291; 20.9%). Frugivorous bats were predominantly infected with beta-CoVs from the Nobecovirus subgenus (93.8%), including at least 6 species/genus-specific subclades. Insectivorous bats were infected with beta-CoVs from the subgenera Nobecovirus (8.5%), Hibecovirus (32.8%), Merbecovirus (0.5%) and Sarbecovirus (57.6%) to which SARS-CoV-2 belongs, and with a high diversity of alpha-CoVs.

We attempted full-length genome sequencing using a subset of positive samples using a hybridization probe capture approach. Overall, we recovered 90% of the genome for 18 new coronaviruses from the DuvinaCoV, NobecoV and Sarbecovirus subgenera, including 6 near-full genomes (>98%, Nobecovirus). For the majority of the new sequences, the highly diverse spike gene region was not recovered. Overall, our study shows a high prevalence and genetic diversity of coronaviruses in bats and illustrates that *Rhinolophus* bats in Africa are infected at high levels with the Sarbecovirus subgenus. It is thus important to characterize in more detail bat coronavirus lineages for their potential to infect humans and their evolution, and to study frequency and modes of contact between humans and bats in Africa using a One health approach. Nevertheless, our work also illustrates that

extensive genomic characterization of coronavirus in bats remains challenging.

Keywords: coronavirus, bat, Africa, Sarbecovirus, *Rhinolophus*

1.2.3 I'm listening, who is it? Acoustic monitoring of two colonies of cave bats in Republic of the Congo

Morgane Labadie^{1,2}, Serge Morand³, Hélène de Nys^{1,2,4}, Alexandre Caron¹, N'Kaya-Tobi⁵, Fabien Roch Niama⁶, Mathieu Bourgarel^{1,2,4}

¹ CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier, France

² ASTRE, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

³ MIVEGEC – Centre National de Recherche Scientifique (CNRS) – Institut de Recherche pour le Développement (IRD) – Montpellier Université, Montpellier, France

⁴ CIRAD, UMR ASTRE, Harare, Zimbabwe

⁵ Direction Générale de l'Élevage, Brazzaville, Republic of the Congo

⁶ Laboratoire National de Santé Publique, Brazzaville, Republic of the Congo

morgane.labadie@cirad.fr

In a context of increasing zoonotic epidemics at the human-animal interface, acquiring knowledge on the ecology of wild reservoir species is essential. Bats, which are the mammal group with the most individuals, are suspected to be the source and reservoir of many zoonotic pathogens, and their ecology is still poorly understood, particularly in Africa. For this reason we conducted a study on the influence of seasonal variations on population dynamics of cave-dwelling insectivorous bat communities of Central Africa.

A passive acoustic monitoring protocol was implemented at the entrance of two caves hosting colonies of insectivorous bats in the Niari Department of the Republic of the Congo. Environmental sensors for temperature and humidity were also placed inside and outside the caves. The objective was to explore the seasonal variations of the species richness, relative abundance, and composition of cave-dwelling insectivorous bat communities. To identify the bat calls (approximately 684,333 audio files), and to quantify the activity and abundance of species in the two caves of our study, the Tadarida classifier was used and the method of Revilla-Martina *et al.*, respectively.

Preliminary results of the acoustic component based on approximately 120 days of bat emergence, spread over one year with the presence and activity of at least four families of insectivorous bats (*Hipposideridae*, *Vespertilionidae*, *Mioniopteridae*, *Rhinolophidae*), are presented. These results improve our knowledge on movement dynamics of insectivorous bats in the Republic of the Congo and potentially help to identify the ecological factors and risk periods that can promote viral transmission dynamics. They also provide future research avenues and limits for the use of this technique to study bat ecology.

Acknowledgments: Laboratoire National de Santé Publique de Brazzaville, Republic of the Congo, F. Niama; Direction Générale de l'Élevage, Brazzaville, Republic of the Congo, T. N'Kaya, F. Nguilili; and fieldwork team, C. Bazola, N. Nguimbi, R. Dimoukissi, R. Nguimbi.

Keywords: Chiroptera, bioacoustics, population dynamics, passive acoustics monitoring (PAM)

1.2.4 Bat/animal/human interface in caves of East and Central Africa: who contributes to bat-borne pathogen dissemination?

Morgane Labadie^{1,2}, Célia Lacomme^{1,2}, Serge Morand³, Alexandre Caron^{1,2}, N'Kaya Tobi⁴, Fabien Roch Niama⁵, Mohamed Idriss Doumbouya⁶, Aboubacar Samoura⁷, Souana Goumou⁸, Alpha Kabinet Keita^{8,9}, Mathieu Bourgarel^{1,2,10}, Hélène De Nys^{1,2,10}

¹ CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier, France

² ASTRE, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

³ MIVEGEC – Centre National de Recherche Scientifique (CNRS) – Institut de Recherche pour le Développement (IRD) – Université de Montpellier, Montpellier, France

⁴ Direction Générale de l'Élevage, Brazzaville, Republic of the Congo

⁵ Laboratoire National de Santé Publique, Brazzaville, Republic of the Congo

⁶ Direction Nationale des Services Vétérinaires, Ministère de l'Élevage et des Productions Animales, Conakry, Guinea

⁷ Office Guinéen des Parcs Nationaux et Réserves de Faune (OGPNRF), Ministère de l'Environnement et du Développement Durable (MEDD), Conakry, Guinea

⁸ Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie de Guinée (CERFIG), Université Gamal Abdel Nasser de Conakry, Conakry, Guinea

⁹ TransVIHMI, Université de Montpellier, Institut de Recherche pour le Développement (IRD), INSERM, Montpellier, France

¹⁰ CIRAD, UMR ASTRE, Harare, Zimbabwe

morgane.labadie@cirad.fr

Little is known about the transmission mechanisms of zoonotic viruses between bats and bridge hosts. Caves are key habitats for many bat species, which use them as resting and refuge places as well as breeding and parturition sites. Caves, their bats and their guano attract many other animals that interact with bats and potentially create hotspots for interspecies pathogen transmission, which can promote pathogen dissemination outside the cave.

Four caves hosting colonies of insectivorous bats were investigated: two caves (Mont Belo and Boundou) in the Republic of the Congo and two caves (Koundindé and Samyankhouré) in the Republic of Guinea. We set up a camera-trap monitoring protocol for at least 15 months at the entrance and inside each cave with the aim to characterize the sharing of the caves' ecological niches and interactions between bats, human and other animals.

Our results demonstrate the diversity and complexity of the trophic chains around and within these caves hosting bat colonies. We found mainly rodents, but also numerous insects, birds, reptiles, and carnivores using the caves. We identified temporal variation in the usage of the cave by these animals, and emphasized interactions between humans, wildlife and bat colonies that could trigger pathogen transmission. Examples of trophic chains that were identified include: bats–guano–rodents–humans; predation of bats by different animals and wildlife hunting by humans. The role of insects in zoonotic virus ecology remains largely unexplored, despite clear transmission pathways in the cave. This study highlights transmission pathways between cave-dwelling bats, bridge hosts and humans that can guide the surveillance of viruses at the bat human interface.

Acknowledgments: funder, European project – EBO-SURSY project; fieldwork team, Republic of the Congo, F. Nguilili, C. Bazola, N. Ngumbi, R. Dimoukissi, R. Ngumbi. Fieldwork team, Guinea: A. Bountouraby Camara, A. Camara, A. Diallo, B. Diallo, D.M. Haba, F. Malik, M. Aliou Sow, M. Doumbouya, O.O.P. Kolie, S. Goumou.

Keywords: African bats, wildlife interface, intermediate hosts, camera traps, zoonotic disease transmission

1.2.5 Extensive survey and analysis of factors associated with presence of antibodies to Ebola viruses in bats from West and Central Africa

Martine Peeters¹, Maeliss Champagne¹, Innocent Ndong Bass², Souana Goumou⁴, Simon-Pierre Ndimbo Kumugo³, Audrey Lacroix¹, Amandine Esteban¹, Dowbiss Meta Djoms², Placide Mbala Kingebeni^{3,5}, Flaubert Auguste Mba Djonzo², Guy Lempu³, Guillaume Thaurignac¹, Eitel Mpoudi Ngolle², Éric Delaporte¹, Charles Kouanfack², Daniel Mukadi Bamuleka^{3,5}, Jacques Likofata⁶, Jean-Jacques Muyembe Tamfum^{3,5}, Helene M. De Nys⁷, Julien Cappelle⁸, Abdoulaye Toure⁴, Alpha Keita⁴, Steve Ahuka Mundeke^{3,5}, Ahidjo Ayoub¹

¹ TransVIHMI; Université de Montpellier, INSERM, Institut de Recherche pour le Développement, Montpellier, France

² Centre de Recherche sur les Maladies Émergentes et Réémergentes (CREMER), Yaoundé, Cameroon

³ Institut National de Recherche Biomédicale (INRB), Kinshasa, Democratic Republic of the Congo

⁴ Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie de Guinée (CERFIG), Conakry, Guinea

⁵ Service de Microbiologie, Cliniques Universitaires de Kinshasa, Kinshasa, Democratic Republic of the Congo

⁶ Laboratoire Provincial de Mbandaka, Mbandaka, Democratic Republic of the Congo

⁷ ASTRE, CIRAD, Harare, Zimbabwe

⁸ ASTRE, CIRAD, INRAE, Université de Montpellier, Montpellier, France

martine.peeters@ird.fr

In order to better understand the role of bats as reservoir species for Ebola viruses, we studied the seroprevalence in bats from Cameroon, Democratic Republic of the Congo (DRC) and Guinea, three countries with high potential for the emergence of Ebola viruses in humans. A total of 9,594 bats (5,972 frugivorous and 3,622 insectivorous) were tested with a Luminex™-based serological assay including recombinant antigens of four Ebolavirus species. Prevalence is expressed as a range according to different cut-off calculations used. Between 6.1% and 18.9% bat samples reacted with at least one ebolavirus antigen, the highest reactivity was seen with glycoprotein (GP) antigens. Seroprevalence varied per species and was higher in frugivorous than insectivorous bats, 9.1-27.5% versus 1.3-4.6% respectively. Seroprevalence in male (13.5%) and female (14.4%) bats was comparable and was higher in adult (14.9%) versus juvenile (9.4%) bats ($p < 0.0001$). Moreover, seroprevalence was highest in subadults (45.4%) when compared to mature adults (19.2%; $p < 0.0001$). Lower, but not significant, seropositivity was seen in gestating (8.4%) versus non gestating (11.3%) females and seroprevalence was comparable between lactating (14.7%) and non-lactating (13.6%) bats. Overall, our data suggest that spill over events are most likely to occur from young bats. More long-term studies are needed to identify birthing pulses for the different bat species in diverse geographic regions, and to increase the chances to detect viral RNA in order to document the genetic diversity of filoviruses in bats as well as their pathogenic potential for humans. Frugivorous bats seem more likely to be reservoirs of Ebola viruses, but the role of insectivorous bats has to also be further examined.

Keywords: Ebola, bat, Africa, seroprevalence

1.3 Autres zoonoses prioritaires actuelles et futures : fièvre de Lassa, variole du singe, HTLV, CCHF, RVF, SARS-CoV-2 et autres

1.3.1 Signature sérologique de la circulation de zoonoses virales chez les ruminants en Guinée

Isabelle Bangoura-Ellis¹, Cécile Troupin¹, Bakary Doukouré¹, Alimou Camara¹, Moustapha Keita², Moïse Kagbadouno³, Jean-Mathieu Bart⁴, Ramadan Diallo⁵, Sandra Lacote⁶, Philippe Marianneau⁶, Martin H. Groschup⁷, Noël Tordo¹

¹ Institut Pasteur de Guinée (IPGui), Conakry, Guinée

² Institut Supérieur des Sciences et de Médecine Vétérinaire, Dalaba, Guinée

³ Programme National de Lutte contre la Trypanosomiase Humaine Africaine, Conakry, Guinée

⁴ UMR INTERTRYP IRD-CIRAD, Université de Montpellier, Montpellier, France

⁵ Laboratoire Central Vétérinaire de Diagnostic, Conakry, Guinée

⁶ ANSES, Lyon laboratory, Virology Unit, Lyon, France

⁷ Friedrich-Loeffler-Institut, Institute of Novel and Emerging Infectious Diseases, Greifswald, Insel Riems, Allemagne

Isabelle.ELLIS@pasteur-guinee.org

Afin d'évaluer le rôle intermédiaire que les animaux domestiques peuvent jouer dans la transmission de fièvres hémorragiques virales et autres maladies zoonotiques aux humains, nous avons collecté, entre 2017 et 2019, 1 357 sérums de bovins (463), de caprins (408) et d'ovins (486) dans 17 préfectures couvrant l'essentiel du territoire de la Guinée. Nous avons évalué par test ELISA les traces de la circulation en Guinée de trois pathogènes zoonotiques provoquant des avortements chez les ruminants : la fièvre de la vallée du Rift (FVR), la brucellose et la fièvre Q, connues pour entraîner d'importantes pertes économiques en Afrique. La fièvre Q, répandue dans tout le pays, est la zoonose la plus fréquemment détectée, avec une séroprévalence moyenne de 20,5 %, 4,4 % et 2,3 % chez les bovins, caprins et ovins, respectivement. Elle est suivie de la FVR avec 16,4 %, 1 % et 1 %, respectivement. La brucellose est principalement concentrée en Guinée occidentale avec 11,0 %, 0 % et 0,4 %, respectivement. Parmi les échantillons, 19,3 % sont séropositifs pour au moins une des trois zoonoses ; 2,5 % présentent des anticorps spécifiques contre deux ; et quatre bovins (0,8 %) sont séropositifs pour les trois agents pathogènes. Ce sont d'ailleurs les bovins, notamment les femelles de plus de 3 ans, qui présentent la séroprévalence la plus élevée tous pathogènes confondus (5 à 20 fois plus élevée que chez les petits ruminants), ce qui peut s'expliquer par leur plus grand risque d'exposition en fonction de l'âge et du nombre de mises bas.

Cette étude confirme la circulation de ces trois pathogènes zoonotiques en Guinée et plaide pour la mise en place d'une surveillance syndromique des avortements chez les ruminants par les autorités vétérinaires ainsi que pour le dépistage de la population humaine à risque (vétérinaires, éleveurs, abatteurs) dans une perspective Une seule santé.

Mots clés : brucellose, fièvre Q, fièvre de la vallée du Rift, ruminants domestiques, sérologie, Guinée

1.3.2 Détection de SARS-CoV-2 dans les eaux usées de Conakry, Guinée

Yann Le Pennec¹, Bakary Doukouré¹, Vincent Maréchal², Noël Tordo¹, Pierre Roques¹

¹ Institut Pasteur de Guinée (IPGui), Conakry, Guinée

² Université Paris-Cité, Observatoire Épidémiologique dans les Eaux Usées (OBEPINE), France

Yann.LEPENNEC@pasteur-guinee.org

Avec l'émergence du SARS-CoV-2, responsable de la pandémie de Covid-19, la surveillance des pathogènes présents dans les eaux usées, ou « *wastewater surveillance* », a pris un nouvel essor pour le suivi en temps réel des épidémies. En effet, la détection et la quantification du matériel génétique du SARS-CoV-2 dans les eaux usées en France (Réseau OBEPINE) et ailleurs dans le monde ont permis de rendre compte de la circulation de la Covid-19 dans la population ainsi que de l'émergence de nouveaux mutants. L'apport d'un tel suivi environnemental est d'autant plus important en Guinée lorsque les structures de santé ne sont plus à même d'effectuer un nombre suffisant de diagnostics (l'Organisation mondiale de la santé [OMS] demande 100 tests pour 100 000 habitants). En outre, la « *wastewater surveillance* » présente une économie non négligeable en comparaison du suivi communautaire par dépistage systématique.

L'objectif de cette étude était de démontrer la faisabilité de la « *wastewater surveillance* » à Conakry. Après avoir identifié les réseaux d'eaux usées, nous avons recherché de janvier 2022 à mars 2023 la présence de SARS-CoV-2 par RT-qPCR (*real-time quantitative polymerase chain reaction*) dans différents sites du centre-ville (Kaloum) : l'hôpital public Ignace Deen et cinq bassins de collecte. Nous avons mis au point une méthodologie de filtration, concentration, précipitation des eaux usées permettant de détecter le SARS-CoV-2 dans les conditions climatiques et environnementales inhérentes à la Guinée (eaux chaudes, grande variabilité des précipitations, etc.). Nous avons montré que la détection du SARS-CoV-2 était corrélée avec les pics et les creux épidémiques de la Covid-19 rapportés par l'Agence nationale de sécurité sanitaire (ANSS) pendant l'année 2022. De plus, en dépit du faible nombre de diagnostics réalisés en 2023, nous montrons une circulation continue des mutants de SARS-CoV2.

Ces résultats plaident pour une extension de cette méthode globale de suivi à d'autres pathogènes véhiculés par les eaux usées et pour un renforcement de la surveillance des pathogènes viraux identifiés en clinique.

Mots clés : eaux usées, SARS-CoV2, Covid, détection moléculaire

1.3.3 Risks of SARS-CoV-2 endemization in wildlife from the Republic of the Congo

Léadisaëlle Hosanna Lenguiya¹, Matthieu Fritz², Daphné de Riols De Fonclare³, Sandrine Corbet³, Pierre Becquart², Christophe Mbou⁴, Ruben Junias Nguie⁴, Wivine Salva Mouellet⁵, Jordy Exaucé Lyelet Demboux¹, N'kaya-Tobi⁴, Pembe Issamou Mayengue^{1,5}, Félix Koukouikila-Koussounda^{1,5}, Meriadeg Ar Gouilh³, Eric M. Leroy², Fabien Roch Niam^{1,5}

¹ Faculté des Sciences et Techniques, Université Marien Ngouabi, Brazzaville, Republic of the Congo

² Institut de Recherche pour le Développement, Unité Mixte de Recherche Mivegec, Montpellier, France

³ UNICAEN, Univ. Rouen Normandie, Inserm Dynamicure UMR 1311, Department of Virology, Caen, France

⁴ Direction Générale de l'Élevage, Brazzaville, Republic of the Congo

⁵ Laboratoire National de Santé Publique, Brazzaville, Republic of the Congo

hosannelenguiya@gmail.com

The socio-ecological similarities between the tropical forest regions of Africa and those of South-East Asia, combined with the extraordinary propensity of SARS-CoV-2 to cross the species barrier and infect a wide variety of animals, suggest the risk of the virus being introduced into wildlife and adapted to new zoonotic reservoirs.

To assess the occurrence of SARS-CoV-2 circulation in Congolese fauna, we conducted a two-year study in the frame of our PhD with EBO-SURSY Project support. This study first consisted of detecting SARS-CoV-2 genome by qPCR (quantitative polymerase chain reaction) in pets living in Covid-19-positive households in Brazzaville and its surroundings. Whole genome sequencing was then performed using a combined Ampliseq approach and MinION Nanopore technology. Of 100 pets included in this study, 14 tested positive. Sequencing analyses showed the simultaneous circulation of three SARS-CoV-2 variants and a putative recombinant variant between viruses from clades 20B and 20H. This also revealed long viral shedding times, reaching more than two weeks in a cat. At the end of the study, the animals studied were blood sampled and tested for antibodies against SARS-CoV-2 by Luminex™. We found a high seroprevalence of 38.6% in the 75 animals sampled.

