



Affiche dans l'aéroport de Sofia, Bulgarie

ET...

La fièvre aphteuse en Mongolie en 2010: réponse de la FAO (page 18)

Le syndrome dysgénésique et respiratoire du porc: rebonds de virulence et circulation persistante en Chine et en Asie du Sud Est (page 30)

ATELIERS:

Prévention et contrôle des maladies animales transfrontières au Maghreb et en Egypte (page 38)

Atelier « Une seule santé » en Afrique australe (page 40)

RÉUNIONS:

La peste porcine africaine (page 42)

Systèmes d'information et de surveillance des principales maladies animales et zoonoses (page 43)

Influenza aviaire (page 44)

Actualités (page 46)

Contributions des Centres de référence de la FAO (page 49)

Dernière minute (page 51)

Les principales menaces de maladies animales en 2010: les leviers et les défis des différents types d'agents pathogènes

Les maladies animales infectieuses peuvent avoir un impact majeur sur la santé publique, les économies nationales et les moyens d'existence. L'émergence des maladies est déclenchée par plusieurs facteurs interdépendants qui doivent être pris en compte par les services vétérinaires afin d'assurer un meilleur contrôle des maladies en intégrant d'autres disciplines telles que l'économie et la sociologie. Cet article décrit les leviers et les défis des principales menaces de maladies animales signalées au cours de 2010 (page 2).

La mission conjointe de la FAO et de l'EUFMD en Turquie concernant les foyers de fièvre aphteuse en Bulgarie

L'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (OAA/FAO) et la Commission européenne de lutte contre la fièvre aphteuse (EUFMD) ont envoyé une équipe dans le District de Demirkoy de la province de Kırklareli en Turquie pour déterminer la source la plus probable de la maladie si celle-ci s'était propagée par les sangliers et le bétail. L'équipe a visité les villages proches des derniers foyers de fièvre aphteuse (FA) en Bulgarie afin de mener des interviews et fournir des conseils sur la surveillance (page 14).

L'IAHP H5N1 à travers le monde en 2010

Après avoir reculé progressivement pendant trois années, le virus de l'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) H5N1 a recommencé à se propager en atteignant de nouveaux territoires en 2010. Il est intéressant de noter qu'à la fin de 2010, le clade le plus souvent rencontré lors de l'expansion géographique du virus de l'IAHP H5N1 était le clade 2.3.2 (page 21).

Le mélange des espèces, comme dans cette ferme, peut élargir l'éventail des hôtes du virus de l'IAHP H5N1



© FAO/J. ANNELLI

Monde indemne de peste bovine:

La FAO et l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE) sont sur le point de déclarer l'éradication de la peste bovine de la surface de la planète (page 36).

Les principales menaces de maladies animales en 2010: les leviers et les défis des différents types d'agents pathogènes

Les maladies animales infectieuses peuvent avoir un impact majeur sur la santé publique (zoonoses), les économies nationales (maladies à fort impact), les moyens d'existence des ménages (maladies enzootiques) et, dans des cas très graves, la stabilité et la sécurité sociétales mondiales (pandémies et bioterrorisme). L'émergence des maladies est déclenchée par plusieurs facteurs interdépendants: la démographie humaine et animale, le changement climatique, l'accroissement de la mobilité et de la mondialisation, l'urbanisation, la dégradation des terres, la résistance aux médicaments et l'élevage intensif. La forte demande en protéines animales a entraîné une très nette augmentation de la production et du commerce de produits issus de l'élevage au cours des dernières décennies. Les changements qui en résultent au sein des environnements hôtes, et par conséquent dans la dynamique des agents pathogènes, peuvent conduire à des ajustements comme l'élargissement de leur portée géographique, leur transposition d'une espèce hôte à une autre et/ou des modifications de leur virulence. Le plus souvent, les agents pathogènes s'adaptent aux changements de disponibilité des hôtes sensibles en modifiant légèrement leur virulence. La virulence des maladies infectieuses des animaux et des humains est variable, et s'adapte ainsi aux fluctuations locales et saisonnières de la disponibilité des hôtes sensibles et au taux de contact qui en découle. Afin d'ajuster la manière dont ils exploitent leur hôte, les agents pathogènes des maladies émergentes disposent principalement des trois voies suivantes.

Les agents pathogènes disposent principalement de trois voies pour ajuster la manière dont ils exploitent leur hôte

Les agents pathogènes envahissent de nouveaux territoires

Ce scénario se produit quand un agent pathogène accède à de nouvelles zones et populations hôtes. Ces invasions sont généralement déclenchées par la mondialisation, le changement climatique et les changements dans l'utilisation des terres. L'invasion peut se propager en suivant le modèle d'une onde, en se déplaçant par bonds ou un mélange des deux. Les maladies à transmission vectorielle sont prédominantes dans ce groupe, tout comme les agents pathogènes qui sont d'origine alimentaire ou suffisamment résistants dans l'environnement pour être transportés par des vecteurs passifs dans des zones plus étendues. Les pathogènes envahisseurs peuvent s'adapter à de nouvelles espèces de vecteurs arthropodes et/ou différents types d'hôtes. Le plus souvent cependant, il n'y a pas de changement spectaculaire dans la gamme d'hôtes ou dans le processus d'infection d'un hôte en particulier, mais plutôt un changement modeste dans le modèle global de transmission. Parmi les invasions les plus importantes d'agents pathogènes dans de nouveaux emplacements ces dernières années on retrouve les incursions du virus du Nil occidental en Amérique du Nord, de la fièvre catarrhale du mouton dans les zones de climat tempéré en Europe, de la peste porcine africaine (PPA) dans le Caucase et en Europe de l'Est, de l'encéphalite japonaise en Asie du Sud et de la fièvre de la vallée du Rift (FVR) dans la péninsule arabique.

Les poussées de virulence des agents pathogènes

Ce phénomène est généralement associé à l'exploitation intensive des espèces hôtes qui est apparue au cours de la révolution verte dans le secteur de la culture vivrière. Suite à l'apparition de ravageurs plus agressifs dans les monocultures de plantes, l'utilisation de plus grandes quantités de pesticides a favorisé le développement d'espèces nuisibles et d'agents pathogènes résistants



aux pesticides. Ce phénomène a finalement été contrôlé par l'apparition des concepts de protection intégrée. On observe un développement parallèle dans la production animale, la révolution de l'élevage s'étant traduite par une augmentation nette du nombre d'animaux, notamment de volailles et de porcs, avec la création d'élevages intensifs où les animaux sont gardés en contention. Les unités d'élevages contenant des dizaines de milliers d'animaux - dont la plupart sont du même âge et du même sexe, pratiquement des clones d'un point de vue génétique et souvent immuno-déprimés - favorisent la propagation d'agents pathogènes capables d'avoir des poussées de virulence, de devenir plus agressifs et de se transmettre plus rapidement que les autres agents pathogènes en compétition. Dans les situations où les systèmes agricoles traditionnels et industriels coïncident et partagent les mêmes canaux de distribution et de commercialisation, les agents pathogènes virulents peuvent se propager dans tous les différents types de production. L'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) sert d'exemple pour ce phénomène dans le secteur de la volaille. On observe d'autres situations similaires dans le secteur de la volaille comme le virus hyper-virulent de la maladie de Gumboro ou bursite infectieuse aviaire, le virus vélogène de la maladie de Newcastle et les virus de la bronchite infectieuse; chez les porcs, on peut citer les virus causant le syndrome dysgénésique et respiratoire du porc (SDRP) (voir article p. 30). Avec l'avancée de la révolution de l'élevage du nord vers le sud et la participation des économies émergentes, les conditions sont réunies pour que d'autres pathogènes hyper-virulents évoluent et créent de graves problèmes dans les systèmes de production animale. L'apparition de bactéries résistantes aux antimicrobiens peut également être classée dans la catégorie des agents pathogènes avec des poussées de virulence. La multirésistance aux médicaments est en augmentation en raison de l'utilisation erronée et à grande échelle des antibiotiques et des médicaments pour des traitements médicaux et comme facteurs de croissance. Bien que les résistances aux médicaments évoluent en général séparément chez les animaux et les êtres humains, les gènes bactériens pharmacorésistants peuvent traverser la barrière d'espèce, en permettant ainsi aux agents pathogènes pharmacorésistants de passer des espèces animales domestiques aux êtres humains.

Agents pathogènes passant d'une espèce hôte à une autre

Les changements de composition de la communauté d'hôtes et/ou du taux de contact entre les hôtes favorisent le développement d'agents pathogènes capables de sauter d'une espèce à l'autre.

