

Émergence/réémergence d'agents infectieux et risques épidémiques dans les forêts d'Afrique centrale

Coordonnateur : Mathieu Bourgarel¹

Auteurs : Alexandre Caron¹, Ferran Jori¹, Hélène de Nys¹, Ilka Herbinger², Florian Liégeois³, Augustin Mouinga-Ondémé⁴, Sandra Ratiarison⁵



¹CIRAD, ²WWF, ³IRD, ⁴CIRMF, ⁵FAO

Introduction

Les années 2020-2021 resteront marquées par la crise de la COVID-19. Cette pandémie fut déclenchée par un coronavirus, le SARS-CoV-2, qui a sauté la barrière d'espèces entre une espèce sauvage (aujourd'hui encore inconnue) et l'être humain, quelque part en Chine en 2019 (Andersen et al. 2020). Au-delà du nombre de morts causés directement par la COVID-19, cette crise aura un impact sur nos sociétés sur le long terme. Cette pandémie n'est pas la première de ce type de l'époque moderne. L'épidémie de la maladie à virus Ebola de 2014-2016 en Afrique de l'Ouest (et sa résurgence en 2021), a également constitué un signal d'alarme majeur de la menace que représente le passage d'un agent pathogène de la faune sauvage aux populations humaines (Heymann et al. 2015). La liste des agents pathogènes émergents d'origine animale qui ont menacé de, ou réussi à, atteindre des niveaux épidémiques ou pandémiques après une transmission interespèces, est déjà longue (par exemple le VIH, le SARS-CoV-1, le MERS-CoV, le virus Nipah, la fièvre de la vallée du Rift). Aujourd'hui, les maladies infectieuses émergentes (MIE), définies ici comme des « agents pathogènes qui augmentent rapidement leur expansion géographique, leur gamme d'hôtes ou leur prévalence » (Daszak, Cunningham, and Hyatt 2000 ; Tompkins et al. 2015), représentent un des principaux risques pour la santé humaine et les sociétés. En effet, ces MIE sont en augmentation depuis quelques décennies (Binder et al. 1999 ; Woolhouse and Gowtage-Sequeria 2005). Plus de 60 % des MIE connues sont dues à un agent pathogène d'origine animale (Morens, Folkers, and Fauci 2004 ; Jones et al. 2008), et on estime que 75 % de ces maladies infectieuses qui ont émergé au cours des trois ou quatre dernières décennies proviennent de la faune sauvage (Woolhouse 2002 ; Wolfe, Dunavan, and Diamond 2007).

Ces zoonoses sont des maladies qui reposent sur une transmission des animaux aux êtres humains déclenchée par des interactions complexes entre ces derniers, les animaux domestiques et la faune sauvage (Cleaveland, Laurenson, and Taylor 2001 ; Karesh et al. 2012). La compréhension des mécanismes et facteurs qui conduisent à ces transmissions interspécies est indispensable à la conception et à la mise en œuvre de systèmes de surveillance et de contrôle de ces MIE. Jones et al. (2008) ont tenté d'identifier les facteurs à l'origine de ces maladies. La densité humaine associée à des changements anthropiques et démographiques est l'un des principaux moteurs des MIE. La richesse des espèces sauvages hôtes est également un facteur important à considérer. Leur modèle prédictif indique que les pays en développement situés à des latitudes basses sont les plus exposés aux MIE provenant de la faune sauvage ou transmises par des vecteurs. En 2017, Allen et al. (2017) ont développé un modèle affinant celui de Jones et al. (2008) pour les MIE issues de la faune sauvage. Ce nouveau modèle suggère que le risque d'émergence est plus élevé dans les régions forestières tropicales à forte biodiversité de mammifères et soumises à des changements d'utilisation des terres liées à l'empiètement des populations humaines et aux activités agricoles.

Ces études à l'échelle mondiale désignent donc les forêts tropicales africaines comme un point chaud (« hotspot ») d'émergence de ces MIE. Dans ce chapitre, nous allons détailler les mécanismes d'émergence connues des agents pathogènes à l'origine des MIE aux interfaces humains/animaux sauvages en milieu forestier avec i) une synthèse des connaissances sur les relations biodiversité-santé dans le contexte des forêts d'Afrique centrale et les facteurs mondiaux favorisant les émergences de MIE ; ii) une attention particulière sur l'interface humain/animal comme lieu d'émergence ; iii) une présentation des grandes MIE virales récentes dans ces systèmes ; iv) une analyse des forces et des faiblesses des systèmes de surveillance de ces MIE en Afrique centrale ; et enfin v) une réflexion sur les risques relatifs aux MIE dans le contexte de changements mondiaux et de la pandémie COVID-19.

10.1 Biodiversité d'Afrique centrale, facteurs et mécanismes d'émergence d'agents infectieux

10.1.1 Biodiversité et maladies émergentes

De tous les écosystèmes terrestres, les forêts tropicales regroupent les plus grandes richesses d'espèces. Elles centralisent à elles seules près de 50 % de la biodiversité de la planète (Mayer, Tesh, and Vasilakis 2017 ; Wilson 1988). Cela inclut les animaux sauvages (plus de 1 200 espèces de poissons, 400 espèces de mammifères et 1 000 espèces d'oiseaux, un nombre encore inconnu d'insectes) et la flore avec environ 10 000 espèces végétales vasculaires (Harrison, Brummett, and Stiassny 2016). Toutes ces espèces animales et végétales sont potentiellement des hôtes réservoirs, des hôtes intermédiaires et des vecteurs pour un très grand nombre de bactéries, parasites et virus connus ou encore inconnus. La richesse en micro-organismes pathogènes augmente le long d'un gradient latitudinal en direction de l'équateur (Guernier et al. 2004). Les forêts d'Afrique centrale, de par cette biodiversité, sont donc des sources importantes de nouveaux agents infectieux par rapport à d'autres types d'habitats.

Actuellement, le bassin du Congo, même s'il reste relativement bien préservé par rapport à d'autres écosystèmes africains, subit une transformation liée aux activités humaines. Celles-ci détruisent ou

transforment des habitats forestiers et impactent la biodiversité (Harrison, Brummett, and Stiasny 2016). D'un point de vue théorique, cette perte de biodiversité peut se répercuter positivement ou négativement sur les risques d'émergence et de transmission des MIE (Keesing et al. 2010). Cette relation entre perte de biodiversité et MIE est complexe. La disparition d'espèces impacte directement la structure du réseau biotique interspécifique et le fonctionnement des écosystèmes (Cardinale et al. 2012). Cela modifie les réseaux trophiques et par conséquent tous les mécanismes de transmission interspécifiques des agents infectieux (Morris et al. 2016 ; Rulli et al. 2017).

L'effet de dilution est souvent avancé pour expliquer l'effet de la perte de biodiversité sur l'augmentation des MIE (Wood et al. 2014). Il est basé sur le fait que les individus hôtes d'une communauté caractérisée par une forte biodiversité ont un risque moindre d'être contaminés par un agent pathogène donné, simplement par la probabilité plus faible de rencontre entre l'agent pathogène et l'individu (Wood et al. 2014). Mais l'effet de dilution, qui a été observé sur de petites échelles spatiales pour certaines maladies, est remis en question à des échelles d'étude différentes (Randolph and Dobson 2012 ; Wood et al. 2014 ; Halliday and Rohr 2019). En effet, les espèces hôtes représentent les habitats et les ressources des agents pathogènes et si ces derniers sont hôtes-dépendants, alors en cas de perte de cet hôte principal, ces pathogènes disparaîtront en même temps que leurs espèces hôtes (Wood et al. 2014). A contrario, en cas de perte de biodiversité qui épargnerait des espèces réservoirs ou hôtes intermédiaires efficaces, un effet amplificateur peut augmenter le risque de transmission d'un agent pathogène porté par ces espèces hôtes ou réservoirs (Pongsiri et al. 2009). Les conséquences d'une perte de biodiversité seront donc différentes sur les risques de transmission de maladies selon l'agent pathogène, ses hôtes et les milieux considérés. Les agents pathogènes, comme toutes les autres espèces animales, subissent les changements (anthropiques ou non) avec des capacités d'adaptation intrinsèques différentes qui les feront sortir « perdants » ou « gagnants ».

Souvent, les modifications d'habitat sélectionnent des espèces dites généralistes, plus à même d'héberger des agents pathogènes et défavorisent des espèces plus spécialisées. Ainsi, les densités de grands mammifères sont souvent impactées en premier en cas de perte de biodiversité alors que la densité des micromammifères qui sont des porteurs privilégiés d'agents pathogènes a tendance à augmenter (Young et al. 2014). Certaines MIE peuvent également représenter des risques majeurs pour la biodiversité et en particulier pour la conservation des espèces emblématiques du bassin du Congo. Par exemple, une épidémie de maladie à virus Ebola a fortement réduit les populations de grands singes dans certaines zones du bassin du Congo pendant les années 2000, détruisant en quelques mois des années de travail et des investissements massifs pour la protection des chimpanzés (*Pan spp.*) et des gorilles (*Gorilla spp.*) (Walsh 2003 ; Bermejo et al. 2006).

10.1.2 Facteurs d'émergence

L'émergence d'une maladie infectieuse d'origine zoonotique qui se traduit généralement par une épidémie dans la population d'hôtes sensibles est due à un concours de facteurs intrinsèques et extrinsèques (Daszak, Cunningham, and Hyatt 2000 ; Morens, Folkers, and Fauci 2004 ; Woolhouse and Gowtage-Sequeria 2005). Tout d'abord, certains facteurs sont liés aux caractéristiques mêmes de l'agent pathogène, aux hôtes réservoirs et/ou intermédiaires et aux vecteurs (le cas échéant). D'autres facteurs sont rattachés à l'environnement (climat) plus ou moins favorable à la circulation de l'agent infectieux. Les facteurs territoriaux sont le produit de l'activité humaine et des comportements à risque des populations humaines (Ludwig et al. 2003). Cela peut être par exemple un système de surveillance des maladies inexistant ou peu performant, un programme inefficace de

contrôle des vecteurs ou autres espèces porteuses de la maladie ou un système d'approvisionnement en eau défaillant. À cela s'ajoutent les changements environnementaux induits par l'être humain : la déforestation, les pratiques agricoles, la perte de biodiversité et les exploitations forestières et minières. Et enfin, toutes les activités humaines qui augmentent les contacts entre les personnes et la faune sauvage ou facilitent la circulation des agents infectieux en dehors de leurs habitats naturels (la chasse, la consommation et le commerce de la viande de brousse, les transports et le tourisme).

10.1.3 Mécanismes d'émergence

Le mécanisme d'émergence d'une maladie zoonotique nécessite plusieurs étapes : l'invasion, l'établissement et la persistance d'un agent infectieux dans de nouvelles populations hôtes (Anderson and May 1986). Tout d'abord quand il y a contact entre un animal réservoir et un humain, il faut que l'agent pathogène soit transmis avec succès et qu'il puisse se multiplier, puis être transmis d'humain à humain et qu'enfin l'épidémie passe d'une échelle locale à une échelle nationale ou internationale.