In the second step, we autopsied 96 rodents captured in three Brazzaville health facilities most visited by Covid-19 patients. Viral genome and antibodies were tested in faeces and blood samples, respectively. While we did not detect SARS-CoV-2 RNA using PCR, we found that 9.4% of the 96 rodents had specific antibodies, suggesting infection or at least exposure to SARS-CoV-2.

Considering the interactions between humans, pets and wildlife from tropical forest regions of Africa, our results highlight the benefits of a One Health approach including SARS-CoV-2 diagnosis and surveillance of viral diversity in susceptible animals in order to quickly manage interspecies transmission and spillback events.

Keywords: SARS-CoV-2, pet, rodent, recombination, Africa

1.3.4 Surveillance of Lassa virus in Côte d'Ivoire

Emmanuel Couacy-Hymann^{1,2}, Leonce Kouadio^{2,3}, Fabian Leenderstz^{4,5}

¹ Centre National de Recherche Agronomique de Côte d'Ivoire, Bingerville, Côte d'Ivoire

² Laboratory for innovative research on emerging diseases and diagnostics CNRA-LIRED, Bingerville, Côte d'Ivoire

³ Université Peleforo Gon Coulibaly (UPGC), Korhogo, Côte d'Ivoire

⁴ *Helmholtz Institute for One Health, Greifswald, Germany*

⁵ *University of Greifswald, Greifswald, Germany*
 chymann@gmail.com

The present study aimed to investigate zoonotic pathogens in rural populations in the northern region of Côte d'Ivoire. For this purpose, 573 small mammals were trapped within the period 2013-2015 in 25 villages. Lung specimens were collected and screened for the presence of Lassa virus (LASV) RNA by using a real-time PCR (polymerase chain reaction) system amplifying a 400-bp fragment of the large genomic segment followed by a sequencing of the products and phylogenetic analysis. Furthermore, 396 human serum samples (82 and 314 from rural and urban populations, respectively) were collected from the populations living in the same area where small mammals were trapped.

A total of 14 animal species representing 8 genera were detected based on sequencing a fragment of the mitochondrial cytochrome *b* gene. Out of 573 small mammals trapped, 22 *Mastomys natalensis* were positive with the detection of LASV, with the full genome determined in 13 of the 22 positive samples. According to phylogenetic analyses performed in maximum likelihood and Bayesian frameworks, LASV sequences identified in multimammate rats from Côte d'Ivoire formed a robust clade with sequences from the human AV strain and the LASV infecting multimammate rats in Southern Mali. The analysis of collected serum samples showed a seroprevalence of 38.5% (121/314) and 95% (78/82) for urban and rural populations, respectively. The results confirmed the circulation of Lassa virus in the northern region in small mammal populations with an active transmission to both rural and urban human populations.

Keywords: *Arenavirus, Lassa virus, RT-technique, Côte d'Ivoire, zoonotic diseases*

1.3.5 Utilisation des fourmis légionnaires du genre *Dorylus* dans la caractérisation du virome de l'écosystème forestier tropical et la surveillance active des zoonoses virales

Eric M. Leroy¹, Matthieu Fritz¹, Bérénice Reggiardo^{2,3}, Denis Filloux^{2,3}, Lisa Claude^{2,3}, Emmanuel Fernandez^{2,3},

Frédéric Mahé^{2,3}, Simona Kraberger⁴, Joy M. Custer⁴,

Pierre Becquart¹, Telstar Ndong Mebale⁵,

Linda Bohou Kombila⁵, Lédisaëlle H. Lenguiya^{6,7},

Illich M. Mombo⁵, Gaël D. Maganga^{5,8}, Fabien R. Niama^{6,7},

Mylène Ogiastro⁹, Michel Yvon³, Darren P. Martin¹⁰,

Stéphane Blanc³, Arvind Varsani^{4,10}, Philippe Roumagnac^{2,3}

¹ *Institut de Recherche pour le Développement (IRD), Maladies Infectieuses et Vecteurs, Écologie, Génétique, Évolution et Contrôle (MIVEGEC) (Université de Montpellier – IRD 224 – CNRS 5290), Montpellier, France*

² *CIRAD, UMR PHIM, Montpellier, France*

³ *PHIM Plant Health Institute, Université de Montpellier, CIRAD, INRAE, Institut Agro, IRD, Montpellier, France*

⁴ *The Biodesign Center for Fundamental and Applied Microbiomics, Center for Evolution and Medicine, School of Life Sciences, Arizona State University, Tempe, AZ, États-Unis*

⁵ *Centre Interdisciplinaire de Recherches Médicales de Franceville, Franceville, Gabon*

⁶ *Laboratoire National de Santé Publique, Brazzaville, République du Congo*

⁷ *Université Marien Ngouabi, Brazzaville, République du Congo*

⁸ *Université des Sciences et Techniques de Masuku (USTM), Institut National Supérieur d'Agronomie et de Biotechnologies (INSAB), Franceville, Gabon*

⁹ *INRA – Université de Montpellier UMR DGIMI, Montpellier, France*

¹⁰ *Division of Computational Biology, Department of Integrative Biomedical Sciences, Institute of Infectious Diseases and Molecular Medicine, University of Cape Town, Cape Town, Afrique du Sud*

¹¹ *Structural Biology Research Unit, Department of Integrative Biomedical Sciences, University of Cape Town, Observatory, Cape Town, Afrique du Sud*
 eric.leroy@ird.fr

Les récentes épidémies infectieuses virales, dont la plupart ont émergé au sein des forêts tropicales humides, mettent en lumière notre ignorance du virome de ces écosystèmes. On estime que seulement 1 % des virus d'eucaryotes présents sur Terre seraient connus, ce qui entrave considérablement le contrôle précoce de tout événement épidémique nouveau. Une telle méconnaissance est principalement due à l'extrême difficulté d'obtenir du matériel biologique dans ces écosystèmes particulièrement denses où les animaux sont difficilement accessibles. Afin de pallier cette carence, nous proposons d'utiliser les fourmis légionnaires (magnan) du genre *Dorylus* comme stratégie indirecte d'échantillonnage de la faune sauvage. Ces fourmis ont en effet la particularité de se déplacer en colonies de milliers d'ouvrières pour consommer, en grandes quantités, une large variété d'animaux vertébrés vivants ou morts, d'arthropodes et de plantes. Dans le cadre d'une étude pilote, 209 fourmis légionnaires ont été collectées sur les pistes au nord-est du Gabon. Au moyen de techniques de métagénomique virale appliquées à chacune de ces fourmis, nous avons détecté un nombre exceptionnel de séquences génomiques, appartenant à 157 genres viraux différents et 56 familles virales, soit près de 443 645 séquences supérieures à 200 nucléotides, dont 46 377 (10,5 %) s'apparentaient à des séquences de virus de bactéries, de plantes, d'invertébrés et de vertébrés. Au total, seules 22 406 des 46 377 séquences (48,3 %) présentaient une similarité avec des genres viraux reconnus par le Comité international de taxonomie des virus. Les séquences virales restantes (51,7 %) n'ont pu être assignées qu'au niveau du domaine viral (24 %), de l'ordre viral (3 %) ou de la famille virale (24,7 %), révélant la présence de très nombreux virus encore inconnus. Ces travaux pionniers et novateurs démontrent que les fourmis légionnaires peuvent accumuler une diversité extraordinaire de séquences génomiques des virus de leurs proies. Les fourmis légionnaires pourraient donc se révéler précieuses dans l'exploration du virome des écosystèmes forestiers tropicaux ainsi que dans la mise en place d'une stratégie novatrice et non invasive de surveillance active des zoonoses virales dans un environnement où les émergences sont fréquentes.

Mots clés : *zoonose, virus, fourmi, métagénomique, émergence*

1.3.6 Evidence for circulation of Rift Valley fever virus in wildlife in a forest environment in Gabon, central Africa

Linda Bohou Kombila¹, Pierre Becquart², Telstar Ghestin Ndong Mebale², Aurélie Pédarrieu^{3,4}, Déborah Garcia¹,

Nicolas Nesi⁵, Jessica Vanhomwegen⁶, Camille Piro-Mégy^{3,4},

Matthieu Fritz¹, Hosanna Lenguiya², Meriadeg Ar Gouilh⁵,

Éric Leroy¹, Nadine N'Dilimabaka², Catherine Cêtre-Sossah^{3,4},

Gael Darren Maganga²

¹ *Unité Émergence des Maladies Virales, Centre Interdisciplinaire de Recherches Médicales de Franceville (CIRMF), Franceville, Gabon*

² *UMR (IRD 224/CNRS 5290/UM1-UM2), Institut de Recherche pour le Développement, Montpellier, France*

³ *CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier, France*

⁴ *ASTRE, Université de Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France*

⁵ *UNICAEN, Université de Rouen Normandie, INSERM DYNAMICURE UMR 1311, Département de Virologie, Caen, France*

⁶ *CIBU, Institut Pasteur de Paris, France*
 bohoulombilalinda@gmail.com

Rift Valley fever (RVF) is a mosquito-borne viral zoonosis caused by RVF virus (RVFV), a member of the *Phlebovirus* genus (family *Phenuiviridae*). Although the cycle of RVFV infection in savannah regions is well documented in Africa, its distribution in tropical

rainforest areas has been poorly investigated. In the context of a PhD with the support of the EBO-SURSY project, we conducted a study in the Northeast of Gabon (province of Ogooué-Ivindo) mainly composed of primary forest to evaluate the circulation of RVFV among hunted wildlife animals, displayed roadside and sold for consumption. Among a total of 163 animal samples collected, four animals from *Cephalophus* species were detected positive to RVFV by PCR (polymerase chain reaction). Phylogenetic analysis revealed a close proximity of the four sequences of RVFV from Gabon with the nucleotide sequence of Namibia 2004 and the Egyptian clade A. A cross-sectional survey in populations of sheep and goats living in villages within the same area was also conducted to determine the prevalence of immunoglobulin G (IgG) specific to RVFV in small ruminants. From a total of 306 animals (214 goats and 92 sheep), an overall RVFV specific

antibody prevalence of 15.4% was found by ELISA. Unexpectedly, our study showed that the prevalence of anti-RVFV antibodies was higher in goats compared to sheep (20.1% versus 3.3%), suggesting a greater sensitivity or exposure of goats to RVFV. Age, sex, and season were not significant risk factors. Our findings highlight the risk of RVF for domestic ruminants bred in this region and for the human rural population living in contact with these animals. In addition, they emphasize the need to develop adequate control measures to limit this public health threat, such as awareness campaigns for villagers on the risk of RVFV infection through the manipulation of contaminated animals.

Keywords: Rift Valley fever virus, forest, wildlife, small ruminants, Gabon

Thème 2

Nouvelles méthodes sérologiques et moléculaires pour la détection et la caractérisation des maladies zoonotiques émergentes et réémergentes

10 octobre 2023

2.1 Méthodes sérologiques (Luminex™...)

2.1.0 Non-invasive and indirect methods for the study of pathogens and biodiversity

Fabian Leendertz^{1,2}

¹ Helmholtz Institute for One Health, Greifswald, Germany

² University of Greifswald, Greifswald, Germany

fabian.leendertz@helmholtz-hioph.de

The One Health concept considers the interplay of human health with animal health, biodiversity and climate as well as other ecological and social factors. Due to its transdisciplinary approach, the One Health concept is ideally suited to study the emergence and spread of zoonoses but also antimicrobial resistance.

However, successful comprehensive sampling of humans, animals, and the environment require innovative methods, because comprehensive sampling of single individuals (humans and animals) as well as the environment are often not appropriate or realistic. Additionally, some wildlife species, such as great apes and other primates, cannot be anesthetized for ethical and loss of habitat status reasons. Circumventing these obstacles, we have developed non-invasive and indirect methods over the last 20 years for our studies in the tropics of Africa. The methods aim at molecular identification of biodiversity as well as different pathogen spectra and include a wide range of non-invasive samples such as feces and urine, sampling of wastewater, but also indirect sampling via fly analysis.

Keywords: One Health, wildlife, sampling, Africa, biodiversity

2.1.1 Séroprévalences anti-SARS-CoV-2 et risque de réinfection au Covid-19 dans la population guinéenne au cours des deux premières vagues épidémiques

Solène Grayo¹, Houlou Sagno¹, Oumar Diassy², Jean-Baptiste Zogbelemou³, Sia Jeanne Kondabo⁴, Chaouki Benabdessalem⁵, Mélika Ben Ahmed⁵, Noël Tordo¹

¹ Institut Pasteur de Guinée (IPGui), Conakry, Guinée

² Agence Nationale de Sécurité Sanitaire, Conakry, Guinée

³ Centre médico-social de l'ambassade de France, Conakry, Guinée

⁴ Clinique Ambroise Paré, Conakry, Guinée

⁵ Institut Pasteur de Tunis, Tunis, Tunisie

solene.grayo.ext@pasteur.fr

La persistance des anticorps anti-SARS-CoV-2 a été estimée sur 200 patients du Grand-Conakry naturellement infectés entre mars 2020 et avril 2021, traités au CHU de Donka, sortis guéris et n'ayant pas été vaccinés. Leur séroprévalence a été mesurée de 2,5 à 15 mois après l'infection à l'aide d'un test ELISA utilisant comme cible antigénique des protéines recombinantes du domaine de liaison au récepteur de la sous-unité S1 de la protéine Spike du SARS-CoV-2 (S-RBD ou *receptor binding domain*). Les données démographiques (sexe, âge), cliniques, thérapeutiques et virologiques (durée de positivité et valeur de la charge virale durant l'infection) ont été enregistrées. La cohorte était composée d'une majorité d'hommes (61 %, 122/200) dans la tranche d'âge 35-60 ans, et de 90 % (180/200) d'Africains principalement guinéens (172/200).

Durant leur hospitalisation, les personnes âgées montraient une valeur de Ct (*cycle threshold*) plus élevée (33,44) et une durée de positivité plus courte (13,05 jours) que les 35-60 ans (30,98 Ct et 18,41 jours).

L'ELISA a révélé que 73 % (146/200) des sérums étaient positifs et présentaient des immunoglobulines G (IgG) anti-S-RBD en moyenne jusqu'à 9 mois après l'infection. Aucune association entre la séroprévalence et le sexe n'a été montrée. Toutefois, le niveau de séroprévalence était significativement plus élevé chez les participants âgés (> 60 ans) (95 % IgG +, *odds ratio* [OR] : 9,69 ; *p* = 0,044), avec une détection d'anticorps IgG jusqu'à 12 mois après l'infection.

Ces résultats démontrent que l'immunité naturelle acquise durant les premières vagues épidémiques et/ou préépidémiques préexistantes, présente chez les personnes âgées, pourrait contribuer à la persistance des anticorps et à réduire le risque de réinfection.

Cette étude suggère également que la population de tranche d'âge 35-60 ans, majoritairement exposée aux risques de réinfection (lieu de travail et domicile familial), représente le groupe à immuniser en priorité contre la Covid-19 afin d'augmenter le titre et la durabilité des anticorps IgG anti-S-RBD.

Mots clés : Covid-19, anticorps IgG, réinfection, immunité préexistante, Guinée

2.1.2 High seroreactivities to Ebola viruses unrelated to Ebola outbreaks in two studies in Central Africa: a case-control study on non-human primate bites and a cross-sectional survey in humans in rural Cameroon

Jill-Léa Ramassamy¹, Ahidjo Ayoub², Guillaume Thaurignac², Chanceline Bilounga Ndongo^{3,4}, Patrick Nnuka³, Edouard A. Betsem⁵, Richard Njoum⁶, Eitel Mpoudi Ngole^{7†},

Jessica Vanhomwegen⁸, Damien Hoinard⁸, Patrick England⁹, Sylvain Baise¹⁰, Éric Delaporte², Martine Peeters², Antoine Gessain¹
¹ Unité d'Épidémiologie et Physiopathologie des Virus Oncogènes, Institut Pasteur Université de Paris, CNRS UMR 3569, Paris, France
² Unité TransVIHMI, Université de Montpellier, Institut de Recherche pour le Développement, INSERM, Montpellier, France
³ Direction de la lutte contre les Maladies, les Épidémies et les Pandémies. Ministère de la Santé Publique, Yaoundé, Cameroon
⁴ Faculté de Médecine et des Sciences Pharmaceutiques de l'Université de Douala, Cameroon
⁵ Université de Yaoundé I, Yaoundé, Cameroon
⁶ Centre Pasteur du Cameroun, Unité de Virologie, Yaoundé, Cameroon
⁷ Laboratoire de Virologie, CREMER/IMP/IRD, Yaoundé, Cameroon
⁸ Unité Environnement et Risques Infectieux, Institut Pasteur, Paris, France
⁹ Plateforme de Biophysique Moléculaire, C2RT, Institut Pasteur, CNRS UMR3528, Paris, France
¹⁰ Unité de Biologie des Infections Virales Émergentes, CNR des Fièvres Hémorragiques virales, Lyon, France
[†] E. M. N. deceased on 27 September 2021
 jill-lea.ramassamy@ird.fr

Out of the six identified Ebola viruses, three are responsible for lethal haemorrhagic fever outbreaks in Central and West-African populations: Ebola (EBOV), Sudan (SUDV) and Bundibugyo (BDBV) viruses, but their origins remain largely unanswered. EBOV is also responsible for lethal outbreaks in ape populations in Central Africa and can represent a source of human contamination.

To assess the risk of exposure to Ebola viruses through contact with non-human primates (NHPs), we conducted a case-control study on NHP bites and tested the presence of antibodies against different viral proteins (glycoprotein [GP], nucleoprotein [NP] or viral protein 40 [VP40]) with a LuminexTM assay, in plasma from 795 individuals in rural Cameroon; 265 people reported to have been bitten by NHPs and 530 controls were matched on age, sex, ethnic group and geography. We detected the presence of seroreactivities against at least two viral proteins in 10% and 9% of samples for EBOV and SUDV, respectively. There was no association between NHP bites and Ebolavirus seroreactivities. However, Ebolavirus seroreactivities were twice as high in Pygmies when compared to the Bantu population. This difference was confirmed in a second set of samples from 336 Pygmies and 286 Bantu populations from East Cameroon. No neutralizing antibodies to EBOV and SUDV were detected, though analyses on affinity kinetics using surface plasmon resonance and avidity tests suggest strong affinity to Ebola viruses' antigens.

The detection of high levels of seroreactivities against Ebola viruses in Cameroon, where no outbreaks have been reported, raises the possibilities of the silent circulation either of the EBOV and SUDV or of cross-reaction with other not yet documented filoviruses (potentially non-pathogenic), that circulate in these forested regions.