Beaucoup de maladies humaines actuelles proviennent d'animaux domestiqués par l'homme au début de la révolution agricole il y a environ 10 000 ans. Un événement semblable a commencé durant la seconde moitié du XX^e siècle, avec la révolution de l'élevage toujours en cours. L'augmentation du taux de contact entre les humains et les animaux et l'exposition de l'homme aux agents pathogènes résultent également de la consommation de viande de brousse et de la vente d'animaux exotiques sur les marchés de produits frais, tandis que les activités récréatives et touristiques favorisent le contact des humains avec des agents pathogènes circulant dans les réserves forestières et le gibier. Le virus de l'immunodéficience humaine (VIH) est apparu chez l'homme suite à l'augmentation de la consommation de viande de chimpanzé et d'autres viandes de brousse. Le coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS) s'est adapté à l'hôte humain par le biais des contacts entre la population et les civettes en vente pour la consommation sur les marchés traditionnels. Les virus de la grippe A abondants chez les oiseaux d'eau sauvages ont réussi à contaminer les systèmes de production porcine et avicole, en se propageant de l'animal vers l'homme ou en se trans-

Capture d'une chauve-souris prise au piège dans un filet placé dans la forêt de Yoko, République démocratique du Congo



© FAO/GIULIO NAPOLITANO

mettant d'une espèce à une autre. Parmi les 4 600 espèces environ de mammifères sur la planète, 43 pour cent sont des rongeurs et 24 pour cent sont des espèces de chauves-souris. Les zoonoses émergentes transmises par les rongeurs comprennent les hantavirus, les arénavirus, la peste, la maladie de Lyme, la fièvre fluviale du Japon et un certain nombre de rickettsioses. Les chauves-souris peuvent héberger des virus semblable au SRAS, les virus Hendra et Nipah, le lyssavirus (rage), le virus Ebola et d'autres virus à acide ribonucléique (ARN) moins bien caractérisés. Une gestion responsable de la santé publique doit tenir compte de la santé de la faune sauvage et de l'écosystème naturel. Les interfaces entre la faune sauvage et le bétail et entre les aliments d'origine animale et les humains reçoivent par conséquent une attention croissante.

Une nouvelle approche est nécessaire pour la prévention et le contrôle des maladies

L'approche « Une seule santé » répond aux menaces et réduit les risques de maladie infectieuse grâce à une méthode collaborative, internationale, intersectorielle et multidisciplinaire

Les approches actuelles de prévention et de contrôle des maladies animales sont fondées sur la rupture de la transmission de la maladie (par l'abattage systématique, la vaccination, la quarantaine et d'autres mesures sanitaires vétérinaires). Bien que ces approches aient prouvé leur efficacité dans des programmes de contrôle des maladies à court terme et à long terme, telles que les réponses nationales aux foyers de fièvre aphteuse (FA) et l'éradication mondiale de la peste bovine, elles se sont montrées moins efficaces dans certains cas, comme le montre la persistance actuelle de l'IAHP H5N1, en dépit d'importants efforts nationaux et internationaux. Cela s'explique par le fait que les approches actuelles reposent principalement sur la médecine vétérinaire et d'autres disciplines médicales sans tenir compte des autres domaines tels que l'économie, la sociologie, l'anthropologie, la communication et la gestion de l'écologie et des terres. Ces approches directes vétérinaires ne traitent pas les causes profondes de l'émergence des maladies au niveau des interfaces animal-humain-environnement. Au-delà des fonctions de surveillance épidémiologique et de laboratoire, les services vétérinaires doivent maintenant développer une approche agro-écologique afin de lutter plus efficacement contre les maladies. Ils doivent pour cela se concentrer sur l'identification des facteurs favorisant l'apparition de foyers infectieux, décrire le comportement des maladies en fonction de la disponibilité des hôtes et de la dynamique des paysages agricoles, et enquêter sur le rôle des écosystèmes et de la faune sauvage comme sources d'agents pathogènes infectant les animaux domestiques et les humains. La communauté internationale se dirige de plus en plus vers une approche multidisciplinaire et multisectorielle pour répondre aux menaces de maladies de plus en plus importantes. Cette approche, appelée «Une seule santé», souligne la méthode multidisciplinaire, intersectorielle, internationale et collaborative pour lutter contre les menaces croissantes de maladies et réduire les risques de maladies infectieuses au niveau des interfaces animal - être humain - écosystèmes, en y incluant notamment la composante faune sauvage.

Situation mondiale des maladies animales

Les sections suivantes décrivent les principales menaces de maladies animales signalées en 2010, par région géographique.

■ Afrique

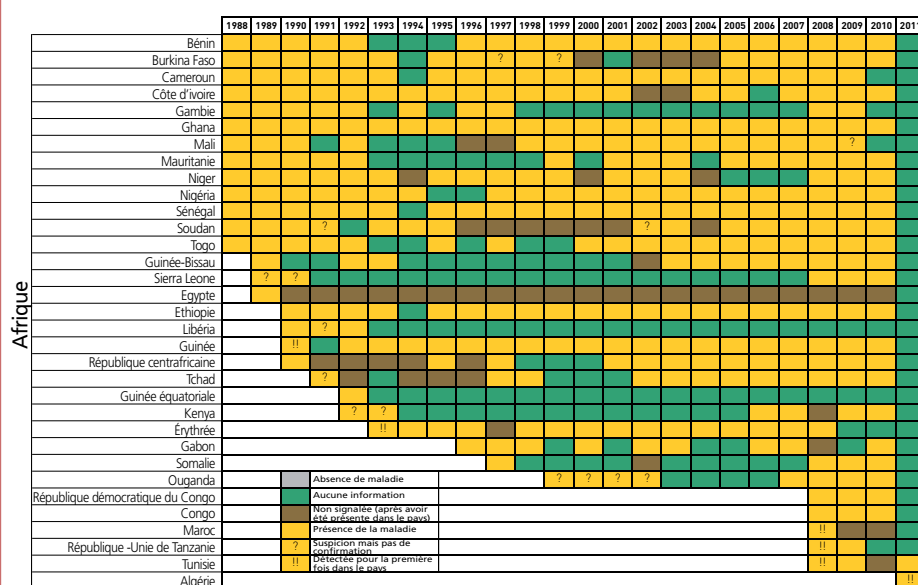
Les zoonoses émergentes causées par des virus circulant chez les primates non-humains, les chauves-souris et les rongeurs en Afrique sub-saharienne sont de plus en plus préoccupantes dans la région, notamment en raison de leur potentiel pandémique. L'importance accordée à l'interface faune-bétail augmente également, car les agents pathogènes qui circulaient chez le grand gibier se sont propagés



chez les ruminants domestiques, dont le nombre a généralement augmenté depuis le XXe siècle. Ce phénomène a des implications pour la santé humaine et animale, et pour le développement rural en général. La trypanosomose africaine et l'impact de l'infestation des élevages par *Trypanosoma brucei rhodesiense* en sont un parfait exemple. L'agent pathogène dépendait auparavant du cycle mouche tsé-tsé - faune sauvage - humain. Il peut maintenant se développer à travers le cycle mouche tsé-tsé - bétail - humain qui augmente par conséquent considérablement l'exposition des humains et l'incidence de la maladie. Les interactions entre le bétail domestique et la faune sauvage sont également importantes dans l'épidémiologie de certaines maladies animales, comme la FA.

La peste des petits ruminants (PPR) en Afrique est traditionnellement présente dans les pays subsahariens situés entre l'océan Atlantique et la mer Rouge. La maladie a été signalée dans presque tous les pays de cette région. Ces dernières années, la PPR s'est propagée rapidement au-delà de ses frontières traditionnelles et représente désormais une menace majeure en Afrique du Nord et australe et en Europe. En se propageant vers le sud, la PPR est déjà devenue endémique au cours de ces dernières années, d'abord au Kenya puis en République-Unie de Tanzanie, parfois sans que sa présence ne soit manifeste. En 2008/2009, une incursion de PPR au Maroc a été maîtrisée avec succès grâce à la vaccination de couverture rigoureuse de l'ensemble du troupeau national de petits ruminants, en suggérant ainsi que le contrôle de la PPR présente une cible technique viable. Suite à ces incursions en Afrique du Nord, des animaux séropositifs à la PPR ont été découverts en Algérie au début de 2011. Le commerce, le transport, le tourisme et la migration des animaux sensibles à la PPR peuvent tous contribuer à la propagation de la maladie. Des questions de base sur l'épidémiologie de la maladie restent sans réponse telles que la raison pour laquelle le virus semble tout à coup envahir et se propager dans les régions indemnes de PPR, et parfois de façon apparemment infraclinique.

Figure 1: Répartition historique et propagation de la PPR



Source: Adapté de Sanz-Alvarez et al, 2008; Registre de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (OAA/FAO); Données sur la santé animale de l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE), de 1988 à 1995; Base de données mondiale sur la santé animale de l'OIE, 2005 à 2011.