Pour qu'il y ait passage infectieux interespèces (« spillover »), un certain nombre de barrières naturelles doivent être franchies. Ces dernières sont variables dans le temps et l'espace. En fait, la probabilité de transmission d'un agent infectieux de son réservoir à l'être humain dépend (1) de la distribution et de la densité de l'espèce réservoir : plus l'espèce réservoir est présente dans l'habitat utilisé par l'humain, plus la probabilité de rencontre et de contact entre les deux augmente ; (2) de la dynamique du pathogène dans l'hôte réservoir : plus la prévalence dans l'espèce réservoir est importante, plus le contact entre l'humain et l'animal sera à risque ; (3) de l'exposition de l'humain à cet agent pathogène : si l'animal est infecté, l'intensité de l'infection va déterminer la probabilité de la transmission; les principales voies de transmission de l'agent infectieux et les comportements de l'humain et/ou du vecteur (si impliqué dans le mécanisme de transmission) sont déterminants : cela peut être par le dépeçage d'animaux chassés, ou par des piqûres répétées d'un insecte vecteur. Plus l'humain ou le vecteur seront en contact avec les fluides corporels ou organes dans lesquels les agents infectieux sont concentrés, plus les risques de transmission seront importants ; et (4) des facteurs internes de la personne en contact qui vont déterminer sa sensibilité à l'infection, tels que les caractéristiques génétiques, physiologiques et immunologiques (Plowright et al. 2017). Si ces caractéristiques permettent la multiplication de l'agent infectieux chez le cas contact, ce dernier peut alors devenir le cas index de l'épidémie et contaminer d'autres personnes, comme pour l'épidémie de la maladie à virus Ebola (MVE) de Luebo en RDC de 2007 (Leroy et al. 2009b).

Toutes ces étapes représentent des barrières multiples à la transmission de l'agent infectieux d'un hôte réservoir à un hôte receveur (Plowright et al. 2017). Pour qu'il y ait émergence de maladie, il faut que toutes ces barrières soient franchies successivement au bon moment et au bon endroit. Cet « alignement de brèches » est finalement très rare pour des virus comme les filovirus (Ebola, Marburg) ou les coronavirus (SARS-COV, SARS-CoV-2, MERS-CoV), mais presque permanent pour d'autres maladies zoonotiques comme la trypanosomiase pour laquelle l'incidence en Afrique est élevée grâce à une exposition presque permanente à des animaux infectés et aux vecteurs (les mouches tsé-tsé) et à une faible résistance chez l'humain (Simarro et al. 2012). Cette chaîne d'événements à faible probabilité suggère que les émergences observées ne représentent qu'une petite partie des événements de passages infectieux interespèces dont la plupart n'aboutissent pas au maintien de l'agent infectieux dans la population humaine (Wolfe et al. 2005a).

10.2 Risques sanitaires à l'interface humain/animal en Afrique centrale

Plus de la moitié des nouvelles maladies infectieuses apparues entre 1996 et 2009 sont survenues en Afrique (Wood et al. 2012). Les transmissions interespèces de ces MIE dans des populations humaines conséquentes sont favorisées par les activités anthropiques et les processus de mondialisation, d'urbanisation, de mouvements des biens et des personnes et de changement climatique. Les facteurs favorisant ces transmissions infectieuses sont variés : l'utilisation des terres, leur transformation et la fragmentation des habitats naturels et la perte de biodiversité associée ; mais aussi les pratiques de chasse, agricoles et coutumières (Wood et al. 2012 ; Lloyd-Smith et al. 2009 ; Morse et al. 2012).

10.2.1 Changement climatique, déforestation et fragmentation des forêts

Le changement climatique va avoir des effets à de multiples niveaux sur les écosystèmes et leurs habitants (humains et non-humains) sans épargner les agents pathogènes (Chidumayo et al. 2011). Cependant, les conséquences du changement climatique sur les dynamiques infectieuses interespèces sont difficiles à prévoir. Il peut modifier les dynamiques des maladies causées par des agents pathogènes qui passent une partie de leur cycle de vie en dehors de leurs hôtes et qui sont donc exposés aux effets des variations de l'environnement. Cela concerne les agents pathogènes transmis par des vecteurs (insectes et tiques), par l'eau ou par les aliments (Baylis 2017). Les conditions climatiques modifient aussi les dynamiques de populations des hôtes et des vecteurs, et donc indirectement celles des agents pathogènes (McMichael and Lindgren 2011). En Afrique, plusieurs exemples d'émergences ou de réémergences associées au changement climatique ont été décrits : la fièvre de la vallée du Rift (Linthicum et al. 1999 ; Rweyemamu et al. 2000), le paludisme (Nchinda 1998 ; Gunda et al. 2017) et le chikungunya (Paupy et al. 2012 ; El-Sayed and Kamel 2020).

La déforestation en Afrique centrale est le fruit des activités humaines. Par ordre d'importance, on retrouve le défrichement pour l'agriculture de subsistance, l'extraction de bois de chauffage et de charbon de bois, l'exploitation du bois et l'exploitation minière (Bogaert et al. 2008 ; Abernethy, Maisels, and White 2016). Chacune de ces activités peut induire un risque sanitaire (Epstein 2001). La déforestation et la fragmentation de la forêt influencent le comportement et l'abondance des espèces animales sauvages, que ce soit les petits ou les grands mammifères (Jones et al. 2013). Ces modifications altèrent les interactions biologiques entre les organismes vivants et peuvent favoriser l'alignement d'événements nécessaires à l'émergence infectieuse chez l'être humain (Guégan et al. 2020). Par exemple, la déforestation influence l'utilisation des habitats par les chauves-souris frugivores (Zhang et al. 2005) et un lien existe entre la destruction des habitats naturels des chauves-souris et la transmission de leurs virus à d'autres animaux et à l'humain (Jones et al. 2013). Plusieurs études suggèrent que la probabilité d'une épidémie de maladie à virus Ebola (MVE) dans un site est liée à des événements récents de déforestation (Olivero et al. 2017 ; Rulli et al. 2017). D'autre part, une méta-analyse basée sur les données de PREDICT¹ montre que les espèces de rongeurs connues pour être réservoirs de maladies étaient significativement plus abondantes dans les habitats modifiés, alors que les espèces non réservoirs étaient plus abondantes dans les habitats non modifiés (Mendoza et al. 2020). Il en est de même avec les bactéries. La fragmentation des forêts qui perturbe l'écologie des primates non humains influence la transmission bactérienne bidirectionnelle et interspécifique

¹ <https://www.ecohealthalliance.org/program/predict>

au sein de ces fragments (Goldberg et al. 2008). Ces résultats confirment que la déforestation et la fragmentation d'habitats ont généralement un impact sur la biodiversité qui peut impliquer un risque plus élevé de transmission d'agents pathogènes zoonotiques.

10.2.2 Chasse de subsistance et chasse commerciale

En zone rurale d'Afrique centrale, la viande de brousse représente une source importante de protéines et de revenus pour les populations locales. La consommation de viande de brousse était estimée entre 1 et 5 millions de tonnes dans le bassin du Congo dans les années 2000 (Wilkie and Carpenter 1999 ; Fa, Currie, and Meeuwig 2003 ; Fa, Ryan, and Bell 2005) avec une pression d'exploitation estimée entre 23 à 897 kg/km²/an (Van Vliet and Nasi 2008). En Afrique centrale, la viande de brousse est souvent plus accessible et financièrement plus abordable que les viandes d'élevage. Elle fait également partie intégrante de la culture des populations rurales et urbaines du bassin du Congo dont la demande augmente avec le pouvoir d'achat des ménages (Wilkie et al. 2005 ; Fa et al. 2009). Pour répondre à cette demande croissante de viande de brousse, les chasseurs chassent et prélèvent tout au long de l'année pour nourrir leur famille et le village (chasse de subsistance) et pour alimenter les marchés des centres urbains (chasse commerciale) (van Vliet and Mbazza 2011). Cette demande croissante des villes favorise des prix de vente plus élevés. Ainsi, les chasseurs préfèrent alimenter la chaîne de valeur de la viande de brousse des zones rurales vers les marchés urbains ou vers d'autres pays.

Au cours des deux dernières décennies, cette chasse commerciale, bien qu'informelle, s'est développée au niveau national, régional et international au point de favoriser la circulation et l'émergence de maladies zoonotiques connues ou inconnues dans le bassin du Congo et le reste du monde. Par exemple, les écailles et la chair de pangolins (*Smutsia gigantea*, *Phataginus* spp.) chassés en Afrique centrale sont retrouvés en Asie pour la médecine traditionnelle et la consommation de viande (Zhang et al. 2020 ; Ingram et al. 2018). Et pour augmenter les succès de chasse et répondre à la demande, les chasseurs utilisent de nouvelles technologies comme les fusils de chasse, des lampes de poche et même des GPS ; cela multiplie le nombre de prises et accroît la pression sur un plus grand nombre d'espèces animales (Bowler et al. 2020).

La chasse et plus particulièrement la capture, la manipulation, la préparation et le transport des carcasses génèrent des contacts directs avec des animaux sauvages potentiellement infectés (Wolfe et al. 2005b ; Mitman 2014 ; Magouras et al. 2020). Mais comme ces activités visent aussi bien les rongeurs, les chauves-souris que les gorilles, elles sont plus ou moins à risque selon les espèces sauvages chassées et manipulées. Les chauves-souris, par exemple, sont suspectées d'être des réservoirs de filovirus (Marburg et Ebola) ou coronavirus, et les grands singes (chimpanzé et gorille), qui sont phylogénétiquement plus proches des humains (Wolfe et al. 2005a), peuvent être porteurs d'un grand nombre de pathogènes zoonotiques. Le risque s'accroît quand le chasseur tue un animal malade ou récupère une carcasse fraîche d'animal mort en forêt (Pourrut et al. 2005 ; Guégan et al. 2020).

Le risque de transmission de maladies lié à la consommation est probablement plus faible, car la cuisson peut détruire les agents pathogènes. En revanche, on connaît peu de choses sur les effets des méthodes de conservation de la viande de brousse sur la survie des agents pathogènes. La salaison, le séchage ou le fumage de la viande sont susceptibles d'être délétères pour certains de ces agents infectieux, mais restent peu connus. Certaines études suggèrent qu'elles ne sont pas sûres à 100 % puisque plusieurs espèces de virus ont été détectées par des analyses biomoléculaires dans des morceaux de viande de brousse bien fumés (Smith et al. 2012).