Keywords: Ebolavirus; serology; Cameroon; Pygmy; Non-human primates

2.1.3 Serological analyses to understand the dynamics of the Ebola virus in the animal host: lessons from studies of the detection of Ebola antibodies in humans

Antoine Nkuba-Ndaye^{1,2}, Guillaume Thaurignac¹, Ahidjo Ayoub¹, Placide Mbala-Kingebeni², Steve Ahuka-Mundek², Éric Delaporte¹, Martine Peeters¹
¹ Unité TransVIHMI, Institut de Recherche pour le Développement, INSERM, Université de Montpellier, France
² Département de Virologie, Institut National de Recherche Biomédicale, Université de Kinshasa, Kinshasa, Democratic Republic of the Congo
 antoine.nkuba@ird.fr

Since its discovery in 1976, the Ebolavirus (EBOV) has been recognized as a zoonotic pathogen that can infect humans and other mammals and cause fatal infections. One method to understand the dynamics of Ebolavirus and prevent outbreaks is the detection of anti-Ebola antibodies in humans and in wildlife.

In recent years, multiplex detection by LuminexTM technology using more than two Ebolavirus antigens has been proposed as an alternative to conventional ELISA based on a single antigen or a mixture of EBOV antigens. The LuminexTM also allows the screening of a wide range of samples. Thus, we used the Ebola LuminexTM test previously developed to assess the seroprevalence of Ebolavirus in the Democratic Republic of the Congo (DRC). The country experienced a significant Ebolavirus outbreak in 2018. We reported 2.3% (11/488) of antibody positivity to at least two antigens among clinically suspected Ebola virus disease (EVD) patients discharged as non-cases after two negative RT-PCR (real-time polymerase chain reaction) tests. However, in 8.8% (43/488) of cases, we detected antibodies against Ebolavirus glycoprotein alone. We also reported 5.7% (28/488) of participants who reacted to Ebolavirus protein 40 alone. However, the antibody positivity was not associated with clinical symptoms. The most reported symptoms being asthenia 63.9% (312/488), headache 61.3% (299/488), anorexia 57% (278/488), and fever 53.7% (262/488).

These findings have expanded our knowledge of asymptomatic and pauci-symptomatic EVD and shown that, despite multiplexing, there is still a significant amount of reactivity to a single antigen. Due to the difficulty in determining the timeline of the presumed infection in animals, interpreting the serological results in this case is even more challenging. Therefore, when selecting the threshold values allowing interpretation of the results, it is essential to consider the epidemiological context, and the source of the samples.

Keywords: Ebolavirus, serology, Democratic Republic of the Congo, Guinea, LuminexTM

2.1.4 Detecting and differentiating past exposure to zoonotic viruses using microsphere immunoassays: applications in hyperendemic areas

Jessica Vanhomwegen¹, Oksana Vratskikh¹, Damien Hoinard¹, Laura Garcia¹, Lucie Cappuccio¹, Stéphane Pêtres¹, Matthieu Fritz², Pierre Becquart², Richard Njouom³, Paul-Alain Tagnouakam³, Emmanuel Nakoune⁴, Solène Grayo⁵, Noël Tordo⁵, Christophe Batéjat¹, Jean-Claude Manuguerra¹
¹ Institut Pasteur, Paris, France
² MIVEGEC, Institut de Recherche pour le Développement (IRD), Montpellier, France
³ Centre Pasteur Cameroun, Yaoundé, Cameroon
⁴ Institut Pasteur de Bangui, Bangui, Central African Republic
⁵ Institut Pasteur de Guinée, Conakry, Guinea
 jessica.vanhomwegen@pasteur.fr

Serological tests allow detection of asymptomatic and resolved viral infections, but also tell more of the story relative to exposure and thus transmission than prevalence in animal and human populations since they integrate the past and the present. Unfortunately, the circulation of genetically close viruses in susceptible hosts within the same geographic regions impacts the specificity of the tests due to cross-reactive antibodies developed during the infection. Moreover, the gold standard neutralization assay is time and sample consuming, as it is performed separately for different viruses, making complete subtyping often impossible.

Alternatively, low-complexity microsphere-based immuno-assays (MIA) based on the LuminexTM technology offer rapid, multiplex detection (up to 100 targets) and are sufficiently inexpensive and standardized for practical serosurveillance in both human and animal populations. The MIA uses microspheres coated with viral antigens produced in-house in *Drosophila*, for simultaneous, differential detection of antibodies of over 40 emerging zoonotic viral diseases in West Africa including Filoviruses (Ebola, Marburg), Arenaviruses (Lassa),

Crimean-Congo Hemorrhagic fever, Rift Valley fever, arboviruses (Zika, dengue, West Nile encephalitis, yellow fever, chikungunya), coronaviruses (SARS-CoV-2, MERS-CoV), Orthohantaviruses (Seoul) and Orthopoxviruses (Mpox) in a single small-volume test. The test can be adapted to screen both domestic animals and wildlife, including ruminants, bats, rodents, and birds. So far, the multi-species assay has been used to screen over 3,000 animal samples collected by reference centers in hyperendemic regions in Western and Central Africa in the context of cross-sectional serosurveys. It has shown strong consistency of the obtained antibody profiles with available epidemiological data and good concordance with immunoassays performed in parallel. Since its implementation, the assay has been used to conduct nationwide representative serosurveys and to assess risks for human populations.

The combined use of the MIA (i.e., long-lived antibody responses) and epidemiological information translates into more precise information from smaller sample sizes and reveals even discrete changes in exposure over time. The MIA therefore represents a key tool for high throughput, cost-effective, and accurate surveillance of viral hemorrhagic fevers and emerging zoonoses.

Keywords: serology, *Luminex*TM, surveillance, immuno-assays

2.2 Méthodes moléculaires (MinION, NGSS, bio-info...)

2.2.1 Genomic history of the Monkeypox virus (MPXV) in Central African Republic from 2001 to the present and contribution of real-time sequencing technology compared to 2nd generation sequencing

Nicolas Berthet^{1,2}, Stéphane Descorps-Declère³, Camille Besombes⁴, Manon Curaudeau^{1,5}, Mathias Vandenbogaert², Andrianiaina Andy Nkili Meyong⁶, Benjamin Selekon⁷, Ingrid Labouba⁶, Ella Cyrielle Gonofio⁷, Rita Sem Ouilibona⁷, Huguette Dorine Simo Tchegn⁶, Maxence Feher², Arnaud Fontanet^{4,8}, Valérie Caro², Mirdad Kazanji⁷, Jean-Claude Manuguerra², Alexandre Hassanin⁵, Antoine Gessain^{1,9}, Emmanuel Nakoune⁷

¹ Institut Pasteur, Unité d'Épidémiologie et Physiopathologie des Virus Oncogènes, Département de Virologie, Paris, France

² Institut Pasteur, Unité Environnement et Risque Infectieux, Cellule d'Intervention Biologique d'Urgence, Paris, France

³ Institut Pasteur, Centre de bioinformatique, biostatistique et biologie intégrative (C3BI), Paris, France

⁴ Institut Pasteur, Unité d'épidémiologie des maladies émergentes, Paris, France

⁵ Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB), Université Sorbonne, MNHN, CNRS, EPHE, U.A, Paris, France

⁶ Centre International de Recherches Médicales de Franceville (CIRMF), Franceville, Gabon

⁷ Institut Pasteur de Bangui, Bangui, Central African Republic

⁸ Unité Pasteur-CNAM Risques Infectieux et Emergents (PACRI), Conservatoire National des Arts et Métiers, Paris, France

⁹ Centre National de Recherche Scientifique (CNRS) UMR3569, Paris, France

nicolas.berthet@pasteur.fr

Before the pandemic emergence in May 2022, Mpox was a neglected disease localized in forested areas of Central and West Africa. The two main Mpox virus (MPXV) subtypes are the West African strain and the more severe Congo Basin strain. Even though the Democratic Republic of the Congo (DRC) and Central African Republic (CAR) are the most heavily affected countries, recent disease reporting has expanded into Nigeria, the Republic of the Congo, and the South Sudan savannah. However, the relationships between epidemics reported in different endemic or non-endemic countries cannot be

understood without complete genomic sequences generated from viral isolates. This would allow for hypotheses about the relationships of cases to each other and assess the variants exported over time and space.

In this work, we first obtained complete sequences of 10 MPXV strains isolated in CAR between 2001 and 2018. Phylogenetic analyses indicate that all isolates belong to the large Congo Basin clade and evolved from at least three ancestral isolates originating in DRC. This suggests that there have been multiple exports from the Congo Basin forests to CAR, with MPXV now circulating in Central Africa as an enzootic disease in wildlife that sporadically transmits to humans.

In a second study, we evaluated the use of the MinION real-time sequencer in conjunction with different polishing tools for sequencing the MPXV genome from a pustular lesion of an MPXV confirmed patient from CAR. All reads of MPXV genome were identified using two taxonomic classifiers and then assembled, resulting in a complete sequence of 196,956 bases, an increase of 6,322 bases compared to the sequence previously obtained by Illumina sequencing from the same sample. However, the combined use of specific polishing tools was the best combination to increase the whole genome size without adding mismatches. Ongoing studies on novel MPXV CAR strains will be presented.

Acknowledgments: Agence nationale de la recherche (ANR 2019 CE-35 – Afripox), SCOR Foundation for Science and WOA through the European Union funded EBO-SURSY project (FOOD/2016/379-660).

Keywords: Monkeypox, Central African Republic, complete genomic sequences, MinION real-time sequencer, phylogenetic analyses

2.2.2 Sequencing Ebola outbreaks in the Democratic Republic of the Congo (DRC)

Placide Mbala-Kingebeni¹, Eddy Kinganda-Lusamaki¹, Adrienne Amuri-Aziza¹, Daniel Mukadi¹, Ousmane Faye², Martin Faye², Moussa Diagne², Amadou Sall², Mike Wiley³, Catherine Pratt⁴, Gustavo Palacios⁵, Ahidjo Ayuba⁶, Éric Delaporte⁶, Martine Peeters⁶, Steve Ahuka-Mundeké¹, Jean-Jacques Muyembe¹

¹ Institut National de Recherches Biomédicales (INRB), Université de Kinshasa, Kinshasa, Democratic Republic of the Congo

² Institut Pasteur Dakar, Dakar, Sénégal

³ University of Nebraska Medical Center (UNMC), Omaha, Nebraska, USA

⁴ Biosurv International, Woodbridge, United Kingdom

⁵ Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, USA

⁶ TransVIHMI, University of Montpellier, IRD, INSERM, Université de Montpellier, Montpellier, France
mbalaplacide@gmail.com

Ebola virus disease remains a major public health threat with high morbidity and mortality. Since its first identification in 1976, more than 30 epidemics have been reported worldwide, including 15 in Democratic Republic of the Congo (DRC), with an increasing frequency and shorter interval between epidemics. In DRC, three areas have been mainly affected since the first outbreak of Ebola, including the Northwest (6 epidemics), Central and Southwest (4 epidemics) and Northeast (5 epidemics). Outbreaks over the past 10 years were reported mainly in the Northwest where all outbreaks are related to spillovers and Northeast where there were two spillovers with two different strains (Ebola and Bundibugyo) followed by successive resurgences of the disease linked to previous epidemics. The integration of sequencing into the management of epidemics in the DRC has made it possible to characterize pathogens responsible for these epidemics, monitor the spread of the pathogen for the strategic implementation of control measures, and ensure the evaluation of the countermeasures, such as diagnostic tools, vaccines and specific treatments, put in place

during these epidemics. These data also help guide ecological investigations as the reservoir of Ebola is still unknown.

Acknowledgments: DRC MoH, WOA, WHO, Africa CDC and all field staffs.

Keywords: sequencing, Ebola, Democratic Republic of the Congo

2.2.3 Operational strategy for rapid detection and characterization of emergent zoonotic viral pathogens using third next-generation sequencing technologies

Aurelia Kwasiborski¹, Véronique Hourdel¹, Charlotte Balière¹, Nicolas Berthet¹, Nakoune Emmanuel², Solène Grayo³, Noël Tordo³, Jessica Vanhomwegen¹, Christophe Batejat¹, Jean-Claude Manuguerra¹, Valérie Caro¹

¹ Institut Pasteur, Paris, France

² Institut Pasteur de Bangui, Bangui, Central African Republic

³ Institut Pasteur de Guinée, Conakry, Guinée

Aurelia.Kwasiborski@pasteur.fr

Global human and animal health are challenged by emerging viral threats. Studies of these outbreaks have highlighted the impact of real-time sequencing of viral genomes for a better concerted public health response. Notably, the World Health Organization and the World Organization for Animal Health have recognized the need to deploy genomic surveillance approaches globally. The setup of more robust sequencing/bioinformatics pipelines with low turnaround times could provide crucial insights into the understanding of outbreaks and better monitoring of pathogen transmission, spread, and evolution.

Thanks to its features (e.g., portability, short time of sequencing run, real-time data analysis), Oxford Nanopore Technologies (ONT), with MinION devices, has opened the way towards the implementation of field-applicable rapid next-generation sequencing. In this context, our laboratory has set up a generic workflow from clinical samples to data analysis for pathogen identification and characterization by using amplicon-based approaches.

Over the last years, we have used the amplicon-based approach to directly generate viral genomic sequences from clinical samples, partly by optimizing the sequencing libraries. We worked on different epidemic-prone viruses, such as Rift Valley fever virus, MERS-CoV, SARS-CoV-2 and more recently Mpox, rabies and hantaviruses, but have also characterized new zoonotic viruses, such as the Ippy virus, a highly divergent African arenavirus. In parallel, specific bioinformatics pipelines have been adapted from the ARTIC network project for user-friendly and rapid analysis. Current developments now focus on ultra-high multiplex syndromic panels for broad spectrum targeting of emerging pathogens.

Within the framework of our studies, nanopore sequencing approaches have proven to be an essential tool for real-time surveillance of

pathogens in the context of epidemics and has opened the way towards decentralized sequencing. With the development of broad-spectrum syndromic panels and metagenomic approaches, this approach has become an essential tool to identify the causative agent of epidemics, facilitating timely implementation of containment and control measures.

Keywords: genomic, sequencing, surveillance, pathogen

2.2.4 Évaluation des infections à hépatites E (VHE) en Guinée, un exemple d'appropriation du concept Une seule santé

Bakary Doukouré¹, Solène Grayo¹, Alimou Camara¹, Cécile Troupin¹, Martin H. Groschup², Noël Tordo¹, Reine Salomé Anguinze¹, Pierre Roques¹

¹ Institut Pasteur de Guinée (IPGui), Conakry, Guinée

² Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Insel Riems, Greifswald, Allemagne
Bakary.DOUKOURE@pasteur-guinee.org

Le virus de l'hépatite E (VHE) est transmis par voie féco-orale chez les humains et/ou les animaux infectés, notamment les porcs. Les génotypes respectifs sont essentiellement le génotype 1 et le génotype 3. Cependant, la consommation de viande de porc est aussi source de contaminations humaines par des virus du génotype 3. Des études de séroprévalence et d'épidémiologie moléculaire dans les élevages de porcs en Afrique centrale ont montré la présence des souches de génotype 3. L'objectif de cette étude était d'évaluer le taux d'anticorps anti-VHE sur un panel de sérums de porcs ainsi que d'identifier le VHE dans les fèces de porcs et les eaux usées en Guinée. Les sérums porcins collectés lors des campagnes du projet EBO-SURSY de 2017-2019 ont été testés pour la présence d'anticorps anti-VHE par deux kits ELISA ayant comme cible la capsid du génotype 3 du VHE. En 2022, des fèces ont été collectées chez des porcs en divagation dans le Grand-Conakry et des échantillons d'eaux usées ont été prélevés en aval des élevages. L'étude de sérologie a montré une prévalence significativement plus importante en région forestière qu'en zone maritime. Il n'y a cependant pas de corrélation de la séropositivité avec le sexe ou l'âge. Des séquences virales ont été détectées à partir des fèces ou des eaux usées en ciblant par RT-PCR (*real-time polymerase chain reaction*) l'ORF2 codant pour la capsid. Une étude d'épidémiologie moléculaire a permis d'identifier trois échantillons positifs au VHE de génotype 3, deux dans les fèces et un dans les eaux usées. Notre étude confirme ainsi la présence du VHE chez les porcs en Guinée. L'extension de l'étude aux autres régions du pays est en cours. Une étude parallèle chez l'humain permettra d'évaluer le potentiel épidémiologique du virus et le risque associé.

Mots clés : hépatite E, porc, séroprévalence, détection moléculaire

Thème 3

Analyses de risques et surveillances intégrées des maladies zoonotiques à l'interface humain-faune-écosystème

10 octobre 2023

3.0 Système de surveillance intégré : le CIRMF, un acteur majeur

Gaël Darren Maganga^{1,2}, Illich Manfred Mombo¹,
Telstar Ghestin Ndong Mebaley¹, Pierre Becquart³,
Eric Maurice Leroy³

¹ Unité Émergence des Maladies Virales, Centre Interdisciplinaire de
Recherches Médicales de Franceville (CIRMF), Franceville, Gabon

² Institut National Supérieur d'Agronomie et de Biotechnologies
(INSAB), Université des Sciences et Techniques de Masuku
(USTM), Franceville, Gabon

³ Maladies Infectieuses et Vecteurs : Écologie, Génétique, Évolution et
Contrôle (MIVEGEC) (IRD 224 – CNRS 5290 – Université de
Montpellier), Institut de Recherche pour le Développement (IRD),
Montpellier, France

gael_maganga@yahoo.fr

Au cours des dernières décennies, la fréquence d'apparition de nouvelles maladies à l'interface entre humains, faune sauvage et animaux domestiques s'est accrue dans des proportions alarmantes. En effet, les épidémies de zoonoses sont en augmentation constante depuis le début des années 1980, et plus de 70 % des zoonoses proviennent de la faune sauvage. Depuis la réémergence du virus Ebola en Afrique centrale en 1995, et l'émergence des virus chikungunya et de la dengue au milieu des années 2000, l'unité des maladies virales émergentes du Centre interdisciplinaire de recherches médicales de Franceville (CIRMF), au Gabon, a développé une approche intégrée de surveillance des maladies zoonotiques fondée sur le concept Une seule santé, combinant diagnostic étiologique des syndromes cliniques chez l'humain et investigations systématiques des mortalités animales survenant dans la faune sauvage et domestique, afin d'améliorer la veille sanitaire et d'anticiper la riposte aux épidémies. Une telle stratégie globale fait participer les départements d'élevage, les organisations non gouvernementales impliquées dans la conservation de la faune, mais aussi les établissements sanitaires à tous les niveaux du système de santé, et les communautés locales, à l'exemple du système de surveillance intégré à base communautaire des zoonoses dans la filière de viandes sauvages. À cet effet, le CIRMF a installé une plateforme complète de diagnostic moléculaire et de caractérisation génomique qui a déjà permis d'identifier et de caractériser plusieurs agents pathogènes zoonotiques circulant dans nos régions (dont la souche du virus Ebola responsable de l'épidémie de 2014 en République démocratique du Congo), d'identifier des régions et comportements à risque et de comprendre les modalités de transmission de certains de ces agents pathogènes. Par ailleurs, une étude séro-épidémiologique de grande envergure, menée entre 2007 et 2010 sur 4 800 personnes réparties sur l'ensemble du territoire gabonais, a permis de cartographier précisément les zones à risque à l'égard de plusieurs virus zoonotiques. Enfin, des campagnes de sensibilisation contre le risque infectieux à l'interface faune-humain à l'endroit des populations vulnérables sont également menées avec le concours de partenaires internationaux.