Il n'y a pas à ce jour d'explication pour la variation de la virulence du virus qui lui permet de passer d'un état virulent à un état non-virulent et vice et versa. Les rôles exacts de la faune, du bétail et des chameaux dans l'épidémiologie de la PPR restent également inconnus. Quelques troupeaux de bovins montrent des taux élevés de séroconversion mais aucun signe clinique, et l'incertitude demeure quant à savoir s'ils constituent une impasse pour le virus ou s'ils se sont déjà débarrassés du virus. Le virus de la PPR est étroitement lié à la peste bovine aujourd'hui éradiquée. Ces deux maladies partagent les mêmes signes cliniques et leur répartition géographique était identique. Pour cette raison, la surveillance clinique confond souvent les deux maladies, dans la mesure où la distribution mondiale de la PPR n'est pas claire. Le dernier foyer de peste bovine a été signalé en 2001 et le monde est au seuil de l'éradication de cette maladie. Dans une certaine mesure, la PPR est devenue plus évidente en l'absence de peste bovine, avec laquelle elle peut souvent avoir été confondue chez les ovins et les caprins. Après l'énorme succès mondial du Programme mondial d'éradication de la peste bovine (GREP), la communauté internationale devrait choisir de lutter contre/éradiquer la PPR. Une telle initiative pourrait s'appuyer sur les infrastructures, les leçons apprises et l'élan créé par le GREP.

La FVR est unique car
son émergence est
étroitement liée aux
événements climatiques

La fièvre de la vallée du Rift (FVR) est unique en son genre car son émergence est étroitement liée aux événements climatiques. Cette particularité permet d'utiliser des modèles de prévision qui combinent des mesures en temps quasi réel des températures de la surface de la mer, des précipitations et de la couverture végétale afin de prévoir quand et où un foyer pourrait éclore. Cependant, certains événements restent imprévus, tels que le foyer récent dans le nord de la Mauritanie qui a touché des chameaux, des petits ruminants et des humains. De septembre à octobre 2010, des précipitations sans précédent ont créé de grands étangs d'eau dans les oasis de la région subsaharienne de l'Adrar au nord de la Mauritanie. Ces étangs ont été rapidement colonisés par de fortes densités de plusieurs espèces de moustiques, y compris les vecteurs pour les principaux arbovirus. Quelques semaines après les pluies, d'importants foyers de paludisme et de FVR sont apparus dans ces zones. Soixante-trois cas humains de FVR, dont 13 décès, ont été officiellement rapportés à la fin de décembre 2010. La FVR a également causé de graves vagues d'avortement chez les petits ruminants et des taux élevés de mortalité chez les chameaux. Selon l'hypothèse actuelle, le virus a probablement été rapidement introduit par l'intermédiaire d'animaux virémiques en provenance de régions endémiques de la FVR, qui ont été transportés par camion afin de profiter des pâturages.

Le fait que les populations de ruminants d'Afrique orientale et australe ne soient plus déconnectées sert d'exemple pour montrer que l'évolution des pratiques agricoles influence la répartition des maladies. D'importantes voies de propagation des maladies touchant essentiellement les ruminants se sont ouvertes, suite à la circulation des personnes et de leurs troupeaux à partir de zones avec une pression foncière élevée, comme le bassin du lac Victoria, vers les hauts plateaux agricoles productifs du sud, en traversant les zones inhabitables infestées de mouches tsé-tsé qui formaient auparavant une barrière pour le bétail et par conséquent pour la propagation de la maladie. La tribu Sukuma, le plus grand groupe ethnique en République-Unie de Tanzanie, avec une population estimée à 5,5 millions de personnes (16 pour cent du total du pays), vivait traditionnellement sur les rives sud du lac Victoria au nord-ouest du pays, mais les familles Sukuma et leur bétail ont maintenant migré vers le sud dans la région du Lac Rukwa. Ceci peut expliquer la propagation récente de la PPR vers le sud de la République-Unie de Tanzanie et de la FA de type O au niveau de la frontière avec la Zambie. La péripneumonie contagieuse des bovins (PPCB) et la PPA se sont également propagées vers le nord, encore une fois en raison du commerce et des échanges de bétail le long de ces voies de circulation.



Figure 2: Migrations de la tribu Sukuma en République-Unie de Tanzanie



Source: FAO.

■ Asie de l'Est et du Sud-Est

L'Asie de l'Est et du Sud-Est est le cadre géographique d'un nombre relativement élevé de maladies animales transfrontières (TAD) chez les ruminants, la volaille et les porcs. Les processus démographiques, notamment la forte croissance économique et la demande croissante en produits d'origine animale sont à l'origine de l'intensification rapide de l'élevage, en particulier de volailles et de porcs, dans un paysage agricole où les systèmes traditionnels continuent de jouer un rôle majeur dans la production alimentaire pour la population rurale. La combinaison des petits élevages traditionnels et des unités de production intensive engendre une vulnérabilité accrue aux épidémies de maladies du bétail en Asie de l'Est, et représente un risque pour la durabilité de l'agriculture, la protection de l'environnement et la santé publique. Les couloirs géographiques et commerciaux reliant les différentes sous-populations d'élevage posent des défis épidémiologiques de plus en plus importants, et expliquent comment des maladies hautement virulentes telles que le SDRP, la FA et la peste porcine classique (PPC) se sont propagées en Asie de l'Est.

L'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) H5N1 illustre peut-être le mieux la complexité des facteurs impliqués dans la propagation locale, nationale, régionale et même mondiale d'un nouvel agent pathogène dans le monde animal. Le cas de l'IAHP H5N1 sert d'exemple pour montrer ce qui arrive quand un nouveau virus pénètre dans une nouvelle population hôte (poulets), à partir de laquelle il peut être transmis à d'autres espèces (infections humaines, illustrant la façon dont la virulence d'un agent peut varier), et ce qui arrive quand un nouveau virus peut se propager à travers de très grandes distances et toucher de nouvelles populations sensibles.

L'IAHP H5N1 persiste dans les zones associant la riziculture à l'élevage de canard. Elle provoque l'apparition de foyers infectieux dans les élevages de volailles industriels ou traditionnels et infecte les humains dans les marchés d'oiseaux vivants. De plus, elle peut se propager sur des courtes et longues distances par l'intermédiaire des oiseaux sauvages et du commerce de la volaille. Au cours de la récente lutte contre l'IAHP, il est devenu clair que la gestion des maladies animales devait être considérée dans le contexte plus large du développement agricole et rural durable, de la gestion des ressources naturelles et du développement socio-économique. L'Asie de l'Est offre



© FAO/HANS WAGNER

Canards transportés sur une moto dans le marché de Hanoi, Viet Nam

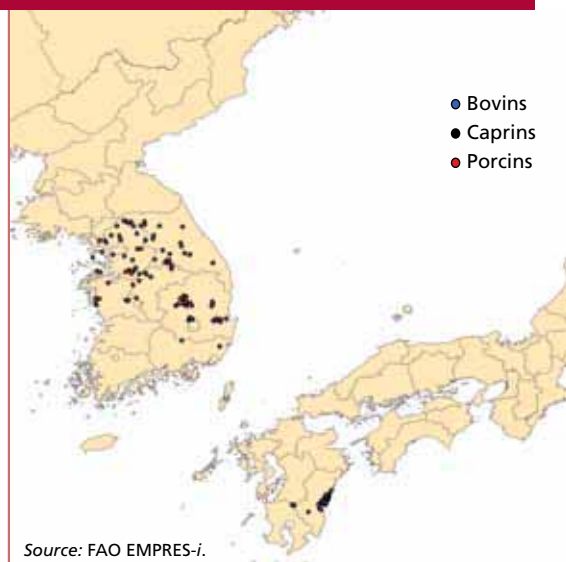
un terrain favorable pour le mélange des virus de la grippe A de la volaille, du porc et de l'Homme. Ces virus constituent un pool génétique en expansion de différents sous-types, clades et lignées circulant dans les réservoirs d'hôtes aviaires, porcins et humains. L'Asie de l'Est doit donc faire face à un risque grave d'émergence de nouveaux virus transmissibles hautement pathogènes issus de recombinaisons génétiques. La maîtrise progressive de la grippe aviaire en Asie de l'Est et ailleurs continue de poser un formidable défi. Le virus de l'IAHP H5N1 représente également une menace pour le reste du monde en dehors de l'Asie de l'Est et du Sud Est, comme en témoignent les situations endémiques en Egypte et au Bangladesh, et les incursions dans le sud de l'Asie et les pays d'Europe de l'Est.