10.2.3 Exploitations forestières et minières

L'Afrique centrale est riche en ressources naturelles, principalement minières et forestières. Ces ressources importantes sont fortement exploitées. Le secteur minier en Afrique a réalisé d'importants investissements et l'exploitation s'est intensifiée. Dans certains pays d'Afrique centrale, comme le Cameroun, l'exploitation de l'or est dominée par l'exploitation artisanale (Aoudou Doua, Narke and Layen Ndong 2018). Cette activité de contrebande est pratiquée depuis plusieurs décennies par une population toujours plus nombreuse avec des afflux massifs de migrants. Cette augmentation de la population s'accompagne généralement d'un front pionnier agricole et minier aux conséquences environnementales majeures. Cette « fièvre de l'or » s'est tellement développée que l'on est passé de petits campements isolés d'exploitants artisanaux à de véritables petits villages bien structurés (Aoudou Doua, Narke and Layen Ndong 2018). Ces activités minières et forestières dans le bassin du Congo favorisent l'ouverture de pistes et les implantations humaines dans des zones jusqu'alors intactes et facilitent l'accès à de nouvelles zones de chasse (Wolfe et al. 2005b ; Chomel, Belotto, and Meslin 2007) créant ainsi de nouvelles interfaces entre l'humain et la faune sauvage. La plupart des risques sanitaires liés aux exploitations minières et forestières sont dus à la création de ces nouvelles interfaces et à la chasse qui les accompagne toujours pour nourrir les travailleurs, mais aussi pour le commerce de la viande de brousse. Cependant, certaines réémergences de maladies ont été directement liées à l'exploitation minière : l'épidémie de fièvre hémorragique de Marburg dans un village d'orpailleurs en RDC en 1998, où 52 % des cas étaient des mineurs qui travaillaient dans une mine souterraine. La fin de l'épidémie a coïncidé avec l'inondation de la mine (Bausch et al. 2006).

10.2.4 Pratiques agricoles

L'agriculture de subsistance constitue l'une des causes majeures de la dégradation des forêts du bassin du Congo (Tyukavina et al. 2018). Les défrichements à petite échelle mènent à une fragmentation importante de la couverture forestière et augmentent les zones d'interface entre les populations humaines et la faune sauvage. Les contacts directs et indirects avec la faune sauvage potentiellement source d'agents pathogènes s'intensifient. De plus, les lisières de forêt nouvellement formées sont sujettes à des modifications de biodiversité ainsi qu'à des changements de l'abondance et des communautés d'espèces sauvages (Pfeifer et al. 2017). Tous ces facteurs peuvent impacter les risques de transmissions zoonotiques d'agents infectieux qui circulent en forêt.

Les aires de cultures et de forêts secondaires associées à l'agriculture constituent des ressources alimentaires attractives pour la faune. C'est le cas pour la chauve-souris frugivore *Hypsignathus monstrosus*, suspectée de jouer un rôle dans le cycle naturel du virus Ebola, qui utilise préférentiellement ces aires à proximité des villages forestiers pour se nourrir (E. Schloesing, en prép.). L'utilisation de ces habitats à proximité de l'humain par la faune sauvage favorise les contacts directs et indirects entre celle-ci, le bétail et l'humain, ce qui accroît les risques de transmissions interspécies. Des échanges bactériens entre primates non humains, animaux domestiques et humains ont d'ailleurs été démontrés dans des zones de forêt fragmentée, liés entre autres au pillage des cultures par ces primates (Goldberg et al. 2008).

Les communautés en zone forestière élèvent du bétail (chèvres ou porcs) ou des volailles qui se déplacent librement. Ces animaux domestiques partagent les mêmes habitats et les mêmes ressources que la faune sauvage, dont des arbres fruitiers appréciés par de multiples espèces sauvages (les chauves-souris et les primates non humains notamment). Par exemple, les porcs domestiques peuvent parcourir des distances de plusieurs kilomètres dans les forêts, avec un risque important

de contact direct avec la faune sauvage de par leur comportement charognard (Atherstone et al. 2017). L'élevage en zone forestière renforce donc les opportunités de transmissions de pathogènes de la faune sauvage vers la faune domestique, qui peut ensuite servir d'hôte intermédiaire ou amplificateur avant une transmission vers l'humain.

Enfin, une pratique agricole, encore peu documentée sur le continent africain même si elle est largement pratiquée (M. Bourgarel, obs. pers.) et pouvant favoriser les émergences de maladies infectieuses, est la collecte de guano de chauves-souris dans les grottes pour fertiliser les champs. Une étude menée au Zimbabwe démontre par exemple la présence de coronavirus et paramyxovirus dans du guano utilisé à cet escient, ce qui souligne les risques associés à cette pratique (Bourgarel et al. 2018).

10.2.5 Croyances et coutumes

Les croyances et les coutumes des populations vivant dans le bassin du Congo jouent un rôle prépondérant dans la perception des maladies, des risques liés à leurs activités comme la chasse et leurs interactions avec les animaux sauvages et de la gestion des épidémies. En effet, dans certaines ethnies, la conception locale des causes des maladies n'est pas biomédicale. Il y a même un dicton en République Démocratique du Congo (RDC) disant que « les Congolais ne meurent pas par les microbes »² (Sabuni 2007). La sorcellerie est souvent citée comme la cause des maladies chez des ethnies comme les Bira et les Nande en RDC ou au Gabon lors des épidémies de MVE de 2001-2002 (M. Bourgarel, obs. pers).

Les coutumes et croyances mènent aussi les populations vivant en forêt à avoir des comportements à risque avec la faune sauvage en plus de la chasse et de la manipulation de la viande de brousse. Plusieurs ethnies ont des interactions avec les animaux morts au moment de la chasse ou des naissances qui augmentent les risques de transmission de maladies : par exemple enfouir un nouveau-né dans la cage thoracique d'un gorille fraîchement abattu pour que l'enfant récupère la force de l'animal ou pratique de rites les mettant en étroit contact avec des animaux sauvages morts pour augmenter leur succès de chasse (F. Liegeois et M. Bourgarel, obs. pers).

Enfin, les croyances et les coutumes peuvent impacter effectivement la gestion et le contrôle d'une épidémie par les services de santé et les gouvernements. En effet, pour reprendre l'exemple des épidémies MVE, il est fréquent de voir une partie de la population locale vivant dans les zones d'épidémie refuser d'y croire, prétendre qu'il s'agit d'une propagande du gouvernement pour obtenir des fonds étrangers, contrôler la population ou prélever des organes humains (Agusto, Teboh-Ewungkem, and Gumel 2015). À cela, s'ajoute le fait que certaines personnes contaminées refusent d'être mises en quarantaine et vont se cacher en forêt. Il y a également la peur de ne pas pouvoir donner à l'être cher un enterrement traditionnel approprié puisque les corps ne sont pas rendus à la famille, mais incinérés par les services de santé. Ces croyances et coutumes traditionnelles poussent certaines familles à cacher leurs proches malades pour échapper au système de santé et ralentir considérablement le contrôle de l'épidémie (Agusto, Teboh-Ewungkem, and Gumel 2015).

Ce problème de manque de confiance des populations vivant en forêt vis-à-vis des systèmes de santé vient en partie d'un manque de communication et de sensibilisation des personnes par les acteurs de ces systèmes de santé. Lors des épidémies de MVE de 2001 et 2002, ces services se sont

2 « Congolais hakufi na microbe »

concentrés sur la gestion des cas, sans réellement communiquer avec les populations locales sur le devenir des patients mis en quarantaine et décédés. Ce qui a amené les populations à croire que les patients malades mis en quarantaine disparaissaient ou étaient assassinés pour leurs organes (M. Bourgarel, obs. pers). Il est donc capital de prendre en compte ces croyances et coutumes et de les respecter autant que possible ainsi que de bien communiquer avec les différents acteurs dans la gestion des épidémies et de limiter les tensions, voire les violences sociales qui peuvent émerger avec ces crises (Sabuni 2007).

10.2.6 Autres activités humaines

Chaque année, des millions d'animaux vivants sont vendus dans le monde, destinés à devenir des animaux de compagnie. Le plus souvent, ce sont des animaux capturés illégalement pour répondre à la demande d'animaux exotiques. Ce marché noir mondial est estimé à plusieurs milliards de dollars par an (Rosen and Smith 2010). En Afrique centrale, le commerce d'animaux vivants concerne de façon prépondérante certaines espèces comme le perroquet gris (*Psittacus erithacus*), le python royal (*Python regius*) et plusieurs espèces de primates non humains (Stiles et al. 2013 ; Martin, Senni, and D'Cruze 2018 ; Devaux et al. 2019a ; Norconk et al. 2020).

Mais ce commerce, en plus du problème de conservation qu'il pose, est d'une redoutable efficacité pour exposer des populations d'hôtes à de nouveaux pathogènes (Karesh et al. 2005 ; Can, D'Cruze, and Macdonald 2019) et est reconnu comme une source potentielle de futures pandémies. Le premier foyer de variole du singe (Monkey pox) en dehors du continent africain s'est produit aux États-Unis en 2003, après l'importation de rongeurs d'Afrique de l'Ouest qui ont infecté d'autres mammifères locaux et par la suite un total de 47 personnes (Mackay and Arden 2015). Le risque pour un pays de voir émerger une nouvelle maladie dépend de nombreux facteurs socioéconomiques, écologiques et biologiques complexes déjà détaillés, et le volume d'animaux vivants importés dans le pays est un de ces facteurs. Ainsi une bonne compréhension de ce commerce souvent informel est capitale pour optimiser les efforts et ressources limités alloués à la prévention des épidémies de maladies zoonotiques (Karesh et al. 2005 ; Can, D'Cruze, and Macdonald 2019).

Sur le marché du tourisme international, la demande pour le tourisme animalier a fortement augmenté pendant la dernière décennie (Fennell et al. 2012). Ce type de tourisme représente une source importante de revenus pour les pays visités et contribue à la conservation des espèces et des habitats. Il peut également générer des avantages éducatifs et socioéconomiques pour les populations locales (Macfie and Williamson 2010). Les touristes d'aujourd'hui désirent des rencontres rapprochées et des expériences personnelles avec la faune et sont particulièrement attirés par les espèces en voie de disparition dans des habitats éloignés et fragiles (Macfie and Williamson 2010). Cependant, cette activité modifie le comportement de certaines espèces qui, attirées par l'offre fréquente de nourriture de la part des touristes, perdent la peur de l'humain. Ce contact proche et régulier entre les personnes et les animaux sauvages augmente la probabilité de transmission de pathogènes entre eux.

Ce risque est particulièrement important entre l'humain et les primates non humains (PNH) qui, en raison de leur forte capacité à interagir et leur proximité phylogénétique, partagent un grand nombre d'agents infectieux (Davies and Pedersen 2008). En Afrique centrale, des groupes de grands singes ont été habitués afin d'améliorer la qualité du produit touristique dans plusieurs parcs nationaux (PN) : la Lopé (Gabon), Odzala ou Nouabalé-Ndoki (République du Congo), Réserve Spéciale de Dzanga-Sangha (République centrafricaine,) ou encore Virunga ou Kahuzi-Biega (RDC). De plus, il existe de nombreux sanctuaires de grands PNH qui proposent aux touristes un contact

rapproché avec des grands singes habitués à l'être humain. Les campements de touristes en forêt favorisent également des contacts plus étroits avec les animaux sauvages attirés par la nourriture et les poubelles. Cette proximité facilite la transmission d'agents infectieux et parasitaires entre les deux groupes (Odeniran, Ademola, and Jegede 2018 ; Devaux et al. 2019b) : rage, herpesvirus type B, Marburg, Ebola, variole du singe et autres agents pathogènes. Mais ce tourisme de promiscuité avec les PNH peut également avoir un impact sur la conservation de ces espèces par la transmission de maladies de l'humain à ces derniers (Devaux et al. 2019b). Des transmissions d'agents pathogènes respiratoires entraînant parfois des morts chez les grands singes ont été enregistrées en Afrique (Köndgen et al. 2008 ; Dunay et al. 2018 ; Grützmacher et al. 2018 ; Mazet et al. 2020). Au-delà des contacts indirects, il y a aussi de sérieux risques que les touristes puissent être mordus par des animaux sauvages en quête de nourriture dans les camps, et qui ont perdu la peur des humains (Devaux et al. 2019b). Pour limiter ces risques de transmission liés à l'écotourisme, des mesures ont été proposées par les primatologues telles que limiter la fréquence et la durée des visites, réduire le nombre de visiteurs, interdire l'accès aux touristes malades, bannir la consommation de nourriture sur les sites, définir une distance minimale d'observation ou physiquement séparer les animaux des visiteurs, et porter un masque (Macfie and Williamson 2010 ; Gilardi et al. 2015).