Mots clés : surveillance intégrée, zoonoses, communautés, réservoirs animaux, fièvres hémorragiques, arboviroses, CIRMF, Gabon

3.1 Surveillance et contrôle des maladies zoonotiques émergentes et réémergentes (MZER) intégrant la faune sauvage (surveillance à base communautaire, approches multisectorielles...)

3.1.1 Besoins et contraintes des acteurs locaux impliqués dans
la surveillance des maladies zoonotiques en Guinée forestière – vers
une co-construction d'un système pilote de surveillance participative

Maxime Tesch^{1,2}, Saa André Tolno^{1,2,3}, Abdoulaye Touré⁴,
Mohamed Idriss Doumbouya⁵, Alimou Barry⁶,
Hélène De Nys^{1,2,7}, Mathieu Bourgarel^{1,2,7}, Marisa Peyre^{1,2},
Marie-Marie Olive^{1,2}

¹ CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier, France

² ASTRE, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

³ Institut supérieur des sciences et de médecine vétérinaire
de Dalaba, Dalaba, Guinée

⁴ CERFIG – Centre de recherche et de formation en infectiologie de
Guinée, Conakry, Guinée

⁵ DNSV – Direction Nationale des Services Vétérinaires, Conakry,
Guinée

⁶ OGP NRF – Office Guinéen des Parcs Nationaux et Réserves de
Faune, Conakry, Guinée

⁷ CIRAD, UMR ASTRE, Harare, Zimbabwe
maxime.tesch@cirad.fr

L'épidémie à virus Ebola, apparue en Guinée en 2014, a causé la mort de plus de 11 000 personnes, se propageant dans plusieurs pays d'Afrique subsaharienne. Cette crise, provoquée notamment par l'augmentation des contacts avec la faune sauvage, a été exacerbée par l'impréparation sanitaire des pays touchés, y compris en termes de surveillance des émergences issues de la faune sauvage. Les communautés locales étant les plus exposées, l'objectif de cette étude est de comprendre si co-construire avec elles un système de surveillance, par une approche Une seule santé, permettrait de détecter plus précocement les maladies zoonotiques.

Deux investigations de terrain ont été conduites sur deux sites de la préfecture de Guékédou en 2022 et en 2023. Des entretiens semi-directifs (ESD) ou des *focus groups* (FG) ont été conduits auprès de 88 personnes issues de la communauté, pour un total de 17 ESD et 8 FG. Ces entretiens ont permis d'actualiser les connaissances sur la surveillance des maladies zoonotiques en Guinée et de mettre en exergue les contraintes des acteurs communautaires de la santé impliqués dans cette surveillance, notamment concernant les besoins matériels, financiers et de formations. Ces difficultés jouent sur la motivation de ces acteurs et donc sur leur capacité à détecter les émergences zoonotiques.

Par ailleurs, de nouvelles pistes ont émergé vis-à-vis de la surveillance communautaire. L'apport du numérique apparaît comme une révolution pour une grande partie des acteurs de terrain : uniformisation de l'information, rapidité de l'envoi et facilité d'implémentation représentent des arguments solides en faveur de ces nouveaux outils. De nouveaux acteurs d'intérêt ont également pu être identifiés, comme le crieur public. Des questions sont aussi apparues, notamment sur les divergences existantes entre volontés institutionnelles et communautaires. Aujourd'hui, les résultats de ces enquêtes devraient permettre de cibler des facteurs clés sur lesquels s'appuyer pour co-construire un système pilote de surveillance.

Remerciements : Momory Leno, chef de poste vétérinaire, Célia Lacomme et Séverine Thys du CIRAD.

Mots clés : épidémiologie participative, zoonoses, Une seule santé, co-construction, surveillance

3.1.2 Alert and response mechanisms for emerging zoonotic diseases in Guinea at the human-wildlife interface

Saa André Tolno^{1,2,3,5}, Séverine Thys^{1,2}, Véronique Chevallier^{1,2},
Alpha Kabinet Keita^{4,5}, Marie-Marie Olive^{1,2}

¹ CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier, France

² ASTRE, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

³ Institut Supérieur des Sciences et de Médecine Vétérinaire de Dalaba, Dalaba, Guinée

⁴ TransVIHMI, Université de Montpellier, Institut de Recherche pour le Développement (IRD), INSERM, Montpellier, France

⁵ Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie de Guinée (CERFIG), Université Gamal Abdel Nasser de Conakry, Guinée
saa-andre.tolno@cirad.fr

The 2013-2016 Ebola virus epidemic in Guinea demonstrated failures in national health systems, vulnerability of populations to emerging health threats, and public opposition to the response measures. The bottom-up approach using the co-construction of a surveillance and response system would promote the engagement and acceptability of the actors involved, including citizens, and the sustainability of the system at all levels. The objective of this study was to identify and define alert and response mechanisms adapted to the socio-economic contexts of the Forest Guinea region in order to rapidly respond to the emergence of zoonotic diseases at the human-wildlife interface.

Using a participatory approach, individual interviews and focus group discussions (FGDs) were conducted with communities and stakeholders involved in infectious disease surveillance and response in the pilot sites of Gouécké, Guendembou and Temessadou in June 2022 and April 2023. The topics discussed included the alert and response mechanisms put in place during previous epidemics and the needs, constraints, and expectations of communities and technical agents (health workers, veterinarians, forest guards).

A total of 9 individual semi-structured interviews and 12 FGDs were conducted, with a total of 113 participants. The thematic analysis shows that alert reporting is done internally within a sector, between sectors, and between the community and technical agents using digital tools or phone calls. Collaboration between actors in the alert and response is achieved through inter-sectoral crisis meetings, joint investigations, and harmonization of messages and response decisions. Several constraints (e.g., the spread of false rumors, the crisis of trust and mistrust between response agents and the community) and opportunities for local response measures have been identified (e.g., the involvement of native village stakeholders in awareness campaigns).

Removing constraints and unlocking opportunities would increase the engagement of all stakeholders in the early response of zoonotic diseases emergence.

Acknowledgments: participants in the study at the pilot sites in Forest Guinea region, Dr. Léonce Zogbelemou, Dr. Momory Leno of the Veterinary Services, Mr. Elie Tolno, Ms. Catherine Koundouno of the Human Health Services; Dr. Pépé Bilivogui of the National One Health Committee of Guinea, Dr. Enogo Koevogui, Deputy National Director of the ANSS-Guinea.

Keywords: Ebola virus disease, One Health, alert and response mechanisms, emerging zoonotic diseases

3.1.3 The ALERT game: what is its added value in learning and engaging in a surveillance system? A pilot study in Guinea

Mathias Mba Talla¹, Saa André Tolno^{1,2,3}, Mohamed Idriss Doumbouya⁴, Mamadou Alimou Barry⁵, Mathieu Bourgarel^{1,2,6}, Marisa Peyre^{1,2}, Sophie Muset⁷, Hélène De Nys^{1,2,6}, Marie-Marie Olive^{1,2}

¹ CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier, France

² ASTRE, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

³ Institut Supérieur des Sciences et de Médecine Vétérinaire de Dalaba, Dalaba, Guinée

⁴ Direction Nationale des Services Vétérinaires de Guinée, Conakry, Guinée

⁵ Office Guinéen des Parcs Nationaux et Réserves de Faune, Conakry, Guinée

⁶ CIRAD, UMR ASTRE, Harare, Zimbabwe

⁷ World Organization for Animal Health, Paris, France
mathiasduclair36@gmail.com

Stakeholder engagement in the surveillance and control of infectious diseases is a critical element to manage their emergence. However, it remains challenging and the methods to ensure it are often limited. Innovative tools, such as games, are being developed to strengthen stakeholder engagement in numerous fields, such as agriculture and health.

In 2021, the EBO-SURSY Project launched the ALERT game with the aim of increasing knowledge and engagement of stakeholders working at the human-animal-environment interface in surveillance systems. Following the test phases, which showed great interest for the game, a pilot study was launched to evaluate its impact on knowledge acquisition and stakeholder willingness to engage in surveillance systems.

The study was implemented in the Forecariah prefecture in Guinea among animal, public and environmental health workers and members of civil society. The ALERT game was used in two participant groups while more standard types of awareness materials were used in two other groups. Knowledge acquisition and willingness to engage in surveillance were assessed using participatory methodology.

The preliminary results showed that compared to standard awareness materials, ALERT made players more aware of the great diversity of actors involved in a surveillance system, including community members and their role in the surveillance of zoonotic diseases. In addition, players reported an increased awareness of the flow of information in a surveillance chain and in a multisectoral collaboration. Two weeks after ALERT was played, local initiatives emerged to improve collaboration between actors. This included willingness to organize regular informational meetings between health workers and to develop an information sharing platform to raise awareness and increase involvement of citizens in surveillance.

By better understanding their role in the surveillance chain, stakeholders feel more empowered to recognize and report diseases or unusual health occurrences in animals to health authorities.

Acknowledgments: the participants of the study in Forecariah, Maxime Tesch (CIRAD), Mohamed Fanta Tounkara and Boubakar Diallo (Environmental Services), Haba Hocko and Diallo Sylla (Veterinary Services), Sarah Sullivan (WOAH).

Keywords: game, surveillance system, engagement, participatory approaches

3.1.4 Le Centre de Recherche sur les Maladies Émergentes et Réémergentes (CREMER), acteur dans l'approche

Une seule santé au Cameroun

Flaubert Mba Djondzo¹, Charles Kouanfack¹, Ahidjo Ayoubia^{1,2}, Éric Delaporte², Martine Peeters², Eitel Mpoudi Ngole^{1†}

¹ Cremer, Institut de Recherches Médicales et d'Études des Plantes Médicinales (IMPM), Yaoundé, Cameroun

² TransVIHMI, Université de Montpellier, IRD, INSERM, Montpellier, France

[†] Décédé le 27 septembre 2021

mbaflaubert75@gmail.com

Le processus conduisant à l'émergence d'une maladie infectieuse d'origine zoonotique est complexe et implique des interactions aux interfaces faune-humain-environnement. Seule une approche globale permet une réponse à la hauteur des enjeux. La stratégie nationale Une seule santé du Cameroun est le résultat d'un travail intersectoriel des acteurs des secteurs de la santé animale, humaine et environnementale dans la gestion de la sécurité sanitaire des populations animales et humaines.

Les activités de recherche et de renforcement des capacités, menées notamment dans le cadre du projet multi-pays EBO-SURSY, ont permis au CREMER de rendre plus visibles nos réalisations de recherche à l'interface humain-animal-environnement. Ces activités ont été au cœur de l'implémentation de l'approche Une seule santé au Cameroun. Ainsi, grâce à l'expérience acquise, nous avons pu contribuer à l'élaboration des documents stratégiques et des directives nationales de gestion des zoonoses émergentes et ré-émergentes au Cameroun, à l'élaboration d'un protocole de surveillance intégrée de la maladie à virus Marburg au Cameroun, à l'organisation d'une formation internationale Une seule santé regroupant

32 participants de dix pays africains dans le cadre du projet EBO-SURSY. Enfin, cette expérience acquise au cours de nos activités dans EBO-SURSY nous a permis de contribuer significativement à l'évaluation conjointe de risque relatif à l'émergence des fièvres de Lassa et d'Ebola à l'interface humain-animal-environnement au Cameroun.

Ces quelques exemples montrent l'impact qu'un projet structurant à long terme comme EBO-SURSY peut avoir sur l'activité d'un organisme intersectoriel comme le Programme zoonose (*One Health*) du Cameroun.

Remerciements : projet EBO-SURSY (*EU funded*), Programme zoonose, CREMER/IMPM.

Mots clés : Une seule santé, surveillance intégrée, Marburg, Cameroun

3.1.5 Surveillance active de la fièvre de la vallée du Rift au Sénégal

Mathioro Fall¹, Mbargou Lo¹, Amadou Alassane Ndiaye¹, Lamine Fall¹, Médoune Badiane¹, Mamadou Moustapha Lo², Mame Nahé Diouf², Aby Ba³, Evarist J. Bassene³, Ousmane Fall³, Abdou Sane³, Mamadou Lamine Diallo³

¹ Direction des Services vétérinaires, Dakar, Sénégal

² Laboratoire national de l'Élevage et de Recherches vétérinaires, Dakar, Sénégal

³ Direction régionale de l'Élevage et des Productions animales de Louga, Saint-Louis, Matam, Tambacounda et Kolda, Sénégal
mathiorofall@yahoo.fr

La fièvre de la vallée du Rift (FVR) est une zoonose due à un arbovirus. La maladie affecte la plupart des ruminants domestiques et sauvages, notamment les bovins, les ovins, les caprins, les dromadaires ainsi que les humains.

Le Sénégal a connu des vagues épidémiques de FVR dans le delta et la vallée du fleuve Sénégal en 1987, 1999 et 2003. En 2013, le pays a enregistré l'épidémie de FVR la plus importante de son histoire, affectant 42 % du territoire national, avec 44 cas chez les animaux domestiques et 2 cas chez les humains. En 2020, 12 cas de FVR ont été enregistrés chez les animaux domestiques, 1 cas dans la faune dans la région de Saint-Louis et 5 cas chez les humains dans les régions de Matam, Fatick et Saint-Louis.

Depuis 2017, la FVR fait partie des maladies zoonotiques prioritaires au Sénégal, et des plans nationaux de surveillance et d'intervention d'urgence ont été mis en place. Dans ce cadre, une surveillance active a été organisée entre le 28 août et le 4 septembre 2022, dans les régions à haut risque pour la FVR (Louga, Saint-Louis, Matam, Tambacounda et Kolda) ainsi que cela a été défini après une analyse de risques conduite par la Direction des services vétérinaires du Sénégal. Des prélèvements de sang (sérum) ont été réalisés chez des ovins et des caprins (jeunes et femelles) de 12 troupeaux sentinelles. Sur un total de 360 sérum collectés et analysés au Laboratoire national de l'élevage et de recherches vétérinaires, 43 ont été positifs (11,9 %), 10 douteux (2,7 %) et 307 négatifs (85,3 %) sur les 12 troupeaux sentinelles sélectionnés. À la suite de ces résultats, une sensibilisation a été réalisée auprès des éleveurs sur l'importance de la surveillance, de la vaccination des troupeaux avant la période de l'hivernage, de l'élargissement du nombre de troupeaux sentinelles et du renforcement de la collaboration entre les services vétérinaires et les services de santé publique.

Remerciements : FAO-ECTAD, REDISSE, PRAPS-2.

Mots clés : fièvre de la vallée du Rift, surveillance active, troupeaux sentinelles

3.2 Modélisation (analyse intégrée et cartographie) des risques associés aux maladies zoonotiques

3.2.1 Effect of landscape modification in the movement of a potential reservoir host and its implications for Ebola virus transmission

Larisa Lee-Cruz^{1,2,3}, Maxime Lenormand⁴, Pascal Degenne¹, Elodie Schloesing^{2,3}, Julien Cappelle^{2,3}, Alexandre Caron^{2,3,5}, Hélène De Nys^{2,3,6}, Mathieu Bourgairel^{2,3,6}, François Roger^{2,3}, Annelise Tran^{1,2,3}

¹ CIRAD, UMR TETIS, Montpellier, France

² CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier, France

³ ASTRE, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

⁴ INRAE, UMR TETIS, Montpellier, France

⁵ Faculdade Veterinaria, Universidade Eduardo Mondlane, Maputo, Mozambique

⁶ CIRAD, UMR ASTRE, Harare, Zimbabwe

lleecruz@gmail.com

Landscape transformation, particularly transitioning from tropical forest to agricultural land, associated with fragmentation into isolated forest patches, has been reported to be a driver for the emergence and re-emergence of infectious diseases, including Ebola virus (EBOV) disease. Changes in land cover affect the availability and distribution of resources and habitat on which wild animals depend, which impacts their movements and distribution. *Hypsignathus monstrosus* is a fruit bat widely distributed in West and Central Africa, suspected of being a potential reservoir host for EBOV. During the non-breeding season, individuals of this species gather for feeding and roosting, increasing the likelihood of viral circulation within the population. In this study, we use a spatially explicit dynamic model to simulate bats' movement between roosts and feeding sites. We simulate bat movements in six different scenarios of land cover ranging from a forested (i.e. over 90% suitable habitat) to a deforested (50% unsuitable habitat) landscape. Published ecological knowledge and data from a recent tracking study were used to define the parameters of the model. Using a network-based approach, we suggest several indices of contact among bats to compare among scenarios. Preliminary results of our simulations suggest that roosting and foraging may respond differently to landscape modification, and that this bat species may show some behavioural flexibility to adapt to different levels of habitat fragmentation. The implications for virus transmission within the fruit bat population and to other hosts, including the human population, are discussed.

Acknowledgments: T. Pouliquen, A. Camara, G. Jaffrain.

Keywords: spatially explicit model, *Hypsignathus monstrosus*, Ebola virus circulation, landscape modification

3.2.2 Integrative analysis of Ebola antibodies detection data in bats from tropical Africa

Vladimir Grosbois^{1,2,7}, Mathieu Bourgairel^{1,2,7}, Martine Peeters³, Bruno Rosset^{1,2}, Ahidjo Ayoub³, Audrey Lacroix³, Alpha Kabinet Keita^{3,4}, Steve Ahuka-Mundekwe⁵, Innocent Ndong Bass⁶, Hélène De Nys^{1,2,7}

¹ CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier, France

² ASTRE, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

³ TransVIHMI, Université de Montpellier, Institut de Recherche pour le Développement, INSERM, Montpellier, France

⁴ Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie de Guinée (CERFIG), Université Gamal Abdel Nasser (UGANC), Conakry, Guinée

⁵ Institut National de Recherches Biomédicales (INRB), Kinshasa, Democratic Republic of the Congo

⁶ Centre de Recherche sur les Maladies Émergentes et Ré-émergentes (CREMER), Yaoundé, Cameroon

⁷ CIRAD, UMR ASTRE, Harare, Zimbabwe
vladimir.grosbois@cirad.fr

The detection of antibodies against a pathogenic agent is a convenient method to assess and monitor the agent's distribution across space, time and among potential host species. The antibodies produced by an individual following a non-lethal infection can be detected for a long period of time and the analyses to detect antibodies from serum samples are far less expensive than those to detect the pathogenic agent itself. Here we report the results of the analysis of a set of detection tests for antibodies directed against Ebola viruses of over 10,000 bat serum samples collected from more than 30 distinct sites in Cameroon, Guinea and Democratic Republic of the Congo during the EBO-SURSY Project lifespan.