La fièvre aphteuse (FA) est considérée comme endémique dans la plupart des pays continentaux de l'Asie de l'Est et du Sud-Est, mais la circulation des virus a augmenté en 2010. Les facteurs favorisant la propagation plus importante du virus de la FA (VFA) dans la région ne sont pas clairs, ils peuvent porter sur le virus ou être davantage liés à l'activité humaine telle que le commerce ou la contrebande. Depuis le début de l'année 2010, des foyers confirmés de FA ont été signalés dans sept pays d'Asie de l'Est. Les sérotypes O et A de la FA ont été identifiés dans ces foyers mais le sérotype O prédominait: Province chinoise de Taiwan (VFA O en février 2010), Chine (VFA A en janvier 2010, et VFA O en février et mars 2010), Région administrative spéciale (RAS) de Hong Kong en Chine (VFA O en mars 2010), Japon (VFA O en avril 2010, le premier foyer depuis 2000), Mongolie (VFA O en mai 2010), République de Corée (VFA A dans un janvier 2010, VFA O en mars 2010, et VFA O en novembre 2010, les premiers foyers depuis 2002), Viet Nam et République populaire démocratique de Corée (VFA O en décembre 2010, le premier foyer depuis 2002). L'apparition de ces foyers laisse penser que les virus se déplacent de manière continue en Asie à travers les frontières internationales, et met en évidence la menace persistante posée par la FA en tant que MAT dans la région. Les déplacements du bétail (à la fois formels et informels) jouent un rôle important dans l'épidémiologie de la FA dans le monde entier et dans la partie continentale de l'Asie de l'Est et du Sud-Est. Le commerce du bétail dans cette région est dynamique et peut montrer d'importantes variations saisonnières, mais il dépend principalement de la demande en viande et des écarts de prix qui en découlent pour le bétail et les produits d'origine animale. L'incursion de la FA en République de Corée et au Japon fut particulièrement préoccupante, car les importations d'animaux dans ces pays doivent suivre des réglementations strictes en matière de contrôle sanitaire. Les deux pays continuent d'enquêter sur la voie d'introduction (éventuellement par le biais objets contaminés) et réexaminent leurs procédures de gestion des risques. L'apparition de la FA en Mongolie, où des populations de ruminants et de gazelles mongoles ont été touchées, suggère également une propagation régionale, le plus souvent par des mouvements du bétail. La situation en Mongolie met également en évidence une dimension supplémentaire de la maladie: les animaux sauvages sensibles et leur rôle épidémiologique encore mal connu. (Voir l'article page 18 pour plus d'informations sur la FA en Mongolie.). Le renforcement de la coordination et le partage des données sur la surveillance de la FA dans les pays compris dans les différentes zones agro-écologiques en Asie sont requis d'urgence afin d'identifier les voies de transmission transfrontières et garantir que les vaccins appropriés soient disponibles pour se protéger contre la maladie (Sumption et al., 2010).

Syndrome dysgénésique et respiratoire porcin (SDRP): À partir de 2006, le secteur porcin de la Chine, du Viet Nam, des Philippines et de la Thaïlande a été continuellement frappé par



Figure 3: Foyers de FA de type O, par espèce, en Asie orientale depuis janvier 2010



des souches hautement virulentes et atypiques du virus du SDRP. En 2010, la maladie a affecté d'autres pays d'Asie du Sud-Est, y compris la République démocratique populaire lao et le Cambodge, en provoquant une vague épidémique plus importante que prévue en Thaïlande. Ces évolutions sont décrites plus en détail dans l'article sur ce sujet page 30.

Autres agents pathogènes: Cette région a également vu un certain nombre de virus émerger et sauter d'espèces en espèces, avec des conséquences graves pour la santé animale et humaine. En général, ces foyers étaient liés à des virus traversant l'interface entre la faune sauvage (en particulier les chauves-souris) et le bétail et/ou les humains. Les exemples les plus connus sont les virus du SRAS, Hendra et Nipah et, plus récemment, le virus Ebola Reston. Compte tenu de la structure du secteur de l'élevage et des incursions de plus en plus importantes des humains dans les habitats de la faune sauvage, de nouveaux agents pathogènes supplémentaires pourraient apparaître.

■ Asie du Sud

L'Asie du Sud fait face à des défis particuliers en raison de la grande population de petits et grands ruminants, de la forte dépendance de la population humaine au lait et à la viande comme source de nourriture, du commerce qui a lieu dans la région et de la présence de maladies animales importantes. L'Inde a la plus grande population de ruminants et la deuxième production laitière du monde. Les pertes dues aux maladies infectieuses des ruminants sont d'une telle ampleur que le contrôle progressif représente un objectif économique viable, à condition que les activités soient coordonnées avec les pays voisins. De nombreux autres défis demeurent également. Avec la croissance rapide des agglomérations urbaines et les mesures d'assainissement insuffisantes, l'Inde est confrontée à d'importants défis en matière de santé publique vétérinaire, y compris la rage et une forte prévalence de maladies d'origine alimentaire et hydrique. L'IAHP est une menace importante dans la région, ainsi que les zoonoses émergentes qui se sont propagées en Asie du Sud en 2010 telles que le virus de l'encéphalite japonaise (VEJ) et le virus du Chikungunya. L'Inde, le Bhoutan, le Népal, le Pakistan

et le Bangladesh ont des frontières très poreuses qui facilitent les nombreux échanges de produits de base, y compris d'animaux vivants. Les agents pathogènes du bétail sont également échangés dans ce processus commercial. Le contrôle progressif des MAT comme la FA et la PPR à l'échelle régionale dans le sous-continent indien est attendu depuis longtemps étant donné le grand nombre de petits producteurs dont les revenus sont issus des activités d'élevage. L'Inde a demandé à la FAO de contribuer à ce contrôle en facilitant la mise en œuvre d'une approche cohérente.

L'anthrax est une zoonose quelque peu négligée

L'anthrax est une zoonose quelque peu négligée. Des outils de contrôle sont disponibles, mais l'anthrax représente un défi en raison de la longévité des spores dans le sol dans les zones endémiques. En 2010, la FAO a répondu à une demande du Gouvernement du Bangladesh pour examiner un foyer d'anthrax dans des élevages de ruminants qui a conduit à des infections humaines. À partir de la mi-août 2010, le Bangladesh a signalé en quelques semaines plus de 500 cas d'humains atteints de la forme cutanée de l'anthrax, dans 11 des 64 districts du pays. L'infection provenait dans la plupart des cas de bovins infectés qui avaient été abattus, transformés et vendus sans avoir bénéficié d'une inspection sanitaire vétérinaire au préalable. L'anthrax est endémique au Bangladesh et des foyers sont signalés chaque année dans des élevages. Un foyer important a affecté à la fois des animaux et des humains en 2009. Le service vétérinaire public du Bangladesh connaît de plus en plus de difficultés à faire face à une liste croissante de maladies du bétail et de zoonoses avec un fort impact. L'IAHP H5N1 est endémique et le pays est confronté à des foyers récurrents de FA, de PPR, de brucellose et de septicémie hémorragique.

Autres agents pathogènes: En 2010, au Pakistan, la FAO s'est principalement concentrée sur l'impact des inondations sur les moyens d'existence ruraux. En liaison avec ces activités, le Centre de gestion des crises - Santé animale (CMC-AH) a dépêché une mission pour élaborer une stratégie de lutte contre la FA. Les souches du virus de la FA découvertes au Pakistan ressemblent beaucoup aux virus rencontrés en Asie centrale et au Proche-Orient, et sont différentes de celles qui circulent en Inde. Au moment des inondations, le Pakistan a également connu des épisodes inhabituels de fièvre hémorragique de Crimée-Congo (FHCC) et a demandé à l'Organisation mondiale de la santé (OMS) et à la FAO d'enquêter sur l'apparition de cette maladie. Le virus de la FHCC est un arbovirus transmis par les tiques qui peut se propager dans les zones où il y a un mouvement inhabituel de personnes et d'animaux.

■ Amérique latine

En Amérique latine, bien que la maîtrise progressive de la FA semble devenir un objectif viable, les grands défis internationaux en matière de santé animale demeurent, et certains ne sont pas encore suffisamment pris en compte. Il s'agit notamment de la recrudescence de la rage principalement transmise par les chauves-souris dans de nombreux pays, la hausse de la cysticerose porcine dans les zones rurales d'Amérique centrale et du Sud, les myiases causées par la lucilie bouchère, la stomatite vésiculeuse, l'encéphalite équine (est et ouest du Venezuela) et les foyers de virus transmis par les moustiques comme la fièvre catarrhale du mouton et le virus du Nil occidental. La plus grande susceptibilité aux incursions de maladies vectorielles transmises par les insectes est un phénomène mondial, déclenché par la plus grande mobilité des personnes, l'augmentation du commerce et du trafic, le changement climatique et les modifications dans le mode d'utilisation des terres. Le contrôle des maladies à transmission vectorielle nécessite la contribution de spécialistes dans différentes disciplines, y compris des météorologues, des épidémiologistes, des biologistes et des écologistes, ainsi



que la participation des communautés locales. Les tendances du réchauffement climatique prévues par le Groupe d'experts intergouvernemental sur l'évolution du climat (GIEC) de 2007 pour l'Amérique du Sud sont susceptibles de changer la répartition temporelle et géographique des maladies infectieuses, y compris les maladies vectorielles. Les changements dans la distribution des maladies seront partiellement modulés par les phénomènes d'oscillation australe El Niño, qui deviendront plus fréquents et conduiront à davantage d'épisodes de sécheresse et d'inondations (Pinto et al., 2008).