10.3 Les maladies émergentes/réémergentes d'Afrique centrale : historique, épidémiologie et réponse sanitaire

10.3.1 Fièvres hémorragiques d'Afrique centrale

Les fièvres hémorragiques (FH) sont des maladies provoquées par des virus provenant de différentes familles et qui atteignent plusieurs organes en même temps. Ces maladies peuvent être accompagnées de saignements, appelés symptômes hémorragiques (CDC 2013). Si certaines FH sont des maladies relativement bénignes, la plupart des FH connues (FH de Lassa, de Crimée-Congo, fièvre de la vallée du Rift, à virus Ebola ou Marburg etc.) sont des maladies extrêmement graves et mortelles. Présentes sur tous les continents, ces FH sont généralement des maladies zoonotiques (CDC 2013). La dengue est la FH la plus répandue dans le monde (100 millions de cas et 60 000 morts /an). Elle est suivie par la fièvre jaune, qui est transmise par des arthropodes et touche environ 200 000 personnes chaque année. En Afrique centrale, la fièvre jaune et les maladies à virus Ebola et Marburg (Filovirus) sont les FH les plus fréquentes (Zapata, Cox, and Salvato 2014). Les deux dernières étant les FH ayant le plus haut taux de mortalité (50 à 88 %) avec la fièvre de Crimée-Congo d'Afrique détectée en Afrique de l'Ouest et qui circule également en Afrique centrale.

Le virus de la fièvre jaune appartient à la famille des *Flaviridae*. Isolé en Afrique en 1927 (Fleury 2009), il est endémique dans 34 pays africains et dans tout le bassin du Congo (Barrett and Monath 2003). Il s'agit d'un arbovirus (virus transmis par des vecteurs arthropodes hématophages), dont le vecteur en Afrique est un moustique du genre *Aedes*. Ce virus se maintient en forêt grâce à un cycle moustique-singe-moustique dans lequel l'humain n'est normalement pas inclus. La fièvre jaune est une maladie zoonotique très ancienne dont les premières grandes épidémies ont touché l'Amérique tropicale au 17^e siècle. Aujourd'hui, l'Afrique est le continent le plus touché (95 % des cas recensés dans le monde). La fréquence des épidémies et des cas isolés augmente depuis quelques années principalement au Soudan, Angola, Ouganda et RDC (Institut Pasteur 2021), là où la couverture vaccinale est insuffisante. Aujourd'hui, la prévention de la fièvre jaune est possible grâce à un

vaccin très efficace (99 %), sûr et bon marché, qui protège à vie contre la maladie. Il n'y a pas de traitement spécifique antiviral contre cette maladie, mais le traitement des symptômes permet d'améliorer sensiblement les taux de survie (WHO 2021). La lutte contre la fièvre jaune passe par la lutte vectorielle afin de réduire les risques de transmission. Pour cela, il faut éliminer les gîtes larvaires potentiels (eau stagnante). Cette lutte vise les *Aedes aegypti* ainsi que d'autres espèces d'*Aedes*. Si les campagnes de lutte contre les moustiques sont possibles et efficaces en milieu urbain, elles sont beaucoup plus difficiles à mettre en place en zone forestière. Il reste alors les stratégies de protection individuelle (vêtements couvrant bras et jambes et répulsifs) qui restent les moyens les plus efficaces de prévention (WHO 2021).

Plusieurs autres arbovirus responsables d'épidémies humaines importantes ont émergé à partir de virus circulant dans des zones forestières avant de se répandre dans différentes régions du globe (Monath 2001; Mayer, Tesh, and Vasilakis 2017). Certains de ces virus, tels que les virus de la dengue, le Chikungunya et le Zika, présentent des cycles sylvatiques dans les forêts d'Afrique centrale où des transmissions entre primates non humains ont lieu via des moustiques (Valentine, Murdock, and Kelly 2019). Selon les virus, ces cycles sylvatiques jouent un rôle plus ou moins important dans le déclenchement des épidémies humaines en Afrique et des cycles dits « urbains » sont à prendre en compte dans les stratégies de surveillance et de contrôle de ces arboviroses (Valentine, Murdock, and Kelly 2019 ; Vasilakis et al. 2007). En outre, l'invasion des régions d'Afrique centrale par des espèces de vecteurs invasives telles que *Aedes albopictus* qui est arrivé en Afrique dans les années 1990 (Cornel and Hunt 1991) s'accompagne de nouveaux risques d'émergence d'arboviroses sur ce continent, et dans le bassin du Congo en particulier. L'*A. albopictus* est un moustique compétent pour la transmission de plusieurs arboviroses et déjà responsable de flambées épidémiques de dengue, chikungunya et zika en Afrique dans des milieux anthropisés ruraux et urbains. Ce vecteur pourrait s'étendre vers les habitats forestiers et également augmenter les risques sanitaires liés aux arboviroses zoonotiques et à de nouvelles émergences (Ngoagouni et al. 2015).

Le virus Ebola a été découvert en 1976 au cours de deux épidémies successives au Sud-Soudan et en République démocratique du Congo (anciennement Zaïre), à proximité d'une petite rivière appelée « Ebola ». Ce virus appartient à la famille des *Filoviridae* qui comprend cinq genres (Kuhn et al. 2010 ; Negro et al. 2011), dont trois sont présents chez les mammifères : les genres Ebola Virus (EBOV), Marburg Virus et Cuevavirus. Le genre Ebola comprend six espèces distinctes (Goldstein et al. 2018) : Ebola virus Soudan (SUDV), Ebola Zaïre (ZEBOV), Ebola Taï Forest (TAFV), Ebola Bundibugyo (BDBV), Ebola Reston (RESTV) et Ebola Bombali (BOMBV). Le genre Marburg ne comprend qu'une espèce : Marburg marburgvirus (MARV), et le genre Cuevavirus également, le Lloviu virus (LLOV). Depuis la découverte des virus Ebola, 35 épidémies ou cas d'infections ont été rapportés à ce jour, dont 27 épidémies et 5 980 cas recensés en Afrique centrale (CDC 2021) : 12 en République démocratique du Congo (RDC), 3 en République du Congo (RC), 3 au Gabon, 6 en Ouganda et 3 au Sud-Soudan (Pigott et al. 2014). Les épidémies en RDC sont dues principalement au virus ZEBOV sauf 1 cas : BDBV en 2012. Les origines de ces épidémies sont inconnues sauf pour celle de 2007 où un contact avec une chauve-souris frugivore a été décrit (Leroy et al. 2009) et celle de 2014 où le cas index avait découpé un singe arboricole trouvé mort en forêt (Maganga et al. 2014). En RC, les trois épidémies sont dues au ZEBOV. Des contacts avec des grands singes en seraient l'origine. Au Gabon, les trois épidémies sont dues au ZEBOV, dont l'origine serait des contacts avec des chauves-souris frugivores et/ou des grands singes. Au Sud-Soudan, seule l'espèce SUDV a été détectée lors des trois épidémies. Si l'origine est inconnue pour l'épidémie de 1976, les chauves-souris et un babouin (*Papio anubis*) sont suspectés d'être respectivement à l'origine des épidémies de 1979 et de 2004 (WHO 2005). En Ouganda, seule l'épidémie de 2019 due au virus ZEBOV a une

origine connue (cas importé de RDC). Les 5 autres épidémies dues au virus SUDV (4) et au virus BDBV (1) sont d'origine inconnue.

Même si les virus du genre EBOV n'ont toujours pas été isolés chez les chauves-souris frugivores, on suspecte ces dernières d'être les hôtes réservoirs et de jouer un rôle dans l'écologie des virus Ebola (Caron et al. 2018). De nombreuses enquêtes épidémiologiques, sérologiques et virologiques font le lien entre ces animaux et les virus Ebola (Leroy et al. 2005 ; Hayman et al. 2011 ; De Nys et al. 2018). De plus, les filovirus ne semblent pas être pathogènes pour les chauves-souris (Paweska et al. 2012). Des projets de recherches continuent à traquer les virus Ebola en Afrique centrale avec des approches « une seule santé » afin de mieux comprendre l'écologie des virus et mieux cibler les espèces, les habitats et les périodes pour effectuer des prélèvements sur les chauves-souris et augmenter les chances de trouver le virus actif (ex. projet EBO-SURSY³).

Le virus EBOV se transmet par contact direct avec des fluides corporels (sang, sécrétions, liquides biologiques) d'animaux infectés trouvés en forêt (Dowell et al. 1999). La transmission interhumaine a lieu à la suite de contacts directs ou indirects de liquides biologiques issus d'une personne atteinte ou décédée de la maladie. Les personnels de santé en début d'épidémie (quand les précautions sanitaires ne sont pas encore mises en place) sont particulièrement vulnérables. Les rites funéraires pendant lesquels la famille proche est en contact direct avec la dépouille mortuaire jouent un rôle important dans la transmission et la diffusion de la maladie. La période d'incubation est de 2 à 21 jours. Les sujets atteints de la MVE restent contagieux tant que le virus est présent dans le sang, mais il a été montré récemment que du matériel génétique (ARN) du virus pouvait rester présent dans le sperme des hommes survivants jusqu'à 18 mois après leur guérison (Deen et al. 2017 ; Mackay and Arden 2015 ; Sow et al. 2016). Il n'y a actuellement toujours pas de remède spécifique pour soigner la MVE à part des traitements symptomatiques. Mais plusieurs traitements (produits sanguins, des thérapies immunitaires et des traitements médicamenteux) sont en cours d'évaluation (Agnandji, Fernandes, and Bache 2017) et ont été testés dans un cadre d'essai contrôlé randomisé (WHO 2019) lors des dernières épidémies de 2018-2019 en RDC. Un vaccin expérimental (rVSV-ZEBOV) mis au point en 2015 a également été utilisé durant les épidémies de 2018-2019 en RDC et de 2021 en Guinée. Les premières données montrent que ce vaccin est sûr et semble être très efficace (WHO 2019).

Les dernières épidémies à MVE en RDC en 2018-2020 et en Guinée en 2021 respectivement font penser que la source de chacune de ces épidémies serait des personnes ayant été contaminées lors des épidémies précédentes (plus de cinq ans dans le cas de la Guinée). En cas de confirmation, ces données pourraient forcer à revoir l'épidémiologie de la maladie en prenant en compte le « réservoir humain » du virus ou la possibilité de voir des résurgences apparaître après les grosses épidémies comme c'est le cas des épidémies de Guinée (2014-2016) et de RDC (2018- 2020). En plus du risque de résurgence qui augmente avec le nombre de survivants, se pose le problème de stigmatisation de ces survivants à la MVE (Keita et al. 2021).