The first part of the analysis focuses on the algorithm to detect individuals positive for antibodies based on 12 immunofluorescence results obtained for each bat serum sample (2 antigenic targets each for 6 viral strains) where there is no gold standard algorithm because no confirmed positive sample is available.

In the second part of the analysis, we describe and interpret the variation across space, time and among bat species in the proportion of individuals positive for antibodies (i.e., seroprevalence). More specifically, we relate the seroprevalence in each site and at each sampling date to the composition of the bat community, landscape type and the time of the year, including the phenology of the bat species.

As a final stage, we apply spatial interpolation by combining the inferred seroprevalence variation pattern and georeferenced data on the underlying variation factors (e.g. landscape, bat distribution, climate) to produce a map of the risk of circulation of Ebola viruses in the bat communities over the wide geographic scale in which the EBO-SURSY Project was implemented. This map could be used to identify areas where Ebola viruses could be transmitted from bats to human communities and could also guide future sampling.

Keywords: algorithm, antibodies, geospatial, risk mapping

3.2.3 Modélisation statistique de la persistance des anticorps anti-Ebola chez les survivants, des facteurs de risque et réactions croisées entre différentes souches du virus Ebola

Mamadou Salio Kalifa Diallo^{1,2}, Guillaume Thaurignac¹, Ahidjo Ayoub¹, Alpha Kabinet Keita^{1,2}, Martine Peeters¹, Jean-François Etard¹, René Ecochard^{3,4}, Eric Delaporte¹, Abdoulaye Touré^{1,2}

¹ IRD, INSERM, Université de Montpellier

² Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie de Guinée (CERFIG), Université Gamal Abdel Nasser de Conakry (UGANC)

³ Hospices Civils de Lyon

⁴ Université de Lyon 1
salio.kalif@gmail.com

Peu de données existent sur la cinétique à long terme des anticorps chez les survivants de la maladie à virus Ebola (MVE). Nous présentons ici la réponse humorale et ses déterminants chez les survivants de la MVE en Guinée.

Dans cette étude de cohorte prospective, nous avons recueilli des échantillons de sang de 687 survivants et évalué la liaison des anticorps IgG aux protéines recombinantes des virus Ebola Zaïre (EBOV), Bundibugyo (BDBV) et Soudan (SUDV) : la glycoprotéine (GP), la nucléoprotéine (NP) et la protéine virale VP40. Les facteurs prédictifs des niveaux quantitatifs d'anticorps ont été explorés au moyen d'un modèle linéaire mixte. Un modèle mixte logistique a été utilisé pour estimer la probabilité de séropositivité au fil du temps. Les profils à long terme des taux d'anticorps ont été analysés à l'aide d'un modèle mixte à classes latentes (LCMM). La réactivité croisée a été évaluée à l'aide d'une analyse hiérarchique.

Une diminution statistiquement significative du taux d'anticorps a été observée au fil du temps, selon deux trajectoires différentes, les anticorps anti-NP et anti-VP40 diminuant plus rapidement que les anti-GP. En effet, cinq ans après la sortie du centre de traitement Ebola, la probabilité de détecter chez les survivants des anticorps contre la GP était de 76,2 % (IC 95 % 67,2-83,3), 59,4 % (IC 95 % 46,3-71,3) contre la NP, et 60,9 % (IC 95 % 51,4-69,8) contre la VP40. Chez quelques survivants, le taux d'anticorps étaient fluctuants, suggérant une stimulation antigénique à partir d'un réservoir EBOV. Nous avons également observé que la proportion de réactions croisées était la plus élevée entre les souches GP-Kissidougou et GP-Mayinga (94,5 % ; IC 95 % 92,5-96,1) de l'espèce EBOV qu'avec les espèces BDBV et SUDV.

La probabilité que les survivants de la MVE aient des anticorps contre un ou plusieurs antigènes EBOV reste élevée, bien qu'environ 25 % d'entre eux aient des anticorps indétectables, ce qui pourrait avoir des implications pour les futures épidémies d'Ebola dans la même région.

Mots clés : modélisation, statistique, Ebola, anticorps

3.3 Perception socio-anthropologique de la relation humain/faune sauvage

3.3.1 Pratiques à risque et perception des communautés à l'interface homme-faune sauvage dans le contexte de transmission du virus Ebola en République du Congo

Rex D. Mbon Obami^{1,2}, Pauline Delbecq^{3,4,5}, Jean Akiana¹, Marie-Marie Olive^{4,5}, Danficy Sandiala¹, Wilfrid Sapromet Ngoubili¹, Mathieu Bourgarel^{4,5,6}, Gilbert Ndziessi², Helene De Nys^{4,5,6}

¹ Facultés des Sciences et Techniques (FST), Université Marien N'Gouabi, République du Congo

² Faculté des Sciences de la Santé (FSSa), Université Marien N'Gouabi, République du Congo

³ Faculté des Sciences, Université de Montpellier, France

⁴ CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier, France

⁵ ASTRE, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

⁶ CIRAD, UMR ASTRE, Harare, Zimbabwe

rex.dassautmbonobami@gmail.com

Les maladies zoonotiques sont un problème de santé publique majeur. C'est le cas de la maladie à virus Ebola, dont des épidémies sporadiques sont recensées en Afrique depuis 1976. Ces épidémies semblent, pour la plupart, trouver leur origine dans la faune sauvage. La République du Congo a subi plusieurs épidémies dans le département de la Cuvette-Ouest, dont l'habitat est principalement constitué de forêt tropicale primaire et secondaire. Il n'existe cependant que peu d'informations sur l'exposition des communautés de cette région aux risques de transmission de pathogènes depuis la faune sauvage. Afin de mieux comprendre les dynamiques de transmissions et de développer des stratégies de prévention et de surveillance efficaces, il est nécessaire d'identifier les pratiques des communautés locales pouvant mener à des transmissions zoonotiques et leur perception des risques sanitaires liés à la faune sauvage environnante. L'objectif de notre étude est de réaliser une analyse descriptive des pratiques socio-économiques et culturelles ainsi que des perceptions pouvant favoriser les risques de transmission de la maladie à virus Ebola dans le département de la Cuvette-Ouest en République du Congo.

Dans une approche participative, la collecte de données a été réalisée sur la base de 14 entretiens semi-dirigés et 35 *focus groups* conduits auprès de 169 personnes dans six villages et une communauté urbaine. Les participants étaient principalement des chasseurs, des vendeuses de viande de brousse et des agents des eaux et forêts. Nous présentons les résultats d'une analyse thématique portant notamment sur les contacts indirects avec la faune sauvage et les pratiques et raisons de la chasse, de la consommation et de la vente de viande de brousse.

Les résultats de cette étude pourront être intégrés dans des analyses de risques et permettront de proposer des schémas de réduction des risques, de prévention et de surveillance de la maladie à virus Ebola adaptés aux contraintes et besoins des communautés, en accord avec leurs modes de vie.

Remerciements : Université Marien N'Gouabi, CIRAD et Campus-France, projet EBO-SURSY financé par l'UE.

Mots clés : maladie à virus Ebola, pratiques à risque, perceptions des risques, interface homme-faune sauvage

3.3.2 Favoriser un changement social et comportemental à travers les résultats de la recherche : le cas de la campagne de sensibilisation radio sur les zoonoses en République démocratique du Congo

Waly Faye¹

¹ Radio Workshop, Cape Town, Afrique du Sud

waly@radioworkshop.org

Les zoonoses sont des maladies qui se transmettent naturellement entre animaux et humains. Elles représentent 75 % des maladies infectieuses émergentes qui touchent les humains. Pour limiter les risques sanitaires liés aux épidémies zoonotiques, les communautés doivent comprendre

l'impact des activités anthropiques sur les animaux ainsi que l'interdépendance entre la santé humaine, animale et environnementale. C'est dans ce contexte que le projet EBO-SURSY et Radio Workshop ont lancé une campagne de sensibilisation et d'éducation sur les zoonoses en utilisant les réseaux de radios communautaires dans les provinces de l'Équateur, de la Tshopo et de Kinshasa en République démocratique du Congo (RDC). Notre étude vise à mesurer l'évolution des connaissances et des attitudes dans les communautés avant et après la campagne radio. Afin d'évaluer le niveau de base des connaissances des auditeurs, 696 individus ont été interrogés du 3 au 13 mars 2023 en utilisant une enquête ménage, des entretiens individuels et des *focus groups*. L'enquête ménage a montré que 74 % des répondants ont une connaissance faible ou nulle des modes de transmission des zoonoses et des risques sanitaires liés à la viande de brousse. Les connaissances sont aussi faibles (plus de 90 % des répondants) sur les maladies hémorragiques virales, en dehors du virus Ebola.

Une évaluation finale sera conduite après la campagne de sensibilisation. Les résultats nous permettront de présenter l'évolution des connaissances et des attitudes par rapport aux zoonoses en partant de l'hypothèse qu'un programme de sensibilisation et d'éducation par la radio avec une composante de changement social et comportemental centrée sur la communauté et la famille augmente les connaissances des populations sur les risques de transmission des zoonoses et les incite à adopter des comportements moins risqués.

Mots clés : zoonoses, transmission, changement social, changement comportemental, radio

3.3.3 Localizing Ebola virus emergences: the intertwining of daily life and EVD outbreaks in Guinea and in the Democratic Republic of the Congo

Almudena Mari Saez¹

¹ *TransVIHMI, Université de Montpellier, IRD, INSERM, Montpellier, France*
almudena.marisaez@ird.fr

Studying the emergence of a virus requires untangling the web of relationships and actions that led to the outbreak. Our methodological approach to the study of emergencies is based on a twofold analysis: on one hand, the territory, which examines the conditions in which people-animals-environment form a daily way of life; on the other hand, networks, which study the material conditions and individual and collective relationships that support health care. We present examples from two epidemics.

In February 2021, the resurgence of the Ebola virus in Guinea accounted for 23 cases (12 deaths). Few weeks following the declaration of the outbreak, the discovery of the human origin of the resurgence constituted a new paradigm in research, but also in the lives of Ebola virus disease (EVD) survivors. From the analysis of the relationships of the first case (a matron), a multidisciplinary team of anthropologists and epidemiologists has put forward an hypothesis of nosocomial contamination. These investigations revealed also that the use of protective practices by some of the EVD confirmed cases' contacts could potentially explain the limited spread of the disease in some settings.

In May 2022, 4 confirmed and 1 suspected cases (5 deaths) of EVD were identified in the town of Mbandaka in the Democratic Republic of the Congo. This unusual occurrence of a zoonotic transmission in an urban environment raised questions amongst the inhabitants. The multidisciplinary team suggested to pay attention to the exchanges of food and between people which maintain a fluidity between rural and urban territories affected by previous Ebola epidemics for future emergences in the region. In addition, the team observed that people who

have cared for EVD confirmed cases at home and in hospital setting, without using personal protective equipment, were asymptomatic, raising the questions about their role on the epidemic dynamic.

These studies raise questions such as: how do we live in contexts where EVD outbreaks are recurrent or where the virus may re-emerge in survivors? How can health workers, health systems and society respond to these realities?

Acknowledgments: Frédéric Le Marcis, CAI-UNICEF, INRB, CERFIG, Survivors Project.

Keywords: Ebola virus, resurgence, multiple species, anthropology, care

3.3.4 Stratégie de Communication sur les Risques et Engagement Communautaire (CREC) selon l'approche Une seule santé au Cameroun

Alvine Aurelle¹, Foudjin Amawota^{1,2}, Conrad Ntoh Nkuo¹,

Elisabeth Dibongue¹, Jean-Marc Kameni Feussom^{2,3},

Crystella Cha-Ah^{1,2}, Damaris Djenny Ngando⁴,

Manuela Ngo Bakale⁵, Clémence Ngo Mpan¹,

Thierry Kuicheu Feukeu¹, Pierre Beng Sanding¹

¹ *Programme National de Prévention et de Lutte contre les Zoonoses Émergentes et Réémergentes, Yaoundé, Cameroun*

² *Association Épidémiologie et Santé Publique Vétérinaire, Yaoundé, Cameroun*

³ *Ministère de l'Élevage, des Pêches et des Industries Animales, Yaoundé, Cameroun*

⁴ *Ministère de la Communication, Yaoundé, Cameroun*

⁵ *Breakthrough ACTION, Yaoundé, Cameroun*

aamawota@yahoo.com

La récente expérience dans la gestion des situations d'urgence de santé publique au Cameroun a mis en lumière les faibles capacités du pays à faire adhérer les populations aux efforts de réponse aux crises, ce qui a montré que la Communication sur les Risques et Engagement Communautaire (CREC) est un pilier important de cette gestion.

Pour inverser la tendance, la plateforme nationale Une seule santé a développé des documents et des outils afin d'aider dans la mise en œuvre d'interventions dans le domaine de la santé humaine, animale et environnementale selon les recommandations du Règlement sanitaire international (RSI, 2005). Nous disposons notamment de la stratégie de CREC selon l'approche Une seule santé, des procédures opérationnelles standard de la CREC, des plans intégrés de préparation et de surveillance ainsi que d'outils de sensibilisation (dépliants, spots radios). L'objectif est d'améliorer la coordination et la mise en œuvre des interventions de communication sur les risques au Cameroun, avec la participation des parties prenantes de la plateforme Une seule santé et la communauté, afin d'assurer une réponse effective et efficace aux menaces zoonotiques et autres urgences de santé publique d'ici 2027.

Le processus comporte plusieurs étapes : revue documentaire, analyse situationnelle et état des lieux de la CREC, afin de déterminer les acquis et les points à améliorer ; le développement du *draft 0* des documents et outils par l'équipe technique de rédaction ; l'organisation des concertations avec les experts sectoriels ; et enfin la validation.

Le développement de la stratégie a été enrichi par des enquêtes menées dans les communautés pour déterminer les comportements qui exposent les populations aux menaces sanitaires, afin de mieux définir les orientations à formuler.

Élaborée selon une approche multisectorielle, la stratégie de CREC s'aligne sur la stratégie nationale Une seule santé du Cameroun.

Mots clés : approche Une seule santé, CREC, situations d'urgence, coordination, Cameroun

Thème 4

Valorisation des résultats de recherche et des innovations dans les systèmes nationaux de surveillance, de communications et de sensibilisation sur les MZER

11 octobre 2023

4.0 Integrating risk analyses in Ebola virus disease outbreak surveillance

David T S Hayman¹

¹Molecular Epidemiology & Public Health Laboratory, Hopkirk Research Institute, Palmerston North, New Zealand
d.t.s.hayman@massey.ac.nz

Ebola virus disease (EVD) outbreaks have become regular events, occurring almost annually for the last two decades. Though sporadic and unpredictable at local levels, with growing numbers of outbreaks come increasing opportunities to look for patterns and improve our ability to detect and prevent outbreaks. Seasonal patterns have been demonstrated and linkages made to EVD outbreaks in people and apes during transitions between wet and dry seasons in tropical Africa. More recently EVD outbreaks have been linked to African bat birthing cycles, forest fragmentation and mammal diversity. With so few outbreaks, model validation is difficult, but spatiotemporal models have previously predicted two 2018 EVD outbreaks in the Democratic Republic of the Congo to fall within the top 12–35% and 0.1% of all cells analyzed in mainland Africa in out of-sample prediction. These results suggest that there are times of year in locations that have greater risk of EVD. These tools and results could be used to support improved surveillance strategies and, potentially, measures to prevent future EVD outbreaks. This could be done by both providing hypotheses to test to improve future work, such as where in space and time viruses might be more likely to be circulating, and an evidence base for decision making. Iterative updating of models with data will help make these tools better for those involved in surveillance, as well as prevention and response measures. Implementing such an integrated risk analysis will be a logistical challenge, especially across national borders, but the benefits could be more data-driven, cost-effective, and integrated approaches to surveillance and outbreak prevention and response.

Keywords: Ebola virus, bats, modelling, zoonoses, One Health

4.1 Renforcement des capacités locales et capitalisation des acquis dans la durée

4.1.1 Renforcer les laboratoires de microbiologie pour une optimisation des capacités de recherche et de réponse aux épidémies en Guinée

Alpha Kabinet Keita^{1,2}, Nicole Vidal², Abdoulaye Toure¹, Mamadou Saliou Sow^{1,3}, Laetitia Serrano², Christelle Butel², Guillaume Thaurignac², Haby Diallo¹, Abdoul Karim Soumah¹, Moriba Kowa Povogui¹, Joel Balle Koivogui¹, Jean-Louis Mounemou¹, Nicolas Fernandez², Emilande Guichet², Éric Delaporte², Ahidjo Ayoub², Martine Peeters²

¹Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie de Guinée (CERFIG), Université Gamal Abdel Nasser de Conakry, Guinée

²TransVIHMI, Université de Montpellier, Institut de Recherche pour le Développement (IRD), INSERM, Montpellier, France

³Service des maladies infectieuses et tropicales, Hôpital National Donka, Conakry, Guinée
alpha-kabinet.keita@ird.fr

Dans un contexte de globalisation, il est admis que les agents pathogènes provenant d'animaux sauvages et/ou domestiques sont à l'origine de plus de 60 % des maladies infectieuses chez l'homme. Environ 75 % de ces infections sont d'origine animale. La circulation de ces pathogènes responsables de zoonoses n'épargne aucune zone géographique. Cependant, certains territoires sont plus à risque que d'autres, et nécessitent une attention particulière dans le développement des infrastructures, le renforcement des capacités structurelles et des ressources humaines.

Avec l'expérience de l'épidémie de la maladie à virus Ebola (2013-2016), un consensus a été établi sur la nécessité de développer en Guinée des structures de recherche et de formation pérennes, capables de répondre aux besoins du pays et d'agir au-delà des crises aiguës. Dans cette dynamique, la mise en œuvre de plusieurs projets de recherche structurants développés dans le post-Ebola a permis la création du Centre de recherche et de formation en infectiologie de Guinée (CERFIG) à l'Université Gamal Abdel Nasser de Conakry. Ce centre abrite aujourd'hui la première Plateforme de recherche internationale en santé mondiale (PRISME). Au sein du CERFIG, un laboratoire de virologie a été mis en place, rapidement équipé en outils permettant le déploiement de nouvelles techniques diagnostiques (tests d'amplification d'acides nucléiques, séquençage, sérologie) et la formation du personnel de laboratoire. Ce renforcement de capacités place cette structure désormais fonctionnelle en première ligne dans la riposte aux épidémies en assurant un diagnostic de qualité pour le pays et en permettant le développement de compétences de haut niveau dans la lutte contre les émergences infectieuses.

Remerciements : Université de Montpellier, Institut de recherche pour le développement, INSERM, ANRS-MIE, OMSA, Université Gamal Abdel Nasser de Conakry, ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique.