La fièvre du Nil occidental est une zoonose à transmission vectorielle qui a été détectée pour la première fois dans le monde occidental à New York en 1999, et s'est ensuite propagée à travers les États-Unis d'Amérique jusqu'en Amérique centrale et dans certaines parties d'Amérique du Sud; la maladie continue de se propager. Le statut de cette maladie demeure incertain dans certains pays d'Amérique du Sud, car les systèmes de surveillance des maladies animales et des vecteurs sont déficients dans la plupart de ces pays. Les oiseaux sauvages sont connus pour être des réservoirs, servir d'hôtes amplificateurs et transmettre le virus lors de leur migration. La migration des oiseaux est en partie dictée par les facteurs climatiques saisonniers, par conséquent tout changement dans les conditions climatiques peut modifier la direction et l'intensité de la propagation des maladies (Pinto et al., 2008).

Le teschovirus porcin (TVP): Depuis février 2009, les services vétérinaires haïtiens ont été confrontés à des cas d'encéphalomyélite à TVP, une maladie porcine mortelle observée dans les petites exploitations porcines qui s'est propagée progressivement dans le pays. L'infection par le sérotype 1 du TVP se traduit par une maladie aiguë qui affecte les porcs de tout âge et se caractérise par des signes cliniques neurologiques et des décès. La circulation et la propagation virales sont facilitées par les déplacements de porcs infectés et de vecteurs contaminés, tels que les véhicules de transport, la nourriture ou des personnes. Les petits élevages porcins jouent un rôle important en Haïti, notamment pour l'alimentation et la sécurité du revenu et des moyens d'existence des couches les plus vulnérables de la population. Les porcs domestiques qui circulent librement à la recherche de leur nourriture sont associés aux problèmes relatifs à l'élimination des déchets et à l'assainissement, par conséquent la lutte contre les maladies porcines et leur prévention fait partie d'une équation de développement plus large nécessitant une approche cohérente. La présence de PTV hautement transmissible affecte également les efforts de contrôle des autres maladies, et la campagne de vaccination contre la PPC a dû être reportée pour éviter la propagation du TVP par les équipes de vaccination (Pinto et al., 2010). Aujourd'hui, les circovirus et le virus du SRRP co-circulent également avec le PTV dans les populations porcines en Haïti, en alourdissant ainsi la charge de morbidité; la PPC et PPA avaient déjà entraîné des pertes sévères dans le passé.

Porcs élevés dans une arrière-cour en Haïti



© FAO/ PHILIPPE ANKERS

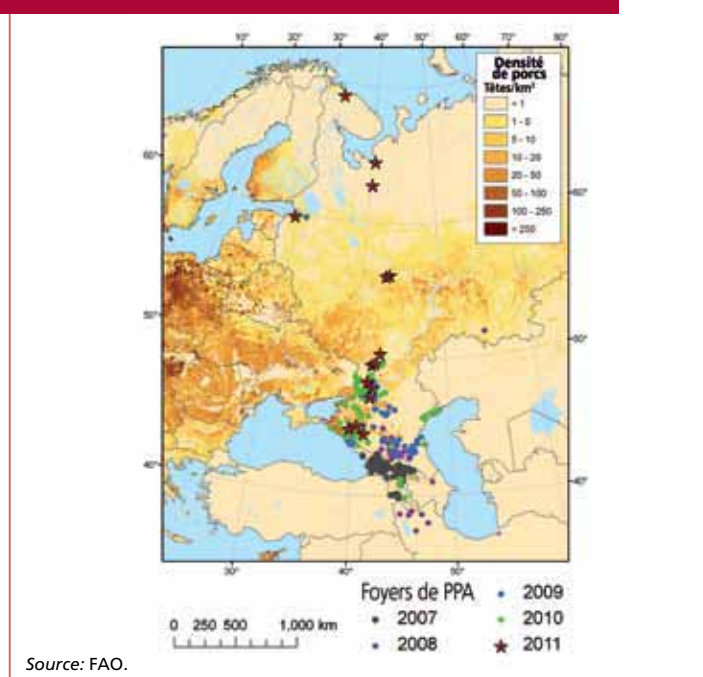
■ Europe de l'Est

La peste porcine africaine (PPA) est entrée en Géorgie en 2007, en arrivant vraisemblablement par le port côtier de Poti en mer Noire avec une cargaison provenant d'Afrique du Sud-Est. Cela représente un grand bond géographique pour un virus dont le réservoir est la faune sauvage et pour lequel l'infection des porcs domestiques représente un saut de la barrière d'espèce. Comme on l'observe souvent chez les virus contaminant les animaux, la mutation de ce virus est probablement le fruit d'une certaine forme d'activité illégale, dans ce cas l'alimentation des porcs par les eaux grasses des déchets des navires sans aucun traitement thermique au préalable. Les services

vétérinaires de la Géorgie étant mal préparés, la PPA s'est propagée librement, en affectant principalement les porcs des petites exploitations le long des principales routes commerciales, et a atteint l'Arménie, l'Azerbaïdjan et la République islamique d'Iran (sanglier). À la fin de 2007, la PPA avait atteint la Fédération de Russie et continuait à se disséminer de manière incontrôlée, en arrivant juste à quelques kilomètres de la frontière avec l'Ukraine. La maladie circule également dans les régions où la guerre civile et l'action militaire compliquent son confinement. Sa propagation est principalement liée à la circulation de produits d'origine porcine infectés, dans lesquels le virus peut résister pendant de longues périodes.

La maladie a fait un bond de plusieurs milliers de kilomètres de distance à maintes reprises, avec des introductions répétées dans l'Oblast de Leningrad (près des frontières estoniennes et finlandaises), l'Oblast d'Orenbourg (près du nord du Kazakhstan), l'Oblast de Nijni-Novgorod et plus récemment dans la Région de Mourmansk (nord du cercle polaire arctique) et l'Oblast d'Arkhangelsk. La plupart de ces sauts étaient liés à des installations militaires, en suggérant ainsi que les chaînes d'approvisionnement alimentaire militaires jouent un rôle important dans la propagation de la maladie en Fédération de Russie. Le rôle épidémiologique exact des sangliers, qui ont été largement touchés, et la présence de tiques molles *Ornithodoros* dans la région devront être soigneusement examinés lors de la conception des plans de prévention et de contrôle de la PPA. L'assistance de la FAO a commencé en 2007, et s'est concentrée sur les options disponibles non seulement pour enrayer la propagation progressive de la maladie, mais aussi pour lutter contre l'amplification du virus à la source. Les grandes perspectives pour la prévention et le contrôle efficaces de la maladie sont le renforcement de la première ligne de défense au niveau du village, grâce à l'engagement des éleveurs de porcs, des vétérinaires privés, des chasseurs de sangliers, des bouchers, des marchands d'animaux et d'autres acteurs intermédiaires. En présence de services vétérinaires officiels affaiblis,

Figure 4: Propagation de la PPA dans le Caucase et en Fédération de Russie, 2007 à septembre 2010





la responsabilisation de ces parties prenantes à suivre des mesures de prévention et de lutte contre la maladie peut être la seule solution viable à court et moyen terme. Encore une fois, la complexité de la situation démontre que le contrôle et la prévention des maladies ne peuvent pas être considérés isolément, mais doivent faire partie d'un programme agricole et de développement rural plus large et durable (Beltrán-Alcrudo, Khomenko et Dietze, 2010).

Autres agents pathogènes: La recrudescence de la PPA dans le Caucase et en Europe de l'Est n'est qu'un des nombreux défis posés par les maladies animales dans cette région. Les pays de l'ex-Union soviétique se caractérisent par l'effondrement ou du moins l'affaiblissement de leurs services vétérinaires, ainsi que par le changement des systèmes de commandement verticaux vers des sous-structures nationales de gestion des maladies moins efficaces. Dans le même temps, on observe un exode des jeunes, en particulier vers les villes. L'abandon des terres provoque la repousse des sous-bois, favorables à la prolifération des rongeurs et d'autres espèces de faune sauvage, qui à leur tour attirent les carnivores sauvages et par conséquent les agents pathogènes associés aux cycles des carnivores et des rongeurs sauvages. Les dynamiques des maladies réagissent aux changements de l'utilisation des terres, des politiques agricoles et de l'accès aux services publics. La rage se déclare progressivement dans de nombreux pays de l'ex-Union soviétique et les renards roux jouent un rôle clé dans sa propagation. Les maladies qui émergent à l'interface animal - humain - environnement incluent également l'encéphalite à tiques, le virus Hanta, la FHCC, la maladie de Lyme et l'échinococcose alvéolaire, en plus des maladies animales transfrontières existantes: la brucellose, la fièvre charbonneuse, la PPC, la FA, la grippe aviaire et la variole ovine et caprine. Des activités de contrôle progressives doivent être poursuivies pour la FA et la brucellose sous la forme de feuilles de route régionales.