Le virus de Marburg (MARV) a été identifié pour la première fois en 1967 au cours de trois épidémies simultanées en Allemagne (Marburg et Frankfort) et en Serbie (Belgrade) (Kissling, Murphy, and Henderson 1970). Depuis 1976, 12 épidémies sporadiques ont eu lieu dans différents pays d'Afrique subsaharienne, dont plusieurs dans le bassin du Congo (Towner et al. 2006 ; Bausch et al. 2006 ; Adjemian et al. 2011) : en RDC (entre 1998 et 2000), en Angola (entre 2004 et 2005) et trois en Ouganda (2007, 2012 et 2014). Contrairement au virus Ebola, l'hôte réservoir de MARV a été identifié en 2009, 40 ans après la première épidémie : la chauve-souris roussette d'Égypte -*Rousettus*

3 <https://rr-africa.oie.int/fr/projets/ebo-sursy-fr/>

aegyptiacus (Towner et al. 2009 ; Amman et al. 2020). Cependant, le rôle d'autres espèces animales sauvages dans la circulation et l'émergence du MARV n'est pas exclu (Bourgarel and Liégeois 2019). L'infection d'une personne est généralement due à un séjour prolongé dans des mines ou grottes où vivent des colonies de roussettes. La période d'incubation est de 2 à 21 jours. Comme pour la MVE, la transmission interhumaine se fait par contacts directs avec des liquides biologiques de personnes ou animaux contaminés et contaminants. Les mécanismes de transmission et dissémination de la maladie sont les mêmes que pour la MVE et la transmission sexuelle du MARV a été documentée jusqu'à 7 semaines après guérison (WHO 2018).

10.3.2 Le virus de l'immunodéficience humaine (HIV) : un exemple d'émergence réussie

L'Afrique centrale est depuis toujours associée à l'émergence des rétrovirus humains ; c'est le cas du virus de l'immunodéficience humaine de type 1 (VIH-1) et des virus du lymphome T humain (HTLV). Tous sont le résultat de la transmission interespèces de rétrovirus de PNH à l'être humain. Depuis la première description clinique du syndrome de l'immunodéficience acquise (SIDA), en 1981, plus de 32 millions [24,8 - 42,2]⁴ de personnes sont décédées de cette infection. Les virus de l'immunodéficience humaine (VIH) ont infecté plus de 75 millions d'individus et continuent d'infecter 1,7 million [1,2 - 2,2]⁴ de personnes par an. Le nombre de décès dus au SIDA dans le monde pour l'année 2020 est estimé à 680 000 [480 000 - 1 000 000]⁴ personnes, dont 63 % sont survenus en Afrique subsaharienne. En 2020, le nombre de personnes vivant avec le VIH a été estimé à 37,7 millions [30,2 - 45,1]⁴ (UNAIDS 2020).

On distingue, selon leur organisation génomique et leurs relations phylogénétiques, deux types de VIH : les virus de l'immunodéficience humaine de type 1 (VIH-1), principale cause de la pandémie SIDA, et de type 2 (VIH-2) (Barré-Sinoussi et al. 1983 ; Clavel et al. 1986 ; Chakrabarti et al. 1987).

L'étude moléculaire des différents isolats de VIH a mis en évidence qu'il s'agissait de variants issus d'un même virus apparenté aux lentivirus d'ongulés, dont l'archétype est le virus ovin Maedi-Visna (Gonda et al. 1985). Parallèlement, des virus présentant des caractéristiques similaires furent isolés chez plusieurs espèces simiennes (Chakrabarti et al. 1987). Les virus de l'immunodéficience simienne (SIV) infectent une grande variété de PNH en Afrique subsaharienne (Peeters et al. 2002). Deux de ces virus, le SIVcpzPtt du chimpanzé (*Pan troglodytes troglodytes*) et le SIVsmm du mangabé enfumé (*Cercocebus atys*) ont été transmis à l'être humain à de multiples occasions et ont respectivement généré l'apparition des groupes de virus de l'immunodéficience humaine de type 1 M et N et de type 2 (VIH-2) (Boué et al. 2015 ; Peeters, Jung, and Ayouba 2013). Les conditions et les circonstances exactes de ces transmissions interespèces restent inconnues. L'exposition humaine au sang des PNH, à l'occasion des activités de chasse et de dépeçage, représente la source d'infection la plus plausible (Peeters, Jung, and Ayouba 2013). Les épïcètres initiaux de l'infection par le VIH-1 et par le VIH-2 sont respectivement en Afrique centrale et en Afrique de l'Ouest, reflétant l'habitat naturel du chimpanzé *Pan troglodytes troglodytes*, du gorille *Gorilla gorilla* et du mangabé enfumé *Cercocebus atys* (Peeters, Jung, and Ayouba 2013 ; Santiago et al. 2005). La diversité génétique initiale du VIH est associée à de multiples introductions de virus simiens chez l'humain, et les différents groupes de VIH-1 (M, N, O et P) et de VIH-2 (A-I) sont le résultat d'événements de transmission interespèces indépendants (D'arc et al. 2015 ; Boué et al. 2015 ; Visseaux et al. 2019).

4 Intervalle de confiance

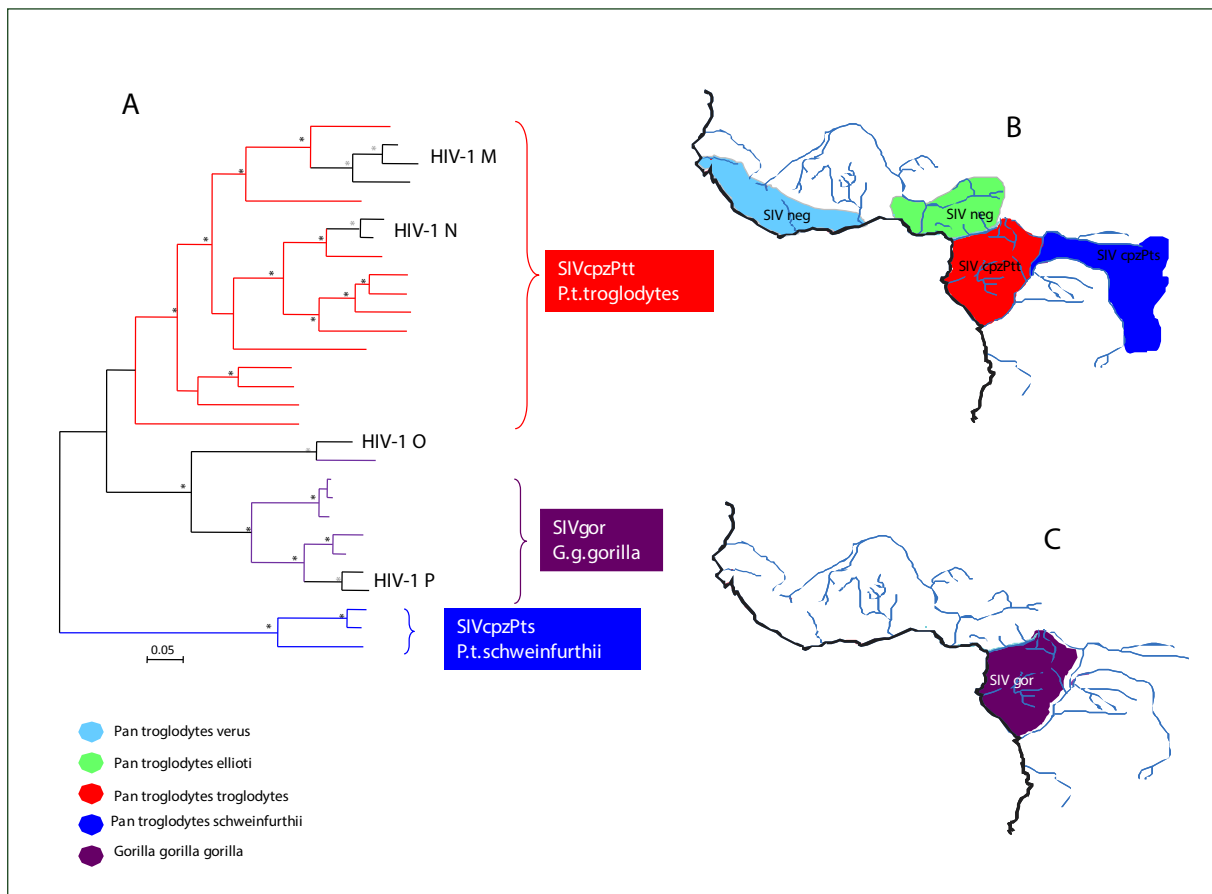


Figure 10.1 : Relation phylogénétique entre les souches de virus de l'immunodéficience simiennes chez les grands singes (chimpanzés et gorilles) et les différents groupes de virus de l'immunodéficience humaine de type 1 (A. Youba)

L'étroite relation phylogénétique entre les souches SIVcpzPtt d'Afrique centrale et de l'Ouest et les souches VIH-1 des trois groupes M et N ainsi que la grande diversité des souches du groupe M en Afrique équatoriale de l'Ouest et leur superposition avec l'habitat des *Pan troglodytes troglodytes* appuyaient l'hypothèse de l'origine des souches VIH-1 groupe M et N dans le bassin du Congo. Cette hypothèse a été confirmée par une analyse de plusieurs centaines d'échantillons de fèces de chimpanzés collectés sur différents sites au Cameroun. Il a été mis en évidence que ces animaux sauvages étaient bien infectés par des SIVcpzPtt avec des prévalences observées de 30 à 50 % (Van Heuverswyn et al. 2007 ; Keele et al. 2006). L'analyse génétique a permis de caractériser les ancêtres des souches VIH-1 groupe M et N confirmant ainsi l'origine de ces VIH (Fig. 1). Par ailleurs, des souches de SIVcpzPtt distinctes au Cameroun et au Gabon ont été isolées. Cela suggère qu'elles sont susceptibles de traverser la barrière d'espèce et de donner lieu à l'émergence d'un nouveau VIH dans les populations humaines (Boué et al. 2015 ; Van Heuverswyn et al. 2007).

Ces études ont permis de mettre en évidence des infections lentivirales chez les gorilles des plaines occidentales (*Gorilla gorilla gorilla*) au sud du Cameroun. Ces virus, nommés SIVgor, apparentés au VIH-1 des groupes O et P, sont à l'origine de ces deux souches de VIH (D'arc et al. 2015) (figure 10.1).

10.3.3 Les Foamy virus ou spumaretrovirus

Les Foamy virus sont transmis à l'être humain à partir des PNH. En effet, les virus foamy ou spumaretrovirus sont présents dans plusieurs espèces de PNH d'Afrique centrale et ont été isolés

chez des chasseurs du Gabon et du Cameroun. Les spumaretrovirus simiens ont été décrits pour la première fois en 1954 aux États-Unis à partir d'une culture cellulaire de rein de singe macaque (*Macaca rhesus*) (Enders and Peebles 1954).