Mots clés : CERFIG, Guinée, pathogène, laboratoire, formation, épidémie

4.1.2 Renforcement des capacités de diagnostic d'une fièvre hémorragique virale, la fièvre de la vallée du Rift (FVR), dans la sous-région Afrique de l'Ouest – exemple du jumelage OMSA entre le LNERV-ISRA, Sénégal et le CIRAD-UMR-ASTRE, France

Mame Nahé Diouf¹, Modou Moustapha Lo¹, Aurélie Pédarrieu^{2,3}, Dominique Sionneau^{2,3}, Mariam Ouleye Fofana¹, Aminata Ba¹, Mbengue Ndiaye¹, Gaye Laye Diop¹, Aminatou Niang Ndoye¹, Cécile Squarizoni-Diaw^{2,3}, Andrea Apolloni^{2,3}, Mamadou Cissé¹, Nathalie Vachier^{2,3}, Momar Talla Seck¹, Catherine Cêtre-Sossah^{2,3}

¹Institut Sénégalais de Recherches Agricoles (ISRA), Laboratoire National d'Élevage et de Recherches Vétérinaires (LNERV), Dakar-Hann, Sénégal

²CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier, France

³ASTRE, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France
mnahe.diouf@gmail.com, catherine.cetre-sossah@cirad.fr

La fièvre de la vallée du Rift (FVR) est une arbovirose émergente majeure possédant un cycle de transmission complexe impliquant des facteurs liés aux hôtes (diversité, mobilité), aux vecteurs (diversité, abondance, saisonnalité) qui transmettent la maladie et à l'environnement (pluviométrie). Le virus de la FVR (VFVR), appartenant au genre Phlebovirus, famille des *Phenuiviridae*, ordre des Bunyavirales, possède une large gamme d'hôtes et est capable d'infecter de nombreuses espèces de ruminants d'élevage (caprine, ovine, bovine, cameline), de faune sauvage ainsi que l'homme. En Afrique de l'Ouest, la FVR a été signalée dans de nombreux pays, avec des cas cliniques en Mauritanie et au Sénégal dès 1987, suivis d'autres épidémies, espacées par des périodes inter-épidémiques pendant lesquelles le virus circule à bas bruit sans

symptomatologie dans les troupeaux. C'est dans ce contexte qu'un projet de jumelage entre un laboratoire candidat du Sénégal, le Laboratoire national d'élevage et de recherches vétérinaires (LNERV), appartenant à l'Institut sénégalais de recherches agricoles (ISRA) et un laboratoire de référence de l'Organisation mondiale de la santé animale (OMSA), l'UMR ASTRE (Animal, Santé, Territoires, Risques et Écosystèmes) du Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (CIRAD) a vu le jour en 2019, incluant la Direction des services vétérinaires (DSV) sénégalais. Les trois activités principales de ce jumelage ont été les suivantes : (1) renforcer et améliorer les capacités de diagnostic du VFVR (méthodes d'identification et de caractérisation du VFVR (assurance qualité, essais inter-laboratoires) ; (2) renforcer l'expertise des vétérinaires en épidémiologie de la FVR et en évaluation des risques (plans nationaux intégrés de surveillance et de contrôle fondés sur une analyse qualitative des risques) ; et (3) améliorer le contrôle de la FVR (test d'immunogénicité de la souche vaccinale Clone 13T thermostable). Le LNERV est désormais accrédité selon la norme ISO 17025 (sérologie FVR). L'élaboration de cartes de risques adaptées est maîtrisée par la DSV, et l'efficacité du candidat vaccin Clone 13T thermostable a été prouvée.

Remerciements : Banque mondiale, EBO-SURSY, Métaprogramme INRAE-Forsee.

Mots clés : fièvre de la vallée du Rift (FVR), Clone 13T, diagnostic, accréditation, analyse de risque

4.1.3 Les ateliers RSI-PVS, pour un renforcement de la mise en œuvre de l'approche Une seule santé en Afrique de l'Ouest et du centre

Brice Lafia¹, Tieble Traore², Sophie Muset³, Yacinthe Guigma³, Guillaume Belot⁴, Serge Nzietchueng¹, Lillian Wambua³

¹ Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), Rome, Italie

² Organisation mondiale de santé (OMS), Bureau régional pour l'Afrique, Hub de Dakar, Dakar, Sénégal

³ Organisation mondiale de la santé animale, (OMSA) Paris, France

⁴ Organisation mondiale de santé (OMS), Genève, Suisse
brice.lafia@fao.org

En 2010, l'Organisation mondiale de la santé (OMS), l'Organisation mondiale de la santé animale (OMSA) et l'Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO) ont signé un accord de collaboration dans le domaine de la prévention et du contrôle des risques sanitaires suivant l'approche Une seule santé. Afin d'aider les États membres à améliorer leur collaboration multisectorielle, l'OMS et l'OMSA, avec le concours des partenaires techniques et financiers, ont développé un outil nommé *National Bridging Workshop* (NBW). Le NBW offre aux pays l'opportunité de s'appuyer sur les performances et les lacunes relevées dans les rapports des évaluations externes conjointes et des performances des services vétérinaires et sur les discussions des experts nationaux provenant des secteurs clés (santé humaine, animale et environnementale), pour mieux préparer les événements de santé publique que sont les maladies zoonotiques et y répondre ensemble. Plus de 20 NBW ont été réalisés en Afrique, dont huit dans la zone d'invention du projet EBO-SURSY (Cameroun, Côte d'Ivoire, Congo, Gabon, Guinée, Liberia, Sierra Leone et Sénégal). Plus de 590 experts nationaux ont pris part à ces ateliers, soit en moyenne 73 participants par atelier. En termes de maladies ayant fait l'objet d'étude de cas, 100 % des pays ont retenu la rage contre respectivement 88 % et 75 % la grippe aviaire et la maladie à virus Ebola. À l'issue de chaque NBW, une feuille de route commune a été développée pour améliorer la collaboration intersectorielle dans 15 domaines techniques dont les principaux identifiés par les parties prenantes nationales sont : la coordination, le laboratoire, la surveillance, la réponse et la communication.

La mise en œuvre des feuilles de route permet de promouvoir l'adoption des principes et des meilleures pratiques en matière de préparation et de réponse aux zoonoses en conformité avec le Règlement sanitaire

international (2005) et les codes sanitaires pour les animaux terrestres et aquatiques.

Mots clés : performance des services vétérinaires, règlement sanitaire international, Une seule santé

4.1.4 Vers une meilleure intégration de la faune sauvage dans la surveillance des fièvres hémorragiques virales en Afrique

Brice Lafia¹, Marie-Marie Olive², Alexis Delabouglise², Wendmisida Victor Yacinthe Guigma³, Sophie Muset³

¹ Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), Rome, Italie

² UMR ASTRE, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

³ Organisation mondiale de la santé animale (OMSA), Paris, France
brice.lafia@fao.org

Les épidémies récurrentes d'Ebola et autres fièvres hémorragiques virales (FHV) en Afrique révèlent la difficulté de surveiller, de détecter précocement et de répondre rapidement aux émergences et ré-émergences des maladies zoonotiques issues de la faune sauvage. Pour faire face à cette problématique, la promotion de l'approche Une seule santé s'est accentuée aussi bien au niveau mondial, à travers la quadripartite entre l'Organisation mondiale de la santé (OMS), l'Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), l'Organisation mondiale de la santé animale (OMSA) et l'UNEP ou *United Nations Environment Programme*, qu'au niveau national par la promotion de la collaboration intersectorielle. Par ailleurs, la nécessité de développer et de mettre en œuvre des protocoles de surveillance intégrée et multisectorielle pour améliorer la détection précoce des FHV chez les animaux s'avère cruciale.

C'est ainsi que, dans le cadre du projet EBO-SURSY, trois ateliers régionaux ont été organisés au profit de 14 pays : Bénin, Côte d'Ivoire, Guinée, Sénégal, Cameroun, République du Congo, République démocratique du Congo, République centrafricaine, Gabon, Ghana, Ouganda, Liberia, Sierra Leone et Nigeria. Les objectifs de ces ateliers étaient : (1) d'améliorer les mécanismes de collaboration entre les secteurs en charge des animaux domestiques et sauvages ; (2) d'améliorer la compréhension de l'importance de leur implication conjointe dans la surveillance intégrée des FHV chez les animaux sauvages ; et (3) de rédiger l'ébauche d'un protocole de surveillance d'une FHV prioritaire dans leur pays respectif.

L'approche participative utilisée lors de ces ateliers a permis aux 64 (11 femmes, 53 hommes) participants, composés des chefs des services vétérinaires et des points focaux de l'OMSA, en charge respectivement du laboratoire vétérinaire, de la notification des maladies animales, de la faune sauvage et de la communication, d'identifier eux-mêmes leurs contraintes et besoins à travers des exercices de simulation, des tests de connaissances, des échanges d'expériences et de partage des succès et défis associés à la surveillance des FHV.

Quatre pays (République centrafricaine, Côte d'Ivoire, République du Congo, Sierra Leone) ont par la suite finalisé et validé au niveau national et de manière multisectorielle les ébauches de protocoles de surveillance préalablement développées.

Mots clés : faune sauvage, fièvre hémorragique virale, surveillance intégrée

4.1.5 Développement de plans de surveillance nationaux et multisectoriels pour les fièvres hémorragiques virales (FHV) : cas de la République centrafricaine et de la République du Congo

Jean-Marc Kameni Feussom¹, Marie Noël Mbaïkoua², N'Kaya-Tobi³, Wendmisida Victor Yacinthe Guigma⁴, Sophie Muset⁴

¹ Direction des Services vétérinaires (MINEPIA), Yaoundé, Cameroun

² Direction Générale des Services Vétérinaires (DGSV), Bangui, République centrafricaine

³ Direction Générale de l'Élevage (DGE), Brazzaville, République du Congo

⁴ Organisation mondiale de la santé animale (OMSA), Paris, France
mfeussom@gmail.com

Après l'atelier d'élaboration de protocoles de surveillance des fièvres hémorragiques virales (FHV) dans la faune sauvage pour les pays d'Afrique centrale, organisé en décembre 2019 par le projet EBO-SURSY, la République centrafricaine (RCA) et la République du Congo ont identifié la fièvre de la vallée du Rift (FVR) comme zoonose prioritaire pour élaborer un plan de surveillance national.

Sous l'égide des Services vétérinaires, des ateliers nationaux ont ensuite été réalisés afin de développer ces plans de surveillance nationaux et multisectoriels pour la FVR dans chacun des deux pays. Les ateliers d'élaboration et de validation des plans de surveillance intégrée de la FVR selon l'approche Une seule santé ont été organisés du 4 au 8 avril 2022 en RCA (38 participants) et du 25 au 29 avril 2023 en République du Congo (34 participants).

La méthodologie a consisté à faire un état des lieux des connaissances et données disponibles sur la FVR dans les deux pays. Un guide de rédaction du plan de surveillance, un arbre à problème et à objectif ainsi qu'une matrice de chaîne de résultats ont été proposés pour appuyer les groupes de travail multisectoriels. L'approche participative a permis d'intégrer l'expertise locale et les ressources disponibles au sein des secteurs de la santé animale, de la santé humaine et de la santé environnementale, capitalisant ainsi sur l'existant des différents pays tout en prenant en compte les conventions internationales sur l'environnement et les rapports d'évaluations du Règlement sanitaire international (RSI), des Performances des services vétérinaires (PVS) lors de l'élaboration des plans de surveillance pour la FVR.

Ces travaux ont permis d'identifier des axes de travail prioritaires pour chacun des plans de surveillance dont la mise à jour des textes et l'ancrage sur les normes internationales, la mise en place et la redynamisation du réseau, les ressources humaines, matérielles et financières, l'interopérabilité et les échanges d'informations, un plan de communication des risques et d'engagement communautaire ainsi qu'un plan de suivi et évaluation.

Mots clés : fièvre de la vallée du Rift, fièvres hémorragiques virales, zoonoses, Afrique centrale, surveillance, République centrafricaine, Congo

4.2 Intégration des analyses de risque dans les protocoles de surveillance épidémiologique

4.2.1 Vers une surveillance intégrée des maladies émergentes provenant de la faune sauvage en Guinée – point de vue des gestionnaires de la faune sauvage

Mamadou Alimou Barry¹, Saa André Tolno^{2,3,4},
Mathieu Bourgaire^{3,4,5}, Marie-Marie Olive^{3,4}, Julien Cappelle^{3,4},
Hélène De Nys^{3,4,5}, Aboubacar Samoura¹

¹ Office Guinéen des Parcs Nationaux et Réserves de Faune, Conakry, Guinée

² Institut Supérieur des Sciences et de Médecine Vétérinaire de Dalaba, Dalaba, Guinée

³ UMR ASTRE, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

⁴ ASTRE, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

⁵ CIRAD, UMR ASTRE, Harare, Zimbabwe

barryalim91@gmail.com

L'épidémie d'Ebola qui a émergé en Guinée en 2013 a montré des défaillances dans les systèmes de santé sur le plan national, une vulnérabilité des populations aux menaces des maladies émergentes et, surtout, l'absence de collaboration intersectorielle impliquant l'environ-

nement et la faune sauvage. Suite à ce constat, et devant la nécessité de renforcer les capacités de surveillance des maladies émergentes provenant de la faune sauvage en Guinée, plusieurs projets internationaux ont été mis en œuvre en Guinée, dont le projet EBO-SURSY.

L'objectif étant l'amélioration des systèmes de surveillance des maladies zoonotiques à l'interface homme-faune sauvage, des recherches portant sur les axes suivants ont été menées : les pratiques socio-économiques et culturelles des communautés vivant à l'interface avec la faune sauvage favorisant les risques d'émergence du virus Ebola, les perceptions sur la surveillance, la co-construction d'un système de surveillance intégrée à base communautaire, l'écologie du virus Ebola et de ses hôtes naturels.

Grâce à l'implication d'acteurs des différents secteurs, dont l'Office guinéen des parcs nationaux et des réserves de faune (OGPNRF), ces travaux ont contribué au renforcement des capacités, dont la formation de plus de 670 conservateurs de la nature sur la surveillance épidémiologique, tout en favorisant les collaborations intersectorielles et transdisciplinaires dans le cadre d'une surveillance « One Health » des maladies zoonotiques.

Au niveau de l'OGPNRF, ces activités se traduisent entre autres par : un renforcement des collaborations avec la Direction nationale des services vétérinaires et l'Agence nationale de sécurité sanitaire, l'intégration de la gestion de la faune dans la surveillance, une meilleure compréhension de la part des acteurs de terrain quant à leur rôle dans la surveillance de maladies provenant de la faune sauvage, et le développement de fiches de surveillance pour les aires protégées. De plus, les données produites ont permis d'enrichir le manuel de surveillance épidémiologique des maladies de la faune sauvage en Guinée.

Mots clés : surveillance, Guinée, zoonoses, faune sauvage

4.2.2 Implementation and evaluation of a participatory process to support the co-development of an integrated surveillance system for anthrax in Burkina Faso

Sougrenoma Désiré Nana^{1,2}, Raphaël Duboz^{1,3,4,5},
Pascal Hendrikx⁷, Marion Bordier^{1,4,6}

¹ ASTRE, Université de Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

² CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier, France

³ Université polytechnique d'Afrique de l'Ouest, Dakar, Senegal

⁴ CIRAD, UMR ASTRE, Dakar, Senegal

⁵ IRD, Université de la Sorbonne, UMMISCO, Bondy, France

⁶ Laboratoire national de l'élevage et de la recherche vétérinaire, Institut sénégalais de recherche en agriculture, Dakar, Senegal

⁷ Haut Conseil de l'alimentation, de l'agriculture et des espaces ruraux, Paris, France

marion.bordier@cirad.fr

Participatory approaches are increasingly used during policy development to improve stakeholder ownership and compliance. This is particularly the case for integrated surveillance systems (ISS), which require reconciling the expectations and values of a wide range of stakeholders. However, there is a lack of evidence on the actual effects of such approaches. In this context, we developed and applied a participatory process to guide surveillance actors towards the collective definition of an optimal ISS for anthrax in Burkina Faso, together with an evaluation framework to evaluate the effects of this process.

The participatory process was implemented during a three-day workshop with surveillance actors following four steps: (1) definition of the desired ISS, (2) characterization of the current surveillance situation, (3) identification of the necessary changes to reach the desired situation, (4) description of the actions to implement the identified changes. An evaluation framework was built to evaluate four domains in relation to the quality and the effects of the process: (1) the intrinsic quality of the process, (2) changes in participants, (3) quality of results

produced by the process, (4) impacts of changes in participants and impacts of the results produced.

The participatory process developed and applied during this study demonstrated its ability to engage multiple stakeholders with very different expectations and contrasting technical and social resources. This engagement allowed them to define a shared vision of the desired system and to negotiate the construction of an associated innovation pathway in which each of them could reasonably take part.

Evaluation showed that the process led to the identification of well-adapted and accepted surveillance modalities. Participants improved their knowledge and motivation to collaborate for surveillance. Most of them recognized the value of such an approach in moving towards a relevant and sustainable ISS and enjoyed being part of the process.

Acknowledgment: we would like to thank FVI-ENSV as well as the French Embassy in Burkina Faso for their financial support and participants for their commitment.

Keywords: anthrax, co-construction, evaluation, integrated surveillance, participation

4.2.3 Strategies for monitoring zoonotic diseases in the Republic of the Congo

Roch Fabien Niama^{1,2}, Pembe Issamou Mayengue², Eric Maurice Leroy³

¹ Laboratoire National de Santé Publique, Brazzaville, Republic of the Congo

² Faculté des Sciences et Techniques, Université Marien Ngouabi, Brazzaville, Republic of the Congo

³ Unité Mixte de Recherche Mivegec, Institut de Recherche pour le Développement, Montpellier, France
fabien.niama@gmail.com

Emerging viruses, both zoonotic and vector-borne, pose a significant threat to global health due to a complex confluence of events involving the role of pathogen reservoirs and exposure risks, including their facilitating and intrinsic host factors. The implementation of strategies allowing early detection, and thus anticipation of these events, represents one of the major keys to the control of these diseases.

We describe here the strategy implemented in the early detection of zoonotic events in the Republic of the Congo. One of the weaknesses identified in the country's zoonotic surveillance is the lack of an information relay system between the central level and the populations living at the wildlife interface. In addition, there is a lack of training of community and/or health workers in taking appropriate samples and transporting them, as well as an absence of appropriate diagnostic means.

The main focus was the implementation of wildlife mortality surveillance combined with seroprevalence surveys and public education on the human-animal interface. The aim was to set up a network for reporting wildlife mortality in an area covering 1/6th of the national territory, coupled with specific immunoglobulin G (IgG) detection in at-risk populations and educational actions aimed at promoting behavioral change among people living at the human-animal interface. In addition, training of indigenous populations in reporting animal carcasses, collecting specimens and transferring them to laboratories were conducted. As a result, more than 6,600 people were trained and collected 58 carcasses. The second component was the establishment of a rapid response team of 30 people trained in field epidemiology, and the final part included the strengthening of diagnostic capacities in the country. The establishment of this strategy can serve as a model for early warning and highlights the importance of involving local populations, veterinary services through ecoguards, and human health services in the same health surveillance dynamic. Future seroprevalence surveys will add valuable information on spatial distribution and risk factors of contamination.