Références

- Beltrán-Alcrudo, D., Khomenko, S. & Dietze, K. 2010. La FAO se penche sur la menace représentée par l'introduction de la peste porcine africaine en Europe de l'Est. *EMPRES Bulletin des maladies animales transfrontières*, 36: 2–17. <http://www.fao.org/docrep/013/i1958f/i1958f00.pdf>.
- FAO. 2011. *Porcine reproductive and respiratory syndrome (PRRS): virulence jumps and persistent circulation in South East Asia*, by K. Dietze, J. Pinto, S. Wainwright and C. Hamilton. Focus on..., No. 5. Rome. 8 pp. www.fao.org/docrep/013/al849e/al849e00.pdf.
- Pinto, J., Bonacic, C., Hamilton-West, C., Romero, J. & Lubroth, J. 2008. Climate change and animal diseases in South America. *Rev. Sci. Tech.*, 27(2): 599–613.
- Pinto, J., Ankers, P., Werthmann, C. & Hamilton, C. 2010. Encéphalomyélite porcine à Teschovirus. *EMPRES Bulletin des maladies animales transfrontières*, 36: 18–22. <http://www.fao.org/docrep/013/i1958f/i1958f00.pdf>.
- Sanz-Alvarez, J., Diallo, A., De La Rocque, S., Pinto, J., Thevenet, S. & Lubroth, J. 2008. Peste des petits ruminants (PPR) in Morocco. *EMPRES Watch*. <ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/011/aj120e/aj120e00.pdf>
- Sumption, K., Hamilton, C., Pinto, J. & Wainwright, S. 2010. Aperçu de la situation de la fièvre aphteuse en Asie (janvier à septembre 2010). *EMPRES Bulletin des maladies animales transfrontière*, 36: 23–25. <http://www.fao.org/docrep/013/i1958f/i1958f00.pdf>.

Auteurs: Daniel Beltrán-Alcrudo (FAO), Sergei khomenko (FAO),
Sherrilyn Wainwright (FAO), Jan Slingenbergh (FAO)

La fièvre aphteuse

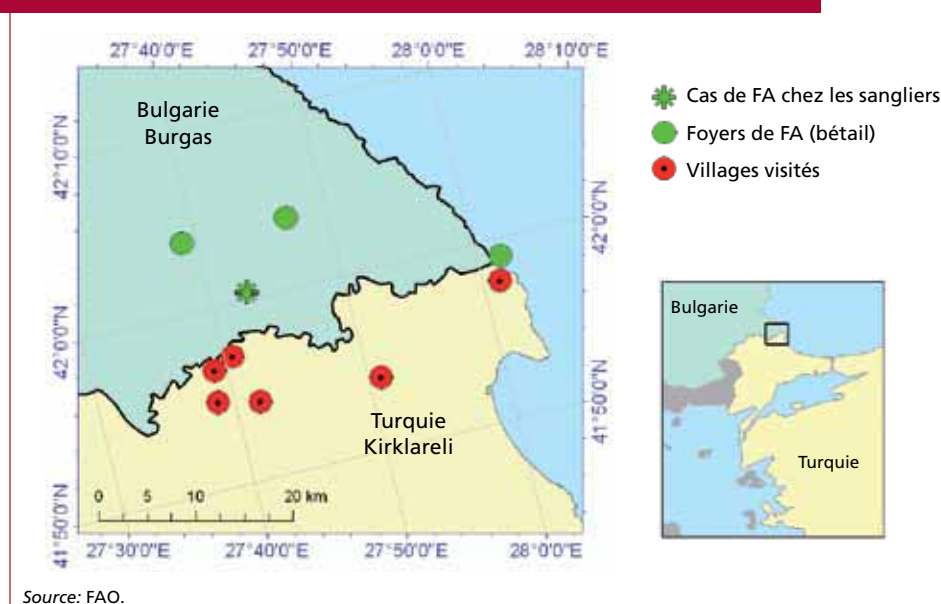
La mission de la Commission européenne / FAO pour la lutte contre la fièvre aphteuse en Turquie concernant les foyers de fièvre aphteuse en Bulgarie

Contexte et itinéraire

Des preuves épidémiologiques et moléculaires indiquent que le virus de fièvre aphteuse (FA) isolé en Bulgarie au début de cette année provenait très probablement de Turquie (Valdazo-Gonzalez et al., 2011). La question immédiate est de savoir s'il est possible de prouver que le virus de la FA (VFA) ait traversé la frontière entre la Turquie et la Bulgarie par l'intermédiaire d'animaux domestiques ou sauvages. L'implication des sangliers dans l'apparition de foyers en Bulgarie doit être étudiée car le virus aurait traversé la frontière turque grâce à cette espèce. Si cette espèce est impliquée, la question est de savoir si le virus s'est seulement propagé à travers le sanglier (*Sus scrofa*) ou si des espèces domestiques étaient également impliquées.

La FAO et la Commission européenne de lutte contre la fièvre aphteuse (EUFMD) ont envoyé une équipe dans le district de Demirkoy de la province de Kırklareli, qui se trouve de l'autre côté de la frontière en face des sites où sont apparus les foyers en Bulgarie. En effet, si on considère que la maladie a été disséminée par l'intermédiaire des sangliers ou du bétail local, la FA s'est fort probablement propagée en Bulgarie à partir de ce district. L'équipe a visité les six villages les plus proches des derniers foyers de FA en Bulgarie (Figure 1). Les chefs des communautés (mouchtars) et les villageois ont été interrogés sur le nombre de têtes de bétail, les pratiques d'élevage, la sensibilisation à la maladie, la présence de signes de FA dans les élevages ou chez les sangliers, l'abondance de sangliers et la chasse au sanglier. Les six

Figure 1: Villages visités dans le District de Demirkoy (Province de Kırklareli, Turquie), en fonction de la localisation des derniers foyers de FA (décembre 2010 à janvier 2011) en Bulgarie





villages comptent 4 647 têtes de bétail au total, dont 45,4 pour cent sont des moutons, 29,1 pour cent des bovins, 17,0 pour cent des chèvres et 0,6 pour cent des buffles d'eau. Selon les autorités vétérinaires turques, tous les animaux de cette zone sont vaccinés une ou deux fois par an contre la FA (selon les espèces).

Observations épidémiologiques pertinentes pour le bétail

Dans les six villages, les villageois ont été familiarisés avec les signes cliniques de la FA et ont déclaré n'avoir observé aucun signe de la maladie chez leurs animaux au cours des derniers mois. Aucun sanglier sauvage malade ou boiteux n'a été vu dans les villages, et le chef du Club des chasseurs de Demirkoy a également affirmé qu'aucun sanglier malade ou boiteux n'avait été signalé dans le district de Demirkoy. Normalement, les animaux domestiques ne paissent pas dans les forêts et ne sont pas laissés sans surveillance la nuit. Du bétail a traversé la rivière cinq ou six fois en Bulgarie au cours des années précédentes, mais ce genre d'incident reste rare. Les petits ruminants sont surveillés par des bergers durant le pâturage et ne peuvent donc pas traverser la rivière. Vingt-quatre buffles d'eau ont récemment franchi la frontière bulgare (les buffles quittent parfois la rivière du mauvais côté), comme cela est arrivé relativement souvent au cours des derniers mois. En été, la rivière est facile à franchir, mais elle n'est franchissable que par intermittence en hiver. De nombreuses pistes mènent à la rivière du côté turc, et il est possible de la traverser à pied dans plusieurs endroits et parfois même avec un véhicule. La rivière n'est pas un obstacle à la circulation des sangliers, et il est possible que ces derniers traversent la rivière pour fuir la zone durant la saison de chasse (voir la section suivante).

Les autorités turques ont mis à disposition les résultats bruts de la sérosurveillance à grande échelle de la protéine non-structurale virale (PSN) menée en Thrace turque en automne 2010; ils n'ont montré aucun signe de circulation du virus de la FA. Plusieurs mesures de précaution avaient été prises en Thrace suite à l'apparition des foyers en Bulgarie; elles comprenaient la fermeture de tous les marchés de bétail, l'arrêt de tous les mouvements du bétail et le confinement de tous les animaux. Dans les zones définies comme zones à risque, y compris les villages proches de la frontière bulgare, des vaccinations supplémentaires échelonnées sur deux mois ont été effectuées chez tous les animaux sensibles. Une surveillance clinique active a été menée dans les villages du district de Demirkoy, dans lesquels les animaux ont été fréquemment examinés par les services vétérinaires. Aucun signe clinique n'a été détecté. En plus de cette surveillance active, l'Institut de lutte contre la FA en Turquie a préparé une proposition pour la sérosurveillance des espèces domestiques dans les villages situés au sein ou à proximité des zones forestières de la Thrace turque. La mission a examiné le plan de l'enquête et donner des conseils sur la méthodologie afin d'améliorer les niveaux de confiance des tests de détection et de prélever les échantillons dans des régions encore plus proches des foyers détectés en Bulgarie. Les prélèvements pour détecter la présence d'une maladie s'effectuent souvent avec un biais d'échantillonnage en visant les populations à haut risque ou les populations présentant un intérêt particulier, contrairement aux prélèvements destinés à estimer la prévalence ou l'incidence d'une maladie.