Le prototype simien est le « Simian Foamy Virus » (SFV). La prévalence du SFV chez des PNH naturellement infectés est généralement élevée, mais peut varier suivant les espèces animales (Meiering and Linial 2001 ; Bastone, Truyen, and Löchelt 2003 ; Mouinga-Ondémé et al. 2010). Chez des populations de PNH vivant en captivité ou en semi-liberté, la séroprévalence peut varier entre 75 % et 100 % chez les adultes, mais est généralement plus faible chez les plus jeunes (Mouinga-Ondémé et al. 2010 ; Calattini et al. 2006).

À l'opposé des infections par d'autres rétrovirus simiens (SIV) qui sont géographiquement limitées, celles des foamy virus simiens sont généralisées chez les PNH. La plupart des espèces simiennes du Nouveau et de l'Ancien Monde et les grands singes sont porteurs de foamy virus simien (Meiering and Linial 2001 ; Hussain et al. 2003 ; Betsem et al. 2011). L'Afrique est le continent qui compte le plus d'espèces de PNH, et en 2004, Calattini et al. (2004) ont décrit pour la première fois l'infection des foamy virus simiens chez le gorille, le mandrill et le drill dans le bassin du Congo. Par la suite, il a été montré que toutes les espèces de chimpanzés sont infectées par les foamy virus simiens (Liu et al. 2008). La transmission de ces virus peut se faire au sein d'une même espèce, mais aussi d'une espèce de PNH à une autre comme cela a été montré entre des colobes et des chimpanzés dans le parc national de Taï en Côte d'Ivoire (Leendertz et al. 2008 ; Morozov et al. 2009).

La transmission des Foamy virus de PNH à l'humain peut intervenir au cours d'une chasse, principalement à travers des morsures ou des contacts avec des liquides biologiques de l'animal au moment du dépeçage ou de la préparation. L'infection de l'être humain par les Foamy virus simiens a été décrite pour la première fois en 1971 (Achong, Mansell, and Epstein 1971 ; Achong and Epstein 1978). Et il a été démontré que cette souche était un variant d'origine simienne acquise lors d'une zoonose (Herchenröder et al. 1994). D'autres transmissions de Foamy virus simiens à l'humain ont été documentées, principalement chez des individus dont l'activité professionnelle (technicien animalier, vétérinaire) ou les pratiques culturelles (chasse en forêt) les exposent à des contacts étroits avec des PNH (Mouinga-Ondémé et al. 2012 ; Gessain and Calattini 2008). Pour l'heure, il n'existe aucun prototype humain de Foamy virus, les seules souches isolées chez l'humain sont celles transmises par les PNH.

Tout comme chez les PNH, l'infection chez l'humain, persistante et asymptomatique, n'est associée à l'heure actuelle à aucune pathologie. De plus, aucune transmission humaine de ce rétrovirus n'a jamais été rapportée (Gessain and Calattini 2008 ; Khan 2009).

10.3.4 Autres maladies zoonotiques

Outre les virus responsables des fièvres hémorragiques et les rétrovirus d'origine zoonotique tels que le virus HIV, qui sont connus du grand public étant donné leur impact important et/ou mondial sur la santé humaine, d'autres pathogènes continuent à émerger ou réémerger. Un exemple est le virus de la variole du singe ou *orthopoxvirus* simien (Monkeypox virus, MPV). Il est du même genre que le virus de la variole humaine, découvert pour la première fois chez l'être humain en 1970 en République du Congo (Marennikova et al. 1972). La variole du singe est une maladie réémergente en Afrique centrale et de l'Ouest, où des cas humains sont rapportés de façon croissante depuis plus

d'une vingtaine d'années (Petersen et al. 2019). Ces cas proviennent d'introductions zoonotiques répétées et de transmissions interhumaines. Les PNH sont également susceptibles d'être infectés (Radonić et al. 2014). L'écologie de ce virus n'est toujours pas clairement comprise, mais de multiples espèces d'animaux sauvages semblent être impliquées dans la maintenance et la transmission zoonotique, dont des rongeurs (certaines espèces d'écureuils) qui pourraient jouer le rôle de réservoir (Khodakevich, Ježek, and Kinzanzka 1986 ; Doty et al. 2017). La résurgence de cas humains pourrait être liée à l'arrêt de la vaccination contre la variole humaine au début des années 1980, ce vaccin conférant probablement une protection croisée envers le MPV (Petersen et al. 2019). Cependant, il n'est pas exclu que des modifications d'habitats, l'augmentation des populations de petits mammifères ou des pratiques menant directement ou indirectement à une intensification des contacts entre rongeurs et humains jouent aussi un rôle dans l'augmentation du nombre de cas.

Les forêts centrafricaines abritent bien d'autres agents infectieux pour lesquels des transmissions zoonotiques n'ont pas encore été rapportées ou dont le pouvoir pathogène reste méconnu, mais qui sont génétiquement proches de pathogènes ayant déjà émergé depuis la faune sauvage dans d'autres régions du globe. On peut citer en exemple certains virus qui circulent chez différentes espèces de chauves-souris. Après les premières émergences de la MVE, les chauves-souris d'Afrique centrale ont été particulièrement étudiées en comparaison avec d'autres ordres d'animaux peuplant les forêts. Les multiples campagnes de prélèvements et analyses virologiques auxquelles elles ont été sujettes ont mené à l'identification d'autres agents infectieux. Certaines espèces de chauves-souris africaines sont par exemple porteuses de *paramyxovirus*, dont quelques-uns sont proches des virus zoonotiques hautement pathogènes Hendra et Nipah (genre Henipavirus) qui circulent chez des chauves-souris en Australie et en Asie (Weiss et al. 2012 ; Drexler et al. 2012 ; Drexler et al. 2009 ; Field et al. 2001). C'est le cas de la chauve-souris africaine, *Eidolon helvum*, une espèce frugivore, migratrice, qui occupe les $\frac{3}{4}$ de l'Afrique subsaharienne et qui est chassée dans de nombreuses régions pour sa viande (Weiss et al. 2012 ; Drexler et al. 2009). Des sérologies positives aux henipavirus ont été trouvées chez des *E. helvum*, des porcs domestiqués (Hayman et al. 2011), mais aussi dans des populations humaines. La prévalence observée était supérieure chez les personnes qui manipulaient la viande de chauves-souris (Pernet et al. 2014). Cependant, il reste à déterminer si ces henipavirus d'Afrique équatoriale sont capables d'émerger et de causer des pathologies chez l'humain et les animaux domestiques (Weiss et al. 2012).

Un autre exemple de pathogène à surveiller aux interfaces humain/faune sauvage des forêts centrafricaines sont les coronavirus. Les sept coronavirus humains décrits à ce jour semblent trouver leur origine chez des coronavirus de micromammifères. L'émergence se ferait via un hôte intermédiaire (Cui, Li, and Shi 2019). C'est par exemple le cas des coronavirus du syndrome respiratoire du Moyen-Orient (MERS-CoV) et du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV1) dont les ancêtres sont des coronavirus de chauves-souris et qui sont respectivement transmis à l'être humain par des chameaux et des civettes (Li et al. 2005 ; Ithete et al. 2013 ; Sabir et al. 2016). Il en est de même pour le SARS-CoV2, virus de la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19), qui semble également trouver ses origines chez les chauves-souris, mais dont l'hôte intermédiaire, s'il existe, reste encore méconnu (Zhou et al. 2020). Les chauves-souris du continent africain abritent une grande diversité de coronavirus, dont certains font partie du même groupe phylogénétique que les virus du SARS ou du MERS (Bourgarel et al. 2018 ; Markotter et al. 2019 ; Letko et al. 2020 ; Lacroix et al. 2020). Les risques de transmissions interspèces et zoonotiques de coronavirus circulant dans les zones forestières sont encore méconnus pour la plupart, mais ils doivent être pris en compte dans la surveillance d'émergences.

10.4 Surveillance et contrôle des maladies infectieuses et zoonotiques en Afrique centrale

L'Afrique centrale est considérée comme une zone particulièrement à risque pour l'émergence de zoonoses, du fait de la convergence de plusieurs facteurs de risque tels que la transformation des écosystèmes forestiers (Wolfe et al. 2005b), les conditions de pauvreté (Molyneux et al. 2011) et un contact très fréquent et rapproché avec la faune sauvage principalement par la chasse, la manipulation et la consommation de viande de brousse (Magouras et al. 2020). La mise en place de systèmes de surveillance peut permettre de mieux comprendre, suivre et contrôler la dynamique de certains pathogènes à l'interface humains/animaux.

10.4.1 Définition et objectifs théoriques de la surveillance

Un système de surveillance constitue un processus de collecte systématique et régulière d'informations sur la présence d'une maladie ou sur un événement sanitaire au sein d'une population cible dans le but de sa gestion. Les zoonoses étant des maladies partagées entre les animaux (dans ce cas des espèces sauvages) et l'humain, la collecte d'information peut se faire tant au niveau des animaux (surveillance effectuée par les services vétérinaires), que de la population humaine exposée (surveillance souvent effectuée par les services de santé publique). Les approches et systèmes de surveillance en santé animale sont variables et dépendent fondamentalement des objectifs que l'on veut atteindre et des moyens à disposition. Si l'objectif est de détecter précocement l'apparition d'une zoonose émergente telle que MVE chez des vertébrés terrestres dans des milieux reculés en forêt tropicale, l'option la mieux adaptée est la mise en place d'une surveillance événementielle. Dans cette optique, des efforts extraordinaires ont été déployés en République du Congo dans le but de détecter des mortalités anormales chez les gorilles et chimpanzés et de collecter des échantillons pour identifier l'agent infectieux provoquant ces foyers (Leroy, Rouquet, et al. 2004 ; Leroy, Telfer, et al. 2004b). Aujourd'hui, une surveillance permanente des groupes de grands singes habitués et des animaux trouvés morts en forêt ainsi qu'une collecte systématique des vecteurs (par exemple mouche à viande) sont pratiquées dans différents sites en Afrique centrale (Dzanga Sangha en République centrafricaine, Nouabale Ndoki en République du Congo, Campo Ma'an au Cameroun, Malebo en République démocratique du Congo). Ce type de surveillance événementielle et systématique s'appuie sur un effort de sensibilisation très important des populations locales et du personnel des ONG et des parcs nationaux. Ils peuvent ainsi détecter des mortalités et déclencher l'alarme pour que des équipes scientifiques soient déployées sur le terrain afin de collecter des échantillons sur les carcasses de grands singes ou d'autres mammifères (Antonation et al. 2016 ; Grützmacher et al. 2016 ; Grützmacher et al. 2018 ; Kuisma et al. 2019) En revanche, si l'objectif est de détecter des agents zoonotiques qui circulent chez la faune sauvage de façon silencieuse ou de simplement essayer de caractériser les pathogènes zoonotiques circulant plus fréquemment dans la filière de viande de chasse, on doit s'orienter vers un type de surveillance non ciblée sur un agent pathogène spécifique, mais orientée vers des espèces ou taxons susceptibles d'héberger des agents pathogènes zoonotiques tels que les PNH, les chauves-souris ou les rongeurs (Levinson et al. 2013).