Keywords: Congo, zoonotic disease surveillance, wildlife interface

4.3 Communication et vulgarisation des résultats de recherches

4.3.1 Promotion of community awareness tools during wildlife investigation missions to mitigate risks of pathogenic transmissions

Innocent Ndong Bass¹, Thomas Atemkeng Fotsop¹, Joseph Moudindo Essomba¹, Aimé Mebenga Dambala Gratien^{1,†}, Charles Kouanfack¹, Ahidjo Ayoub^{1,2}, Éric Delaporte², Martine Peeters², Eitel Mpoudi Ngole^{1,†}

¹ CREMER, Institut de Recherches Médicales et d'Études des Plantes Médicinales (IMPM), Yaoundé, Cameroon

² TransVIHMI, Université de Montpellier, IRD, INSERM, Montpellier, France

[†] E. M. N. deceased on 27 September 2021, A. M. D. G. deceased on 12 April 2023

ssabgnodn@yahoo.com

For more than 25 years, CREMER (Centre de Recherche sur les Maladies Émergentes et Ré-émergentes) has been evaluating pathogens at the human/animal interface in Cameroon in the framework of several research projects including the EU-funded EBO-SURSY project. In this context, our team has been involved in field missions on a monthly basis in the tropical rain forest zone of Cameroon to collect samples from wildlife and promote community awareness to cross-species transmission of pathogens. For diseases such as Ebola, Cameroon remains a country at high risk even though it has never had a single epidemic, thus bats which are widely hunted for bushmeat in Cameroon are highlighted as reservoirs of a plethora of viruses including Ebola. Each field mission is an occasion for conducting outreach sessions for forest rangers (Ministry of Forestry and Wildlife) who are then included in our field team. These sessions involve explaining the purpose of the mission and working to emphasize the risks posed by zoonotic diseases that many community members see as an illusion. During these field missions, we used different tools provided by the EBO-SURSY project, including flyers with varied illustrational messages and the ALERT game tool that aims to sensitize and educate rural communities on the surveillance of viral hemorrhagic fevers in wildlife. The same narrative is relayed to the community leaders or chiefs, notables and interested community members. The messages are later consolidated with guides and porters recruited to assist the team with the fieldwork. Hence, local guides and porters enhance their understanding and ability to communicate accurate information to their peers regarding potential contamination from wild animals. On average 20 to 25 people are sensitized to the risk of zoonotic diseases during each field mission in 19 different sites in the forest region of Cameroon. In summary, our team has contributed in community awareness on disease threats represented by regular contacts with wildlife in forested areas of Cameroon.

Acknowledgments: Institute of research in Sustainable Development (IRD), Agricultural Research for the Sustainable Development (CIRAD), EBO-SURSY, Institut de Recherches Médicales et d'études des Plantes Médicinales (IMPM).

Keywords: Ebola, bats, Cameroon, emerging infectious diseases, community awareness

4.3.2 Using data centralization through multi-partner databases for enhanced information use, scientific production and collaboration with policymakers

Bruno Rosset^{1,2}, Hélène de Nys^{1,2,3}, Sophie Muset⁴, Vladimir Grosbois^{1,2,3}, Mathieu Bourgaire^{1,2,3}

¹ UMR ASTRE, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

² ASTRE, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

³ CIRAD, UMR ASTRE, Harare, Zimbabwe

⁴ World Organization for Animal Health (WOAH), Paris, France
bruno.rosset@cirad.fr

In today's evolving digital landscape, data has emerged as a valuable asset. Institutions in charge of disease surveillance and control recognize the importance of data-driven decision-making and collaborative efforts to address complex challenges. This work presents an example of data centralization developed by CIRAD (Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement) and its partners as part of the EBO-SURSY Project to improve information sharing among partners and effective collaboration with policymakers.

A multi-partner database promotes data centralization and standardization. Standardization ensures data integration and compatibility and facilitates the aggregation of information, eliminating redundancies, enhancing data quality, and reducing data silos. Effective data centralization ensures that project information is stored, managed, and shared efficiently within a secure and accessible environment.

CIRAD, IRD (Institut de recherche pour le développement), Institut Pasteur and WOAH (World Organization for Animal Health) pooled the data produced during the EBO-SURSY Project, enabling them to have a global view on the data produced by each partner and identify which data could be used for their research questions. Such data centralization encourages cross-sector collaboration and knowledge sharing, fostering a One health approach for a better understanding of pathogen circulation.

Data centralization also enhances the transmission of the information from research to policymakers. Consolidating data from various sources and organizing them in a visual format can provide policymakers with a comprehensive view of the information available for their own country. Policymakers can leverage this collective knowledge to design evidence-based policies.

While the benefits of data centralization are significant, it is crucial to address concerns related to data privacy, security, and governance. Despite these challenges, implementing robust data protection measures, strict access controls, and clear governance frameworks builds trust among partners and stakeholders.

In conclusion, embracing data centralization through multi-partner databases offers immense potential for improved information utilization and sharing between partners, as well as effective collaboration with policymakers.

Keywords: database, policymaker, surveillance, partner, information

4.3.3 Communications sur l'importance du Laboratoire Central Vétérinaire dans la surveillance et le contrôle de la rage animale en République centrafricaine

Marie Noël Mbaïkoua¹, Étienne Nguertoum¹, Ernest Kalthan², Félicité Yagata², Emmanuel Nakoune³, Achille Mapouka⁴, Bernard Bamboû⁵, Justin Akakpo⁶, Sandra Garba³, Édith Sacko²

¹ Ministère de l'Élevage et la Santé Animale, Bangui, République centrafricaine

² Ministère de la santé et de la population, Bangui, République centrafricaine

³ Institut Pasteur de Bangui, Bangui, République centrafricaine

⁴ Ministère des Eaux et Forêts, Bangui, République centrafricaine

⁵ Ministère de l'Environnement, Bangui, République centrafricaine

⁶ École Inter-États des Sciences et Médecine Vétérinaire de Dakar, Dakar, Sénégal

ouaimon2001@yahoo.fr

La rage constitue une menace sanitaire en République centrafricaine (RCA). Malheureusement, elle est encore négligée, malgré le plan national d'élimination de la rage à l'horizon 2030 et l'existence d'un Laboratoire Central Vétérinaire (LACEVET), qui peut confirmer les cas de suspicion de la rage animale. Face à ce constat, une étude dont l'objectif général est de contribuer à améliorer la surveillance et le contrôle de la rage animale en RCA a été menée en 2022. La méthodologie a été fondée sur une revue documentaire et un sondage de 160 cadres multisectoriels via des échanges, des partages d'expériences ainsi que des réunions de travail.

L'étude a montré qu'en 2022, et seulement à Bangui, 1 367 chiens mordus et 1 386 personnes mordues ont été enregistrés. De plus, 8 cas de rage animale ont été confirmés par l'Institut Pasteur de Bangui avec 2 décès humains. En avril 2023, une fillette de 7 ans est décédée suite à la morsure d'un chien enragé à Paoua. Il ressort également du sondage que 90,62 % des cadres interrogés ont des connaissances sur l'importance du diagnostic de la rage au Laboratoire.

Sur la base des données du LACEVET, un dossier technique rage, incluant un registre national lié à une base de données Excel, une fiche individuelle de notification et une fiche individuelle de déclaration, a été élaboré et les messages clés de sensibilisation en langue nationale ont été identifiés. Un plaidoyer a été réalisé à Bangui le 11 janvier 2023 par la Direction générale des services vétérinaires, auprès des partenaires techniques et financiers pour appuyer les activités de prévention de la rage par la vaccination de masse des animaux de compagnie et par la sensibilisation de la population.

Une bonne communication envers les leaders communautaires et une implication des collectivités territoriales contribueraient à améliorer les activités de la surveillance et du contrôle de la rage animale en RCA.

Remerciements : projet REDISSE IV (Banque mondiale).

Mots clés : rage, surveillance, sensibilisation, communication

4.4 Au-delà des fièvres hémorragiques : la recherche au service de la prévention des zoonoses émergentes

4.4.1 Identification du réservoir mammifère le plus probable pour le virus Mpox à partir de comparaisons de niches écologiques

Manon Curaudeau^{1,2}, Camille Besombes³,

Julian C. Kerbis Peterhans⁴, Violaine Nicolas¹,

Laurent Granjon⁵, Terrence C. Demos⁴, Jonas Astrin⁶,

Steven M. Goodman⁴, Emmanuel Nakouné⁷,

Arnaud Fontanet^{3,8}, Antoine Gessain², Alexandre Hassanin¹

¹ Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB),

Sorbonne Université, MNHN, CNRS, EPHE, UA, Paris, France

² Unité Épidémiologie et Physiopathologie des Virus Oncogènes, Institut Pasteur, Université Paris Cité, CNRS UMR 3569, Paris, France

³ Unité d'Épidémiologie des Maladies Émergentes, Institut Pasteur, Université Paris Cité, Paris, France

⁴ Negaunee Integrative Research Center, Field Museum of Natural History, Chicago, IL, États-Unis

⁵ CBGP, IRD, CIRAD, INRAE, Institut Agro, Univ Montpellier, Montpellier, France

⁶ Leibniz Institute for the Analysis of Biodiversity Change, Museum Koenig, Bonn, Allemagne

⁷ Laboratoire des arbovirus, des fièvres hémorragiques virales, virus émergents et zoonoses, Institut Pasteur, Bangui, République centrafricaine

⁸ Conservatoire National des Arts et Métiers, Unité PACRI, Paris, France

manon.curaudeau1@mnhn.fr

Des contacts avec des animaux sauvages ont été avancés pour expliquer l'origine de certaines épidémies de Mpox en Afrique. Le virus Mpox (MPXV) ayant été détecté chez de nombreux mammifères, leur rôle en tant que réservoir ou hôte secondaire reste difficile à comprendre.

Une étude bibliographique nous a permis de lister les 14 genres de mammifères potentiellement impliqués dans le cycle du MPXV. Ensuite, nous avons choisi de reconstruire les niches écologiques des 213 espèces de ces genres en utilisant les données d'occurrence extraites des bases GBIF, IdigBio, VertNet et iNaturalist. Certaines espèces étant peu référencées, seules 99 niches écologiques ont pu être correctement inférées. Parallèlement, la niche écologique du MPXV a été

reconstruite à l'aide des données géoréférencées disponibles sur les séquences animales du MPXV et les cas index humains ; elle couvre les forêts de Haute- et Basse-Guinée et le Bassin du Congo. En comparant cette niche à celles des mammifères, nous avons classé les réservoirs possibles sur la base de deux indices de recouvrement. Ces indices, ainsi que l'étude des probabilités d'occurrence les plus élevées et les données publiées sur la détection du MPXV, permettent de conclure que les écureuils de l'espèce *Funisciurus anerythrus* constituent le réservoir le plus probable du MPXV.

Pour comprendre l'histoire évolutive de cette espèce, un séquençage *shot gun* a été réalisé à partir d'extraits d'ADN issus de 16 écureuils africains. Les phylogénies mitochondriale et nucléaire soutiennent une forte structure phylogéographique des populations de *Funisciurus anerythrus*, celles d'Afrique de l'Ouest étant divisées en trois groupes correspondant aux forêts de Haute-Guinée, au *Dahomey gap* et aux forêts de Basse-Guinée, l'ensemble étant séparé des populations du Bassin du Congo (Afrique centrale). Ces résultats rappellent ceux précédemment obtenus pour le MPXV, confirmant ainsi le rôle clé de *Funisciurus anerythrus* en tant qu'hôte réservoir.

Remerciements : Agence nationale de la recherche (ANR 2019 CE-35 – Afripox) et Fondation d'entreprise SCOR pour la science.

Mots clés : Monkeypox, réservoir animal, modèle de niches écologiques, forêts tropicales africaines, *Sciuridae*

4.4.2 Molecular characterization of Mpox viruses circulating in the Democratic Republic of the Congo (2018-2013)

Eddy Kinganda Lusamaki^{1,2,3}, Adrienne Amuri², Nicolas Fernandez Nuñez¹, Émile Malembi Kibungu⁴, Gradi Luakanda², Élisabeth Pukuta Simbu², Nicole Hoff⁵, Catherine Pratt⁶, Ruth Diavita⁷, Anne W. Rimoin⁵, Jean-Jacques Muyembe-Tamfum^{2,3}, Martine Peeters¹, Éric Delaporte¹, Placide Mbala-Kingebeni^{2,3}, Ahidjo Ayoub¹, Steve Ahuka-Mundek^{2,3}

¹ TransVIHMI, Université de Montpellier (UM), Institut français de la santé et de la recherche médicale (INSERM), Institut de recherche pour le développement (IRD), Montpellier, France

² Institut National de Recherche Biomédicale (INRB), Democratic Republic of the Congo

³ Service de Microbiologie, Département de Biologie Médicale, Cliniques Universitaires de Kinshasa (CUK), Université de Kinshasa (UNIKIN), Kinshasa, Democratic Republic of the Congo

⁴ Programme National de Lutte contre le Monkeypox et les Fièvres Hémorragiques Virales, Ministère de la Santé (PNLMPX-FHV), Kinshasa, Democratic Republic of the Congo

⁵ University of California, Los Angeles, USA

⁶ Biosurv international, London, United Kingdom

⁷ Institut de Médecine Tropicale, Anvers (IMT), Anvers, Belgique
eddylusamaki@gmail.com

Mpox is a viral zoonosis endemic in Africa, first isolated in a child in Democratic Republic of the Congo (DRC) in 1970. Based on pathogenicity, genetic, and geographic patterns, 2 major clades are documented: (1) Clade-I, also known as “Central-African”, and (2) Clade-II which has 2 lineages, IIa, also known as “West-African”, and Clade-IIb, descendant from Clade-IIa and responsible for the global Mpox outbreak in 2022. Extensive Mpox sequencing during 2022 allowed for the identification of multiple lineages for Clade-IIb, with only limited genomes available for Clade-I. DRC has continued to report an increasing number of Mpox cases with a wider geographic distribution across the country.

We sequenced the full-length genome for Mpox positive samples collected between 2018-2022 through national surveillance or during active case investigations in new health zones with no previous Mpox history. The samples originated from 39 health zones located in 15 provinces. The Illumina-platform using the Twist comprehensive or customized

pan-viral probes were used. A bioinformatic pipeline (GeVarLi) was used to clean, align, and assign Mpox viral lineages. Phylogenetic analysis was done to identify subgroups.

107 samples of crusts (n=50, 46.7%), vesicles (n=40, 37.4%), blood (n=15, 14.0%) and oral swabs (n=2, 1.9%) were sequenced. Median raw paired reads, mapped reads, and mean depth were respectively 78 4432, 25 7874 and 142. Seventy-six (69.7%) genomes, all Clade-I, had genome coverage >90%. Our Clade-I samples fell in subgroups-2 and 4, showing high diversity. Phylogeny highlighted geographic clusters in Tshopo, Equateur, and Bas-Uele Provinces, and co-circulation of subgroup-2 and 4 strains in Bas-Uele and Kwilu provinces. Subgroups 1, 3 and 5, previously reported in Sankuru, were not observed in this study. Mpox represents a global threat as the last global outbreak demonstrated and requires further monitoring. More in-depth phylogenetic analysis is needed to understand the evolution and diversity of Mpox viral lineages.

Keywords: Mpox, genetic characterization, Democratic Republic of the Congo

4.4.3 Use of multiplex serology in the identification of Mpox cases and during outbreak investigations in the Democratic Republic of the Congo (DRC)

Eddy Kinganda-Lusamaki^{1,2,3}, Lionel Baketana², Étienne Ndomba Mukanya², Julie Bouillin¹, Guillaume Thaurignac¹, Adrienne Amuri², Gradi Luakanda², Nicolas Fernandez Nuñez¹, Thierry Kalonji Mukendi⁴, Élisabeth Pukuta Simbu², Antoine Nkuba Ndaye^{1,2,3}, Emmanuel Lokilo Lofiko², Émile Malembi Kibungu⁴, Robert Shongo⁴, Ahidjo Ayoub¹, Placide Mbala Kingebeni^{2,3}, Jean-Jacques Muyembe-Tamfum^{2,3}, Éric Delaporte¹, Martine Peeters¹, Steve Ahuka-Mundek^{2,3}

¹ TransVIHMI, Université de Montpellier (UM), Institut français de la santé et de la recherche médicale (INSERM), Institut de recherche pour le développement (IRD), Montpellier, France

² Institut National de Recherche Biomédicale (INRB), Kinshasa, Democratic Republic of the Congo

³ Service de Microbiologie, Département de Biologie Médicale, Cliniques Universitaires de Kinshasa (CUK), Université de Kinshasa (UNIKIN), Kinshasa, Democratic Republic of the Congo

⁴ Programme National de Lutte contre le Monkeypox et les Fièvres Hémorragiques Virales, Ministère de la Santé (PNLMPX-FHV), Kinshasa, Democratic Republic of the Congo
eddylusamaki@gmail.com

Human Mpox cases are increasingly reported in Africa with the highest burden in the Democratic Republic of the Congo (DRC). While case reporting on a clinical basis can overestimate infection rates, laboratory confirmation by PCR (polymerase chain reaction) can underestimate it, especially when using suboptimal samples like blood, which are commonly used for confirmation because remote health care centers are often not equipped to safely collect crust or swab samples. Here we used a Luminex™-based assay to evaluate to what extent antibody testing can be complementary to confirm Mpox cases and to identify human transmission chains of Mpox during epidemiologic investigations during outbreaks. We used residual blood samples from 463 patients, collected during 174 outbreaks occurring in 129 health zones, between 2013 and 2022, from whom Mpox/varicella-zoster-virus (VZV) PCR results were available. In total, 157 (33.9%) samples from 72 health zones were orthopox-PCR positive and classified as Mpox+ while 306 (66.1%) were negative; 124 (26.8%) had antibodies to at least one of the 3 Mpox peptides. The proportion of antibody positive samples was significantly higher in Mpox+ (36.9%) samples than in negative (21.6%) (p<0.001). By combining PCR and serology, 66 additional patients were identified bringing the total Mpox infection rate to 48.2%

(223/463) versus 33.9% when only PCR positivity was considered, and 24 additional outbreaks from 14 health zones were confirmed rising from 50% (87/174) to 63.8% (111/174).

Our study clearly shows that the extent of Mpox infections is not well defined in DRC and likely in other African countries as well. Mpox cases which alert the health system may be secondary cases and therefore some Mpox alerts from the same areas over several months could represent human transmission chains which are larger than initially expected. There is thus an urgent need for rapid and point of care tests that can be used in remote areas to rapidly diagnose Mpox cases.

Keywords: Mpox, multiplex serology, Democratic Republic of the Congo

4.4.4 Influenza surveillance in animals: epidemiology and strategy of control

Fatou Tall¹

¹Institut Sénégalais de Recherches Agricoles (ISRA), Laboratoire National d'Élevage et de Recherches Vétérinaires (LNERV), Dakar-Hann, Senegal
ftall2503@gmail.com

Re-emergence of H5N1 strain of highly pathogenic avian influenza (HPAI) in 2014 in West and Central Africa as well as the recent circulation of the H5N8 strain in Nigeria and Cameroon have increased the risk of a spread to Senegal. Since 2006, the Veterinary Services of Senegal in collaboration with the National laboratory of Livestock and Veterinary Research (LNERV) is monitoring the HPAI H5N1 virus through active surveillance and other serotypes through passive surveillance in ornithological sites, sentinel villages and poultry markets.