Cette année, le prix élevé de la viande en Turquie signifie que les animaux valent plus chers



© FAO/SERGEI KHOMENKO

Interface forêt - terres agricoles dans le District de Demirkoy, Province de Kırklareli, Turquie



© FAO/SERGEI KHOMENKO

Entretien avec les agriculteurs locaux dans le District de Demirkoy, Province de Kırklareli, Turquie

en Turquie qu'en Bulgarie (possiblement jusqu'à deux fois plus), il n'y a donc pas d'incitation financière au déplacement illégal des animaux de la Turquie vers la Bulgarie. Pendant de nombreuses années, la fête de Kurban Bayram en Turquie a été identifiée comme une période à haut risque de propagation du VFA en raison des déplacements plus importants d'animaux. Le dernier Kurban Bayram a eu lieu à la mi-novembre 2010, mais en raison du risque de propagation de la FA et du prix élevé de la viande en Turquie, les animaux ont été importés de Grèce, Bulgarie et d'autres pays européens indemnes de FA pour être abattus en Thrace turque. Cette décision a réduit les déplacements d'animaux provenant d'autres parties de la Turquie où la FA est endémique et a diminué le risque de réintroduire le virus en Thrace turque, comme cela s'était déjà produit. En outre, une campagne de vaccination supplémentaire a été effectuée pour tous les animaux transférés hors de la Thrace turque en octobre et novembre 2010. Il était interdit de ramener ces animaux et des visites de contrôle ont été effectuées après le festival.

La chasse au sanglier et la proposition d'un plan de surveillance d'urgence pour la FA

Selon les estimations du Ministère turc de l'environnement et des forêts, la population totale de sangliers sauvages du district de Demirkoy se situe entre 2 000 et 2 500 animaux (avec trois têtes par kilomètre carré dans les habitats forestiers, ou un maximum de 2,6 têtes par kilomètre carré dans l'ensemble du district). Selon le chef du club de chasse du district, ses 103 membres tuent environ 500 animaux par an dans les forêts du district de Demirkoy au cours de la saison officielle de chasse au sanglier (septembre à fin février). En outre, 85 chasseurs environ vivent dans les six villages visités et récoltent environ 160 sangliers par an. Les dix autres villages dans le district ne semblent pas être aussi convenablement situés pour la chasse au sanglier, mais en supposant qu'ils chassent ensemble deux fois plus de sangliers que les six villages visités, on peut estimer que le nombre total de sangliers tués par les membres du club de chasse et les chasseurs villageois dans le district de Demirkoy est compris entre 900 à 1 200 animaux. Cela représente près de la moitié de la population estimée, ce qui correspond à une pression de chasse modérément élevée et habituellement observée ailleurs en Europe. Au

cours des dix dernières années, il ne semble pas avoir eu d'augmentation apparente de la population de sangliers dans la région ou d'augmentation remarquable de la taille du groupe. D'après les entrevues, il semble que les chasseurs n'aient jamais observé de sanglier déjà mort (ou d'autres cadavres d'animaux sauvages).

La chasse en battue (impliquant des personnes et des chiens) et la chasse individuelle ont lieu entre septembre et fin février (les meilleurs mois sont les mois de janvier et février, en particulier en présence de neige). Les chasses sont généralement effectuées entre 5 et 10 km (et jusqu'à 15 km) de distance du village dans la forêt environnante. En général, les chasseurs ne tuent pas plus de quatre animaux au cours d'une partie de chasse et les battues peuvent compter jusqu'à 20 participants. Les animaux sont laissés dans la forêt car la viande de porc n'est

pas consommée ou utilisée d'une autre manière en Turquie. Les chiens des chasseurs peuvent manger la viande juste après la chasse ou revenir plus tard pour finir la carcasse. Il est également permis de tirer les sangliers sur les terres privées en été, en particulier quand ils abîment les



© FAO/SERGEI KHOMENKO

Elevage de chèvres dans un des villages visités en Turquie

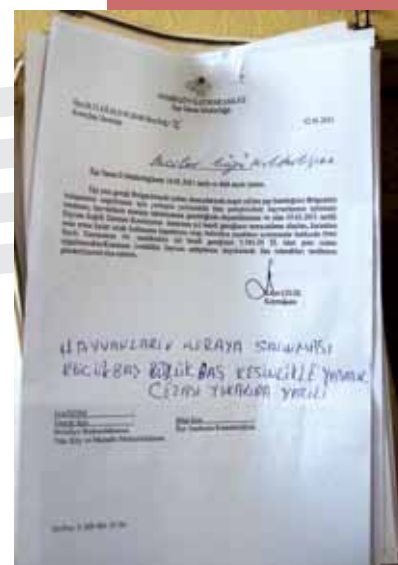


cultures, mais cela arrive rarement dans les villages visités qui possèdent peu de champs cultivés. Les contacts directs entre les animaux domestiques et les sangliers sont également rares.

Dans le cadre de la surveillance d'urgence, les chasseurs locaux dans les villages près de la frontière bulgare - Begendik, Yesilce, Karacadag, Yigltbasi, Boztas, Sislioba et Avclar - avaient été priés de tuer cinq à dix animaux par village, et de recueillir des échantillons de sang pour effectuer des tests sérologiques. Cette demande visait à fournir un échantillon de 30 à 60 animaux, soit un nombre suffisant pour détecter la FA si on suppose que sa prévalence dans la population est de 50 pour cent. Cela permettait aussi de s'assurer que les activités de surveillance visent au moins une partie des troupeaux de sangliers qui habitent la région à proximité immédiate des foyers de FA en Bulgarie (villages de Kostî et Rezovo). En l'absence de données fiables sur l'home range moyen des troupeaux dans la zone de Demirkoy, on a supposé que les animaux tués à plus de 5 km les uns des autres appartenaient certainement à des groupes différents (par exemple, l'home range mensuel maximal ne dépasse pas 20 km²). En plus de ces efforts, le Directorate général de protection et de contrôle turc (DGPC) a prévu d'entreprendre des échantillonnages analogues dans d'autres districts forestiers de la Thrace turque, plus proches d'Istanbul (environ 25 échantillons de sang) et dans le sud-ouest (environ 25 échantillons de sang).

La mission a examiné les impacts négatifs possibles que pourraient avoir les activités de surveillance d'urgence sur la population de sangliers. Il a été conseillé d'éviter les chasses en battue de trop grande ampleur (favoriser les chasses individuelles ou en petits groupes), pour empêcher la dispersion potentielle des animaux. La pression de chasse peut augmenter l'home range des troupeaux de sangliers et des sangliers seuls, bien qu'il ait été démontré que son effet variait fortement en fonction des conditions locales. Dès que possible, les chasseurs cherchent à changer leurs territoires de chasse pour éviter d'harcéler continuellement les animaux, en particulier quand ils utilisent des chiens bien formés. Les femelles adultes ne doivent pas être tuées, car les troupeaux sans femelle dominante sont plus susceptibles de se disperser et de se joindre à d'autres troupeaux, et donc potentiellement de diffuser davantage la FA si elle est présente dans le groupe initial. Les animaux jeunes et immatures sont considérés comme des cibles plus appropriées pour la surveillance, car étant donné leur petite taille ils sont plus faciles à manipuler et éliminer (si nécessaire) que les sangliers adultes. Dans le cadre des activités de surveillance, l'emplacement de chaque animal abattu a dû être identifié de manière aussi précise que possible, de préférence avec des coordonnées géographiques en utilisant un système de positionnement mondial (GPS). Les chasseurs ont également été invités à enregistrer le sexe et l'âge de chaque animal abattu (et si possible de le photographier). Tout signe clinique suspect de FA (ou d'autres maladies) constaté lors de l'examen externe devait être photographié. Les chasseurs pouvaient également fournir d'autres informations épidémiologiques utiles en communiquant le nombre d'animaux dans le groupe auquel appartenait l'animal tué.

Des préoccupations ont été soulevées sur le respect des mesures de biosécurité pendant la chasse et le prélèvement des échantillons de sang des sangliers potentiellement infectés par la FA, et sur la nécessité d'empêcher la propagation de la maladie par le biais d'objets inanimés (vecteurs passifs) ou de carcasses de sanglier. Des recommandations ont été faites pour minimiser ces risques. L'élimination des carcasses dans les régions forestières est particulièrement difficile, car la crémation est risquée et l'excavation de fosses suffisamment profondes



Circulaire administrative soulignant l'importance d'une surveillance accrue en raison du foyer de FA survenu en janvier 2011 en Bulgarie

© FAO/SERGEI KHOMENKO

peut s'avérer difficile étant donné que le sol n'est souvent pas très épais. Le déplacement des carcasses potentiellement infectées pour les éliminer dans le village peut accroître le risque de transmission du virus. Le risque pour le bétail d'être infecté à partir des carcasses laissées sur les sites de chasse est considéré comme faible en raison de l'absence de porcs domestiques en Thrace turque, bien qu'elles puissent être consommées par des sangliers charognards. Le faible risque de transmission par cette voie peut être atténué en recouvrant les carcasses de chaux vive pour inactiver les virus dans les fluides corporels exposés et dissuader les charognards.