10.4.2 Situation des systèmes de surveillance en Afrique centrale

La surveillance des zoonoses est fortement centrée sur les émergences virales qui ont frappé l'Afrique centrale pendant les dernières décennies (MEV, fièvre jaune, variole du singe). Cependant, beaucoup d'autres pathogènes circulent, mais ne sont pas suivis (et donc pas détectés), même si leur impact sur la santé publique et les effets socioéconomiques sur les populations humaines qui y sont exposées sont loin d'être négligeables (Asante, Noreddin, and El Zowalaty 2019). Se pose ici le problème du risque différentiel entre les besoins de surveillance des maladies qui affectent les populations locales et les besoins pour surveiller et contrôler les maladies à risque pandémique qui peuvent toucher tout le monde. Les moyens ne sont pas les mêmes et sont souvent biaisés en faveur des maladies à risque pandémique.

Les zoonoses étant des maladies partagées par l'humain et l'animal, leur surveillance peut se faire au sein des populations humaines et animales. L'idéal dans le cadre d'une approche de santé intégrée (« One Health ») serait que les deux se fassent de façon coordonnée. Il existe dans les pays d'Afrique centrale un décalage important entre le niveau d'organisation et les moyens attribués aux systèmes de santé humaine et animale. Les structures de santé humaine suivent une liste de cinq ou six maladies zoonotiques prioritaires établies sur la base d'une cartographie et évaluation des risques de transmission à l'humain (voir le tableau 10.1). En revanche, les services vétérinaires (souvent dépendant du ministère de l'Agriculture) disposent en général de moyens beaucoup plus limités pour effectuer sur les mêmes zoonoses chez les animaux une surveillance qui demeure passive et très restreinte en raison des faibles capacités des laboratoires diagnostiques.

Les maladies de la faune sauvage sont encore plus rarement suivies de façon systématique, à l'exception de réponses à certaines crises épidémiques ponctuelles telles que l'Ebola ou la variole du singe, lorsqu'elles ont menacé des populations de grands singes ou provoqué des foyers humains

Tableau 10.1 : Liste des maladies zoonotiques suivies dans différents pays d'Afrique centrale au niveau des structures de santé publique

Maladies	Gabon	République du Congo	République démocratique du Congo	République centrafricaine	Cameroun
Ebola	+	+	+	+	+
Grippe aviaire	+		+	+	+
Variole du singe		+	+	+	
Tuberculose bovine	+	+			+
Rage	+	+	+	+	+
Trypanosomiase		+			
Fièvre de la Vallée du Rift		+		+	
Salmonelloses			+		
Anthrax					+
Fièvre jaune	+	+	+		
Référence	OMS, 2019a	OMS, 2019b	OMS, 2018	OMS, 2019c	OMS, 2017

importants. Mais les pays d'Afrique centrale ont développé au cours des dernières années des stratégies « une seule santé » ou « One Health » pour faciliter la coordination entre les secteurs de la santé humaine, de la santé animale (domestique et sauvage), mais aussi de la conservation. Ces stratégies récentes ne sont pas toujours opérationnelles ou manquent de moyens (humains et financiers) pour être efficaces. L'OMS a réalisé des missions d'évaluation de systèmes sanitaires et détecté le besoin prioritaire de renforcer la surveillance et les stratégies « Une seule santé » (OMS 2017, 2018a, 2019, 2018b).

10.4.3 Quelques recommandations pour améliorer la surveillance des zoonoses dans la faune sauvage en Afrique centrale

Dans le but d'optimiser la détection d'agents zoonotiques et notamment des virus, il est préférable d'orienter les échantillonnages vers les carcasses d'animaux les plus fraîches possible, car un virus a une survie limitée en dehors d'un hôte vivant et se dégrade rapidement (Greatorix et al. 2016). Il faut donc optimiser les chances de détection de pathogènes en organisant des collectes d'échantillons avec la collaboration des chasseurs ou des acteurs qui sont sur le terrain et qui ont accès aux carcasses fraîches de gibier, en amont de la filière.

L'écotourisme ou les projets de recherche dans les aires protégées pourraient contribuer de façon significative à la surveillance des zoonoses grâce à l'observation directe de la faune (grands singes habitués), à la collecte d'échantillons de façon systématique et événementielle (surveillance des carcasses ou capture des vecteurs) et à l'existence d'infrastructures sur site (laboratoires mobiles et/ou fixes, logistique, etc.).

La collecte d'échantillons peut être optimisée en utilisant les nouvelles technologies pour leur prélèvement et leur stockage. Il y a de nombreuses contraintes logistiques et techniques pour mettre en place des systèmes de surveillance sur la faune sauvage en conditions naturelles ou dans des sites éloignés : de la détection des animaux malades ou de carcasses fraîches ou la conservation des échantillons jusqu'à leur arrivée au laboratoire. Or, certaines de ces contraintes matérielles et logistiques ont connu des évolutions considérables grâce à l'apparition de nouvelles technologies. Ainsi, la collecte d'échantillons à base de papiers filtres ou l'existence de solutions tampon qui préservent le matériel génétique (RNALater⁵) simplifient énormément le travail de collecte d'échantillons sur le terrain.

Le développement de systèmes de diagnostic basés sur la détection moléculaire tels que les techniques de séquençage génétique de nouvelle génération (Gardy and Loman 2018), permettent de dépister simultanément plusieurs pathogènes sur un seul et même échantillon biologique. Cela résout, par exemple, les problèmes de validation de tests immunologiques, souvent contraignants pour dépister des antigènes ou des anticorps chez des espèces sauvages.

La promotion de l'approche « Une seule santé » dans la lutte des maladies zoonotiques. Les informations issues des dépistages de pathogènes circulants chez les espèces chassées permettraient d'identifier les risques auxquels sont exposées les populations humaines en interaction avec ces hôtes. Un suivi systématique de ces mêmes pathogènes au sein de ces populations humaines

⁵ La solution de stabilisation RNALater est un réactif aqueux et non toxique de stabilisation et de stockage de l'ARN tissulaire qui pénètre rapidement dans les tissus pour stabiliser et protéger l'ARN cellulaire.

Encadré 10.1 : Le volet biodiversité/environnement : un pilier clé d'une *Approche Une Seule Santé* mieux arrimée à l'agenda du développement durable

La possible origine animale sauvage du virus Sars-COV-2 a ravivé les préoccupations vis-à-vis des risques de transmission et de propagation des maladies zoonotiques émergentes aux différentes interfaces entre l'homme, les animaux domestiques et sauvages, et l'environnement, et notamment le long des chaînes de valeur de la faune sauvage. De récentes revues bibliographiques sur le sujet (Stephen et al. 2021 ; Kock and Caceres-Escobar 2022) montrent non seulement l'absence de données probantes permettant de caractériser ces risques, mais aussi que très peu d'informations sont disponibles sur la mise en œuvre d'interventions pour prévenir, détecter et répondre à ces risques et sur la démonstration de leur efficacité. Néanmoins, au regard des connaissances actuelles, toutes les réflexions pour prioriser les interventions futures de gestion des risques à ces différentes interfaces reconnaissent, d'une part, l'importance des facteurs et acteurs liés au secteur biodiversité/environnement dans la mise en place de solutions aussi bien préventives que réactives et, d'autre part, la nécessité d'approches intégrées, multisectorielles, et alignées sur l'agenda du développement durable pour appréhender ces risques et répondre aux enjeux et défis de santé locaux et mondiaux de manière équitable (De Garine-Wichatitsky et al. 2021). C'est une nécessité pour la santé humaine, animale, mais aussi pour celle des socio-écosystèmes complexes portant des enjeux forts de conservation (Lindsey et al. 2020).

Depuis décembre 2021, ceci est reflété dans une définition actualisée du principe « Une seule santé » proposée par le Groupe d'experts de haut niveau pour l'approche Une seule santé (OHHLEP). Cette définition parle désormais d'« *une approche intégrée et fédératrice visant à équilibrer et optimiser durablement la santé des personnes, des animaux et des écosystèmes. [Elle] reconnaît que la santé des humains, des animaux domestiques et sauvages, des plantes et de l'environnement en général (y compris des écosystèmes) est étroitement liée et interdépendante. L'approche mobilise de multiples secteurs, disciplines et communautés à différents niveaux de la société pour travailler ensemble à favoriser le bien-être et à lutter contre les menaces pour la santé et les écosystèmes tout en répondant au besoin collectif en eau potable, en énergie propre, en air pur, et en aliments sains et nutritifs, en prenant des mesures contre le changement climatique et en contribuant au développement durable.* »

Dans ce contexte d'informations lacunaires et d'incertitudes, l'opérationnalisation efficace de l'approche Une seule santé doit reposer sur une coordination institutionnelle intersectorielle effective à même de réaliser les arbitrages complexes entre les différents intérêts sectoriels et géopolitiques, en tenant compte des connaissances scientifiques disponibles et des contextes socio-culturels et économiques des pays. Un récent bilan¹ des efforts pour mettre en œuvre l'approche « Une seule santé » initiés en 2012 par les États de la sous-région montre que les progrès sont variables entre pays, mais restent dans l'ensemble encore insuffisants. Au-delà des besoins d'appropriation de l'approche, les capacités et ressources pour parvenir à combler

1 Conclusions de la réunion sous-régionale CEEAC-FAO tenue du 14 au 15 décembre 2021 à Douala pour la revue de la mise en œuvre des recommandations des ateliers 2012 et 2017 sur l'Approche « Une Seule Santé » pour la sous-région Afrique centrale.

les besoins prioritaires, notamment en termes de coordination et d'implication du secteur biodiversité/environnement, doivent être renforcées (de Garine-Wichatitsky et al. 2020). Différentes initiatives appuient actuellement les États d'Afrique centrale dans ce domaine, par exemple les projets REDISSE 4 et EBOSURSY², les programmes SWM et ECTAD, PREZODE, etc.

2 REDISSE 4: Renforcement des Systèmes Régionaux de Surveillance des Maladies en Afrique centrale ; EBOSURSY : Renforcement des capacités et surveillance des fièvres hémorragiques virales; SWM : Sustainable Wildlife Management Programme – ECTAD : Centre d'urgence pour la lutte contre les maladies animales transfrontières. PREZODE : Preventing ZOonotic Disease Emergence

(chasseurs, éleveurs, bouchers, taxidermistes, restaurateurs, consommateurs... en fonction du pathogène) pourrait alors être mis en place par les structures de santé publique ou les postes de santé locaux.

La promotion d'indicateurs « HEALTH SMART » dans les systèmes de certification des entreprises d'exploitation forestière déjà dotées de plans d'aménagement permettrait d'atténuer l'impact environnemental et social de leur activité, ainsi que de réduire un éventuel impact sur la santé des populations exposées à des risques zoonotiques de par leur activité forestière. Cela nécessite d'identifier des indicateurs de santé unique qui peuvent être mesurés dans le temps.

Conclusion

Les maladies émergentes infectieuses se répandent de plus en plus rapidement que ce soit au niveau de l'Afrique centrale, du continent africain et du monde entier à cause des échanges commerciaux et des déplacements nationaux, régionaux et internationaux de plus en plus nombreux et rapides. La pandémie de la COVID-19 illustre parfaitement ces phénomènes d'interconnexion mondiale et les risques associés de propagation mondiale des MIE.