In January 2017, the first case of low pathogenic avian influenza H9N2 was confirmed by the LNERV. Between 2017 and 2020, 68 positive H9N2 cases were detected. In 2020, Senegal encountered its first H5N1 outbreak in a poultry farm in the Thies region, and in pelicans in the Djoudj National Park (NP). This was a new transcontinental spread of HPAI virus through the migration of birds from Europe to Africa. Following this event, the Veterinary Services of Senegal, using a multidisciplinary approach, set up a risk-based surveillance strategy focused on the risk of the disease at poultry farms and markets and in NPs. Early 2022, outbreaks of HPAI were confirmed in 11,563 pelicans causing 816 deaths in the Djoudj NP. In March 2023, cases of H5N1 in migratory birds in Lac Rose (334 mortalities) and in Yoff (134 mortalities), both in the Dakar region, were confirmed. The same year, the virus spread over time inside the country with outbreaks in wild birds in the *Langue de Barbarie* ornithological NP, in the *Delta du Saloum* NP and in other regions like Ziguinchor and Fatick, while cases were detected in poultry in the Louga region.

The surveillance of HPAI shows that the periods of outbreaks always coincide with the arrival of migratory birds during the European winter and that there is a co-circulation of H5N1 and H9N2 serotypes in Senegal. This situation requires an effective and relevant approach for

monitoring both poultry and wildlife to improve the prevention and control of HPAI.

Keywords: influenza, surveillance, re-emergence

4.4.5 Une analyse de la rage en Guinée depuis la notification et la prise en charge des mordus jusqu'à la disponibilité des traitements

Noël Tordo¹, Solène Grayo¹, Noumouké Kanté², Valérie Le Bouteiller¹, Ramadan Diallo³, Youssouf Sidimé², Cécile Troupin¹

¹ Institut Pasteur de Guinée, Conakry, Guinée

² Institut Supérieur des Sciences et de Médecine Vétérinaire (ISSMV), Dalaba, Guinée

³ Laboratoire Central Vétérinaire de Diagnostic, Conakry, Guinée
ntordo@pasteur.fr

Le virus de la rage est responsable d'environ 60 000 morts par an, dont 50 % en Afrique et 99 % suite à une morsure de chien infecté. Plus de 55 % des victimes sont des enfants de moins de 15 ans. La vaccination est efficace à titre préventif ou thérapeutique, lorsqu'elle est pratiquée rapidement après l'exposition. Avec l'aide de 9 étudiants vétérinaires de l'Institut supérieur des sciences et de médecine vétérinaire de Dalaba, nous avons collecté les données disponibles dans les 33 préfectures de Guinée entre 2008 et 2017 aux niveaux humain et vétérinaire (prise en charge des patients exposés, disponibilité des traitements antirabiques, notification, etc.). Une faiblesse patente a été notée dans la notification des morsures de chien et des cas cliniques humains, entraînant des statistiques peu fiables au niveau du pays. De plus, on constate une grande hétérogénéité dans la prise en charge médicale des patients exposés, et le traitement post-exposition recommandé par l'Organisation mondiale de la santé (OMS) n'est souvent pas respecté.

Cette évaluation nationale a permis une prise en compte et un début de correction des difficultés : le nombre de morsures de chiens est désormais rapporté (environ 3 000 par an), ce qui a bénéficié aussi au rapportage des morsures de serpents ; le diagnostic biologique des chiens mordeurs s'améliore ; un meilleur suivi/notification de la vaccination est effectué et davantage de vaccins sont disponibles. Si cette amélioration permet d'être optimiste sur la prise en compte de la rage, il existe encore une énorme disparité entre les données communiquées par les préfectures/régions, et notamment le nombre de décès humains signalés reste anormalement bas. La correction de ces défaillances est une priorité absolue au moment où la communauté mondiale fait corps autour du slogan « plus de rage humaine d'origine canine en 2030 » avec le soutien de l'OMS, de l'Organisation mondiale de la santé animale (OMSA), de l'Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), de l'Union européenne et de la GARC (Global Alliance for Rabies Control).

Remerciements : aux 9 étudiants de l'Institut supérieur des sciences et de médecine vétérinaire (ISSMV) de Dalaba ayant collecté les informations disponibles dans la région de Guinée sous leur responsabilité comme sujet de thèse vétérinaire.

Mots clés : rage, reporting, chien, morsures, vaccin, Guinée

Posters

Poster 1

Risk mapping of Ebola virus spillover using a knowledge-based approach

Larisa Lee-Cruz^{1,2,3,4}, Maxime Lenormand⁵, Julien Cappelle^{2,3}, Alexandre Caron^{2,3,6}, Hélène De Nys^{2,3,7}, Mathieu Bourgarel^{2,3,7}, François Roger^{2,3}, Annelise Tran^{1,2,3}

¹ CIRAD, UMR TETIS, Montpellier, France

² CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier, France

³ ASTRE, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

⁴ University of Montpellier, Montpellier, France

⁵ INRAE, UMR TETIS, Montpellier, France

⁶ Faculdade Veterinaria, Universidade Eduardo Mondlane, Maputo, Mozambique

⁷ CIRAD, UMR ASTRE, Harare, Zimbabwe

lleecruz@gmail.com

Ebola virus disease outbreaks have become more common in the last 20 years, with the largest outbreak to date taking place in West Africa between 2013 and 2016. Risk mapping is a useful tool that can support surveillance of virus transmission and help to prevent future Ebola outbreaks. However, for Ebola virus (EBOV) transmission, risk mapping is challenging due to incomplete knowledge of the transmission dynamics, the multiplicity of factors involved and the lack of epidemiological data. In this study we identified areas suitable for EBOV spillover to humans in regions in Guinea, Gabon and Republic of the Congo using the spatial multicriteria evaluation (GIS-MCE), a method that has proved useful in mapping disease emergence when not enough epidemiological data exists. Based on a literature review, we identified and classified four types of risk factors: environmental, climatic, anthropogenic and the distribution of potential hosts. We combined geographical data layers representing each of the risk factors identified to produce risk maps for each of the three regions. The maps showed high spatial and temporal variation in the risk of EBOV spillover, with reported spillover events falling in areas of moderate to high suitability. A sensitivity analysis showed that the risk maps produced were robust, and that the relevance of the risk factors may differ between West and Central Africa. The GIS-MCE is a simple method that can be improved as more data and knowledge on the virus transmission and factors associated become available.

Keywords: risk mapping, GIS-MCE, Ebola virus spillover

Poster 2

Design and implementation of a secure open-source digital platform for animal health surveillance: the case of the Cameroon Animal Health Information System (CAHIS)

Jean-Marc Kameni Feussom^{1,2}, Serge Tchinda Kenlefack³, Bourdanne Bourdanne⁴, Éléonore Magloire Kombou Tchamba¹, Hervé Gael Nkondje Ndalle¹, Donatien Adalbert Zanga¹, Marcel Casimir Kounou Ndongo¹, Gonné Garga¹

¹ Ministry of Livestock, Fisheries and Animal Industries (MINEPIA), Yaoundé, Cameroon

² Epidemiology and Veterinary Public Health Association, Yaoundé, Cameroon

³ TopNet Solutions, Yaoundé, Cameroon

⁴ Livestock Development Project (LDP), Ministry of Livestock, Fisheries and Animal Industries (MINEPIA), Cameroon
mfeussom@gmail.com

The epizootics of avian influenza, Mpox, Anthrax, the emergence of outbreaks of emerging and re-emerging zoonoses and Cameroon's commitment to the eradication of PPR (*peste des petits ruminants*) have shown the need to improve the early country's detection and data collection system. The use of real-time surveillance systems and web applications for field data reporting has become essential.

The objective is to describe the architecture, implementation, and requirements of Cameroon Animal Health Information System (CAHIS), a software platform for managing the recording of surveillance data, animal samples, and notification data flow, as well as for reporting and authenticating the quality of data and actors on the veterinary sanitary pyramid. Building on its experience in animal health surveillance, including zoonotic diseases, the Ministry of Livestock through its Epidemiological Network for Animal Diseases (RESCAM) has developed an open source, real-time digital health database (CAHIS) to improve efficiency in the surveillance and control of animal health events.

CAHIS is a web and mobile application developed with three layers of architecture: a user interface, a logic layer and a data layer. The user layer is implemented using HTML5, CSS3, JQUERY bootstrap and JavaScript, with API calls. The logic layer is made up of microservices featuring different languages. It works with PHP and JAVA services. The data layer encapsulates the MySQL database by default and can be integrated with PostgreSQL. The CAHIS mobile application runs on Android and is developed natively with Kotlin. All IT tools used to develop CAHIS are free of charge.

After testing the application, taking into account the interoperability with systems under the One Health approach, a total of 200 RESCAM managers have been trained to use the system. Operationalization is underway with the pilot production of automated weekly animal health surveillance bulletins.

Keywords: animal disease outbreaks, animal health, early detection, modelling, network analysis, surveillance system, RESCAM, CAHIS, Cameroon

Poster 3

Spread of highly pathogenic avian influenza virus in Cameroon: role of the Mfoundi Division's live poultry markets

Jean-Marc Kameni Feussom^{1,2,4}, Serge Dimitri Ndongo Njiki³, Arouna Njayou Ngapagna³, Éléonore Magloire Tchamba Kombou¹, Wilfried Délé Oyetola⁴, Justin Akakpo Ayayi⁴, Rianatou Bada Alambédji⁴

¹ Ministry of Livestock, Fisheries and Animal Industries, Yaoundé, Cameroon

² Epidemiology and Veterinary Public Health Association, Yaoundé, Cameroon

³ Université de Montagnes, Bangangté, Cameroon

⁴ Inter-State School of Veterinary Science and Medicine of Dakar, Senegal

mfeussom@gmail.com

The outbreaks of the avian influenza virus H5N1 in May 2016 and H5N8 in 2017 have caused economic losses both for poultry farms and operators in live poultry markets (LPM; traders, slaughterers, transporters) in Cameroon. The objective of our cross-sectional descriptive study conducted from January to June 2018 was to determine the role of live poultry markets in the spread of avian influenza virus in the Mfoundi division. To achieve this goal, we mapped the LPM of this division, described the movement of poultry into and out of the division and assessed the biosecurity level of these markets. During this study, we worked on 13 live poultry markets.

The results show that LPM are often located close to each other and close to residential areas. However, the poultry found on these markets came from farms located in the outskirts of Mfoundi (27.27%) and from the western regions (3.64%). These poultry then leave the Mvog-Ada market located in the Mfoundi division to go to the South (30%), the Littoral

(30%) and the Centre (40%) regions. We noted that 22.73% of traders were poultry farmers, only 13.64% had received biosecurity training and 1.82% returned with unsold poultry to the farms. Among the slaughterers, 87.23% had not received biosecurity training, 12.77% did not renew scalding water and 100% threw feathers into the garbage bins without prior treatment. Sixty percent (60%) of the transporters attended several farms a day, 22.22% took no precautions when moving from one farm to another, 90% identified sick birds but 45% sold them at reduced prices without having reported them to market or veterinary authorities. We can conclude by stressing that particular emphasis must be placed on biosecurity practices to reduce the risk of pathogen spread as markets are the meeting point for various poultry species and pathogen reservoirs.

Keywords: H5N1, influenza, market, Mfoundi, propagation, Cameroon

Poster 4

Risk factors associated with the spatial distribution of priority zoonoses in animal health in Cameroon from 2012 to 2021

Alvine Aurelle Foudjin Amawota^{1,2,3}, Jean-Marc Kameni

Feussom^{1,2,4}, Mohamed Mactar Mouliom Mouiche³,

Abdoulmoumini Mamoudou³, Wilfried Délé Oyetola⁴,

Justin Ayayi Akakpo⁴, Rianatou Bada Alambédji⁴

¹ Ministry of Livestock, Fisheries and Animal Industries, Yaoundé, Cameroon

² Epidemiology and Veterinary Public Health Association, Yaoundé, Cameroon

³ School of Science and Veterinary Medicine, University of Ngaoundéré, Cameroon

⁴ Inter-State School of Veterinary Science and Medicine of Dakar, Senegal

aamawota@yahoo.com

Geographic information systems and risk mapping are important tools to produce spatial predictive maps to better understand the ecological, epidemiological and environmental factors that affect the transmission of infectious diseases. The objective of this study was to contribute to a better understanding of the risk factors associated with the spatial distribution of areas conducive to the transmission of priority zoonotic diseases in animal health in Cameroon from 2012 to 2021. Ecological niche modeling using *MaxEnt* was used to determine the risk factors most associated with the spatial distribution of highly pathogenic avian influenza, anthrax, rabies and bovine tuberculosis. It was found that the model used is excellent with a mean value of the area under the curve (AUC) equal to 0.903.

The accessibility variable is very important, with a contribution of 85.4% for avian influenza, 67.9% for anthrax, 73.9% for bovine tuberculosis and 80.2% for rabies. The specific variables that had the most impact on zoonotic disease were: solar radiation (11.7%), chicken density (0.9%) and precipitation in the coldest quarter of the year (0.8%) for avian flu; nice wind breeze (Wind04) (14.8%), precipitation in the coldest quarter of the year (13.4%), good wind breeze (Wind05), and precipitation in the driest month (0.1%) for anthrax; average temperature of the coldest quarter (9.1%), sheep density (6.5%), annual precipitation (4.8%), precipitation of the driest month (2.3%) and precipitation of the wettest month (0.9%) for bovine tuberculosis; annual temperature variation (2.8%), temperature seasonality (2.4%), precipitation of the coldest quarter (1.9%), and average diurnal variation (1.1%) for rabies. The Far North, North, North-West, West and Centre regions are the areas at greatest risk of priority zoonotic diseases emergence in Cameroon. This study provided the basis for predicting the highest risk areas for the zoonotic diseases studied, and for enabling policy-informed decision making to strengthen surveillance.

Keywords: zoonoses, ecological niche, *MaxEnt*, area under the curve (AUC), Cameroon

Poster 5

Dynamics of antibodies to Ebola viruses in an *Eidolon helvum* bat colony in Cameroon

Dowbiss Meta Djoms¹, Flaubert Mba Djonzo¹,

Innocent Ndong Bass¹, Maëli Champagne², Audrey Lacroix²,

Guillaume Thaurignac², Amandine Esteban², Helene De Nys^{3,5,6},

Mathieu Bourgarel^{3,5,6}, Jane-Francis Akoachere⁴,

Éric Delaporte², Ahidjo Ayoub², Julien Cappelle^{5,6},

Eitel Mpoudi Ngole^{1,†}, Martine Peeters²

¹ Laboratoire de Virologie, CREMER, Institut de Recherches

Médicales et d'Études des Plantes Médicinales (IMPM), Yaoundé, Cameroon

² TransVIHMI, Université de Montpellier, Institut de Recherche pour le Développement (IRD), INSERM, Montpellier, France

³ ASTRE, CIRAD, Harare, Zimbabwe

⁴ Université de Buéa, Buéa, Cameroon

⁵ CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier, France

⁶ ASTRE, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Montpellier, France

[†] Deceased on 27 September 2021

medjodow@yahoo.fr

The ecology of Ebola viruses is still poorly understood and the role of bats in outbreaks needs to be further clarified. Straw-coloured fruit bats (*Eidolon helvum*) are the most common fruit bats in Africa. They roost in many forest and savanna zones but also in urban areas close to human settlements. No Ebola virus RNA has been detected yet, but several studies reported antibodies to Ebola viruses in *Eidolon helvum* bats. In this study, we monitored a colony of *Eidolon helvum* bats in Yaoundé, the capital city of Cameroon, for antibodies to Ebola viruses and viral shedding over a year.

Between December 2018 and November 2019, 11 field missions were conducted to capture *Eidolon helvum* bats, from a bat colony estimated to be of around 100,000 individuals by manual counting at each mission. Dried blood spots (DBS), rectal and oral swabs were obtained from 820 bats. DBS were tested for antibodies to Zaire, Sudan, Bundibugyo, and Reston Ebola viruses by multiplex serology (Luminex™ technology). We used a range to express the number and percentages of reactive samples according to different cutoff calculations (stringent and less stringent).

The proportion of samples reactive with glycoprotein increased significantly with age from 0–9/220 (0–4.1%) in juveniles to 26–158/225 (11.6–70.2%) in immature adults then decreased in adult bats (2.7–60.5%). Antibody responses were lower in lactating females. Viral RNA was not detected in swab samples collected from 152 juveniles and 214 immature adult bats.

Overall, our study shows that antibody levels increase in young bats suggesting that seroconversion to Ebola or related viruses occurs in older juvenile and immature adult bats. Multiple year monitoring would be needed to confirm this trend. Knowledge of the periods of the year with the highest risk of Ebola virus circulation can guide the implementation of strategies to mitigate spill over events.

Keywords: Ebola, Africa, bat, *Eidolon helvum*, Cameroon, virus, antibody

Poster 6

Characterisation of the immune modulatory effect of wild type Rift Valley fever virus (RVFV) strains

Modou Moustapha Lo^{1,2}

¹ Institut Sénégalais de Recherches Agricoles (ISRA), Dakar, Senegal

² Laboratoire National de l'Élevage et de Recherches Vétérinaires (LNERV), Dakar, Senegal
moustaphlo@yahoo.fr

It has been shown that the RVFV protein NSs, a non-structural protein, has an inhibitory effect on interferon response of innate immune system by blocking interferon beta (IFN- β) promoter. This study looked at the natural variability of NSs activity immune modulatory effects of 26 wild type RVFV strains isolated throughout Africa characterized using molecular biological tools. The diversity of these strains was assessed by sequencing the NSs genes and by looking at their polymerization activity in the nucleus of Vero E6 cells. It was revealed that RVFV NSs-R7 contains an additional mutation at position 344 (T to C), which leads to the replacement of leucine by proline. This mutation seems to have a strong effect on NSs function since NSs-R7 no longer inhibits activation of the IFN- β promoter and does not show filamentous structure formation in the nucleus of infected cells. The mutation of NSs-R10, which occurs at nucleotide position 320, leads to a loss of filament formation but not loss of inhibition

of IFN- β . The critical region between nucleotides 320 and 344 should be investigated as putative interaction domain with TFIID subunits, especially p44. The results also merit investigating the eligibility of strain R7 as a vaccine candidate. High amounts of the pro-inflammatory cytokine interleukin 6 (IL-6) combined with complete lack of type I IFN responses in pDCs and mDCs might be responsible for severe outcome of RVFV wt infections. The combination of downregulation of MHCI and IFN- β indicate that RVFV may use dendritic cells for systemic dissemination. Further investigations are being carried out regarding interaction of dendritic cells with T-helper cells and cytotoxic T cells and their role in the putative dissemination of RVFV.

Keywords: *immune modulation, interferon, NSs mutations, wild type Rift Valley fever*