Les changements de paysage affectant les forêts d'Afrique centrale peuvent avoir des impacts sur plusieurs mécanismes favorisant ou non les émergences et réémergences d'agents pathogènes. Les forêts tropicales abritent une forte diversité de virus et de bactéries encore inconnus qui représentent une source d'agents pathogènes émergents. La transformation des paysages s'effectue à travers une séquence temporelle de mise en place d'infrastructures humaines : d'abord des routes, permettant l'accès à des zones autrefois inaccessibles aux véhicules ; suivies de campements ou de petits villages où peuvent être extraites des ressources fauniques pour des marchés locaux ou plus distants (p. ex. centres urbains) ; la sédentarisation de populations humaines peut ensuite s'accompagner d'une mise en culture paysanne ou de petite échelle de certaines zones dans les forêts qui dominent encore le paysage ; quand des petits centres urbains commencent à se développer, le paysage se transforme progressivement autour d'eux avec une prédominance progressive des champs, des cultures plus commerciales (p. ex. palmier à huile) ; finalement des zones où la forêt était prépondérante il y a encore quelques années ou quelques décennies peuvent ressembler à des territoires agricoles où subsistent quelques îlots de forêts protégés ou non.

Ces changements progressifs de paysage vont avoir trois conséquences principales sur les mécanismes d'émergence : i) augmenter la quantité et la qualité des contacts entre humains et espèces sauvages ; la chasse, les pratiques agricoles, l'exploitation commerciale des ressources ; ii) voir transformer l'écologie d'animaux hôtes d'agents pathogènes et donc modifier l'écologie

des maladies : certaines espèces d'hôtes auront la plasticité comportementale et génétique pour s'adapter mieux que d'autres à des paysages anthropisés (p. ex. la chauve-souris *E. helvum* semble s'accommoder des centres urbains qui peuvent lui procurer des ressources alimentaires tout au long de l'année, sans besoin de migration) ; iii) ces modifications/adaptations des espèces à leur environnement va directement ou indirectement (p. ex. compétition interspèces) contribuer à la modification des communautés d'animaux sauvages ; ces changements vont impacter les dynamiques des cycles sylvatiques des agents pathogènes multihôtes et les risques de transmission entre les animaux sauvages et les humains ; ainsi une communauté de chauves-souris en forêt tropicale dans une zone donnée ne sera plus la même quand le paysage sera transformé et favorisera ou non certains pathogènes aux dépens d'autres.

Le contexte des forêts d'Afrique centrale est donc très dynamique avec des paysages en transformation, des contacts humains/faune qui augmentent et des communautés d'espèces sauvages qui sont en cours d'adaptation à ces changements. La vitesse de transformation de ces forêts va avoir un impact sur les risques d'émergence. L'étude des mécanismes d'émergence et l'évaluation de ces risques sont donc difficiles : l'observation de la présence d'un agent pathogène chez un hôte, d'un comportement animal ou d'une dynamique de transmission n'est peut-être qu'un état transitoire dans ces systèmes écologiques en transformation. La mise en place de systèmes de surveillance et de politiques sanitaires est souvent confrontée à un manque de moyens et donc compliquée, mais indispensable dans ces écosystèmes de forêts hébergeant encore une forte diversité d'agents potentiellement dangereux pour la santé des humains et des animaux. Ces systèmes de surveillance doivent permettre de circonscrire au plus vite l'épidémie pour protéger les populations locales, limiter les coûts des mesures prises et éviter une pandémie. En RDC, le budget nécessaire à la lutte contre l'épidémie de 2018-2020 est passé de 26 millions à 57 millions USD quand la maladie s'est propagée dans un centre urbain sur un axe de transport majeur de la région (OMS 2018b).

Étant donné l'importance de la faune sauvage comme source de protéines et de revenus en Afrique centrale, une grande partie de la gestion des risques zoonotiques dans cette région passe de façon incontournable par la mise en place de systèmes de surveillance au sein des filières de viande de brousse en s'appuyant sur les stratégies « Une seule santé » des pays. Ces systèmes de surveillance pourraient être facilement mis en place en amont d'une filière avec la collaboration des chasseurs et la distribution de matériel de collecte approprié. Cette approche combinée avec des systèmes de diagnostic performant permettrait d'établir un premier bilan sanitaire sur les principaux agents pathogènes susceptibles de circuler au sein des espèces les plus fréquentes dans les tableaux de chasse. Sur la base de ce premier bilan, il serait ensuite possible de mettre en place des programmes de dépistage plus ciblés sur la recherche ou le suivi de certains pathogènes ou de certaines espèces en fonction du risque identifié. Les informations issues des dépistages de pathogènes circulant chez les espèces animales chassées permettraient d'identifier les principaux risques auxquels peuvent être exposées les populations humaines en interaction avec ces hôtes. Cette approche est relativement fonctionnelle dans certains pays qui disposent de ressources humaines qualifiées et peut valoriser des laboratoires de recherche bien équipés et performants après les épidémies de MVE.

Les épidémies de maladies infectieuses émergentes se produisent avec une fréquence et des conséquences socioéconomiques croissantes qui sont difficilement assumées par les gouvernements africains. L'exemple de la COVID-19 le montre bien. De nombreux gouvernements africains ont mis en place des mesures pour empêcher la propagation de la pandémie, mais dans le même temps, les perturbations de l'approvisionnement et de la production nationale, combinées à la faiblesse de la demande extérieure, à la forte baisse des prix des produits de base, ainsi qu'à la désorganisation des secteurs de services clés tels que le tourisme, mettent en péril les emplois et les moyens de

subsistance des populations locales (ATIBT 2020a). La pandémie a également mis en évidence les faiblesses des économies et des systèmes de santé qui ne peuvent gérer de telles situations et qui dépendent des dons des pays riches pour le matériel de santé et la vaccination.

Concernant le secteur forestier, la pandémie de COVID-19 a impacté les conditions de travail et perturbé l'organisation et le bon déroulement de ses activités avec des répercussions considérables sur l'équilibre social, économique et environnemental : emplois, source de revenus, ressources en matières premières, etc. (ATIBT 2020b), mettant en péril la production et le commerce de produits forestiers essentiels et compromettant sérieusement les moyens de subsistance de la population locale.

L'intensification de l'émergence d'agents pathogènes infectieux a de nombreuses raisons sous-jacentes, toutes liées à l'impact anthropique croissant sur la nature dans un contexte d'injustices et d'inégalités sociales et environnementales qui progressent.

S'attaquer aux MIE dans les forêts d'Afrique centrale nécessite à la fois de mettre en place des traitements symptomatiques que sont la surveillance et le contrôle des pathogènes et maladies émergentes, mais aussi des traitements de fond qui permettront de limiter l'impact de l'humain sur les forêts et la perte de biodiversité. Ces deux approches sont nécessaires et essentielles et la crise de la COVID-19 nous a rappelé douloureusement notre besoin de modifier profondément notre façon de gérer la planète dans son ensemble.

Tableau 10.2 : Historique des épidémies humaines de la maladie à virus Ebola (MVE)

Pays	Dates	Lieux d'émergence	Virus	Source probable d'infection	Nb de cas humains recensés	Taux de mortalité
Premières épidémies						
RDC	1976	Yambuku	ZEBOV	Inconnue	318	88 %
Sud-Soudan	1976	Nzara	SUDV	Inconnue	284	53 %
		Maridi				
Épidémies en Afrique subsaharienne						
RDC	1977	Tandala	ZEBOV	Inconnue	1	100 %
	1995	Kikwit	ZEBOV	Inconnue	315	81 %
	2007	Province du Kasai	ZEBOV	Chauves-souris	264	71 %
RDC	2008-2009	Province du Kasai	ZEBOV	Inconnue	32	47 %
	2012	Isiro	BDBV	Inconnue	36*	36,1 %
	2014*	Plusieurs villages à proximité de la ville de Boende	ZEBOV	Singes	66	74 %
	2017	Likati	EBOV**		8	50 %

Suite à la page suivante

Pays	Dates	Lieux d'émergence	Virus	Source probable d'infection	Nb de cas humains recensés	Taux de mortalité
	2018	Bikoro, province de l'Équateur	ZEBOV	Inconnue	54	61 %
	2018-2020	Province du Nord Kivu	ZEBOV	Inconnue	3470	66 %
	2020	Mbandaka, province de l'Équateur	ZEBOV	Contamination interspèces depuis un animal sauvage inconnu et cas de transmission humaine - survivant l'épidémie de 2018 province de l'Équateur	130	55 %
	2021	Biena Health Zone, Province du Nord Kivu	ZEBOV	Transmission humaine - survivant	En cours	En cours
<i>Rép. du Congo</i>	2001-2002	District de Mbomo	ZEBOV	Grands singes ?	57	75 %
		District de Kelle				
	2002-2003	District de Mbomo	ZEBOV	Grands singes ?	143	89 %
		District de Kelle				
	2003	Village de Mbomo	ZEBOV	Grands singes ?	35	83 %
		Village de Mbandza				
<i>Gabon</i>	1994	Mékouka	ZEBOV	Chauves-souris ?	52	60 %
	1996-1997	Booué	ZEBOV	Grands singes	60	74 %
	2001-2002	Mékambo	ZEBOV	Grands singes	65	82 %
<i>Ouganda</i>	2000-2001	Gulu	SUDV		425	53 %
	2007-2008	Bundibugyo	BDBV		149	29 %
	2011	Nakisimata	SUDV		1	100 %
<i>Ouganda</i>	2012	Kibaale district	SUDV		11*	36,4 %
	2012-2013	Luwero district	SUDV		6*	50 %
<i>Sud-Soudan</i>	1979	Nzara	SUDV	Chauves-souris ?	34	65 %
	2004	Yambio	SUDV	Babouin	17	41 %
		Maridi				

Suite à la page suivante

Pays	Dates	Lieux d'émergence	Virus	Source probable d'infection	Nb de cas humains recensés	Taux de mortalité
<i>Côte d'Ivoire</i>	1994	Forêt de Taï	TAFV	Grands singes	1	0 %
<i>Guinée</i>	2021	Préfecture de N'Zérékoré	ZEBOV	Transmission humaine - survivant	En cours	En cours
Multipays	2014-2016		ZEBOV	Chauves-souris ?		
Sierra Leone		Tout le pays			14 124	28 %
Liberia		Tout le pays			10 678	45 %
Guinée		Tout le pays			3 814	66 %
Nigéria		Lagos			20	40 %
		Port Harcourt				
Sénégal		Dakar			1	0 %
Mali		Bamako			8	75 %
		Kayes				
Cas importés						
Afrique du Sud						
depuis le Gabon	1996	Johannesburg**	ZEBOV		2	50 %
Espagne						
depuis la Sierra Leone	2014	Madrid	ZEBOV		2	50 %
Italie						
Depuis la Sierra Leone	2014	Sassari	ZEBOV		1	0 %
Royaume-Uni		Laboratoire	SUDV		1	0 %
Depuis la Sierra Leone	2014	Glasgow	ZEBOV		1	0 %
États-Unis						
Depuis le Liberia	2014	Dallas***	ZEBOV		3	33 %
Depuis la Guinée	2014	New York	ZEBOV		1	0 %

D'après CDC : https://www.cdc.gov/vhf/ebola/history/chronology.html#anchor_1526565058132

* Cas confirmés par laboratoire

** Une transmission d'humain à humain à partir du cas index

*** Deux transmissions d'humain à humain à partir du cas index