Référence

Valdazo-González, B., Knowles, N.J., Wadsworth, J., King, D.P., Hammond, J.M., Özyörük, F., Fırat-Saraç, M., Parlak, U., Polyhronova, L. & Georgiev, G.K. 2011. Foot-and-mouth disease in Bulgaria. *Veterinary Record*, 168(9): 247.

Auteurs: Sergei Khomenko (FAO), Nick Honhold

Fièvre aphteuse en Mongolie en 2010: réponse de la FAO

Contexte

La fièvre aphteuse (FA) entraîne des pertes économiques importantes en raison de son taux de morbidité élevé, de son impact sur la santé et la production animales, du coût des programmes de contrôle et des restrictions commerciales imposées aux pays infectés. La FA est la maladie animale transfrontière la plus contagieuse touchant les animaux ongulés aussi bien domestiques que sauvages. Elle est présente dans différentes régions d'Afrique, d'Asie et d'Amérique du Sud.

*Yaks paissant près de Gobi
Sumber en Mongolie,
hiver 2011*



© FAO/JIA BEIBEI

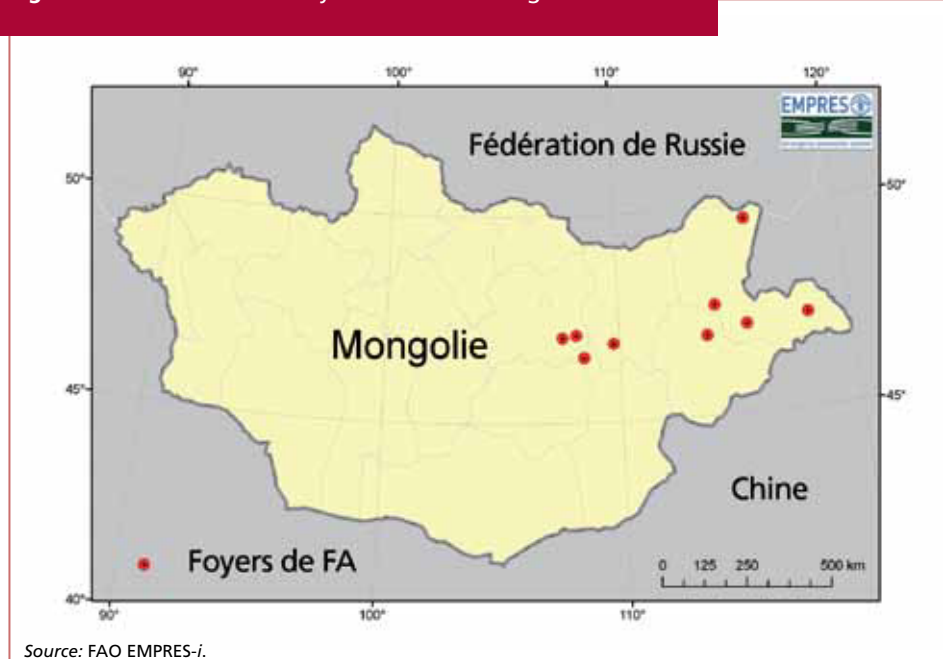
La FA a déjà sévit en Mongolie par le passé. Des foyers sporadiques sont apparus de 1931 à 1935, de 1941 à 1948 et de 1963 à 1974. Après avoir disparu pendant 26 ans, la maladie a été signalée en Mongolie en avril 2000, de février à mai 2001, en juillet 2002, en février 2004, en août 2005 et en juin 2006, date des derniers cas observés. Depuis lors, aucun cas supplémentaire de FA n'avait été signalé jusqu'en avril 2010.

Un foyer de FA (type O) est apparu en avril 2010 dans la province de Dornod en Mongolie orientale. Depuis le 24 novembre 2010, le Gouvernement de Mongolie a signalé plus de 20 autres foyers à l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE). Les foyers sont apparus dans cinq provinces de l'Est du pays.

La production animale est considérée comme un élément important de l'économie mongole et un patrimoine culturel; elle représente plus de 87 pour cent de la production agricole brute, qui en retour contribue à environ 30 pour cent du produit intérieur brut. On compte environ 43 millions de têtes de bétail en Mongolie principalement réparties en cinq espèces: chèvres, moutons, bovins, chevaux et chameaux. En Mongolie, les espèces sensibles à la FA comprennent les bovins, les moutons, les chèvres, les chameaux, les yaks et les gazelles de Mongolie (*Procapra gutturosa*). La production d'animaux domestiques est majoritairement nomade dans les steppes ouvertes, où les gazelles sauvages broutent aussi sur de larges étendues en troupeaux de plusieurs milliers.



Figure 1: Localisation des foyers de FA en Mongolie en 2010



Situation de la FA en Mongolie

Le Gouvernement de la Mongolie a fait rapidement face aux foyers de FA apparus en 2010 dans l'est du pays, en coordonnant des activités d'éradication de la maladie à grande échelle.

Suite à la demande du Gouvernement le 18 octobre 2010, le Centre de gestion des crises - Santé animale (CMC-AH) de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (OAA/FAO) a fourni une équipe d'experts pour (i) examiner et documenter la situation actuelle de l'épidémie de FA en Mongolie, (ii) aider à enquêter sur la maladie et évaluer le risque de propagation de la FA, (iii) donner des conseils sur les plans de préparation, d'intervention et d'urgence, y compris sur des mesures de réduction des risques adaptées et (iv) élaborer des options pour un plan d'action visant à soutenir la prévention et le contrôle de la maladie.

L'équipe de la mission a noté que les laboratoires étaient dotés de capacités suffisantes et pouvaient fournir rapidement un diagnostic. Elle a observé un engagement manifeste de toutes les personnes impliquées dans la lutte contre l'épidémie. Leur participation était soutenue par des chaînes de commandement et des lignes de communication claires, établies entre un certain nombre d'organismes aux niveaux national, provincial et local. Les autorités étaient particulièrement préoccupées par le bien-être des éleveurs sinistrés et se sont focalisées en priorité sur le relèvement et le soutien des personnes affectées par la FA. Les relations et la communication entre les autorités, les éleveurs et les vétérinaires sont généralement bonnes.

Les activités d'éradication de la maladie semblent efficaces dans les provinces orientales où la maladie a été diagnostiquée pour la première fois, et il semble probable qu'elles fonctionnent également dans les zones les plus récemment infectées. La clef de ce succès semble avoir été la mise en œuvre de mesures de vaccination et de biosécurité. La Mongolie devra maintenir les activités de surveillance de la FA sur le long terme, et cette surveillance devra être accrue juste après la fin de l'épidémie. Les données disponibles suggèrent que la FA n'a pas encore persisté sur le long terme en Mongolie car différents types de virus se sont manifestés à différentes périodes. Les conditions

Moutons paissant près de Gobi Sumber en Mongolie, été 2011



©FAO/JIA BEIBEI

physiques et démographiques représentent des défis uniques pour les autorités de contrôle des maladies, mais présentent aussi certains avantages. Le caractère nomade de l'élevage signifie que différents groupes d'animaux se mêlent en favorisant ainsi les possibilités de propagation de la maladie. Les personnes en charge de contrôler la maladie doivent par conséquent considérer que les unités épidémiologiques sont des groupes nomades, plutôt que des fermes ou des morceaux de terre où les animaux sont élevés. Ils doivent également avoir une bonne connaissance locale de chaque éleveur pour comprendre comment les différents groupes rentrent en contact. Les conditions hivernales longues et rigoureuses ont créé des problèmes considérables ces dernières années, avec des pertes importantes au sein des troupeaux en raison des fortes chutes de neige et du climat glacial (Dzuds) lorsque des températures inférieures à -40 °C ont duré

pendant plus d'un mois. En hiver, les animaux sont gardés dans des endroits où il fait moins froid et ne sont pas autant déplacés que pendant le reste de l'année. Bien que le contact entre les animaux soit plus étroit dans ces lieux d'hivernage, les groupes ont tendance à ne pas se mélanger au cours de cette période, et les virus ne risquent pas de se propager davantage.

La vaccination est un élément essentiel du programme de lutte contre la FA en Mongolie. Si le maintien de la chaîne du froid pour les vaccins est un défi dans de nombreux pays, en Mongolie il faut empêcher les vaccins de congeler. Toutefois, il est également important de ne pas les conserver trop au chaud. De même, la plupart des désinfectants

étant liquides, ils congèlent et ne sont plus efficaces lorsque les températures extérieures sont négatives.

De nombreuses gazelles mongoles ont montré des signes cliniques de FA en 2010, elles sont décédées ou ont dû être abattues pour des raisons de bien-être animal. Le rôle de ces gazelles dans la maintenance et la propagation de la maladie est difficile à évaluer à partir des données disponibles à ce jour. Bien qu'elles aient été impliquées dans certains cas, leur impact est peut être occasionnel et la disparition du virus dans les troupeaux d'animaux domestiques se traduirait également par sa disparition dans les troupeaux de gazelles. Cela semble avoir été le cas dans le passé. Ce phénomène est discuté par Nyamsuren et al. (2006).

La FA représente un défi permanent en Asie de l'Est, et la FAO reconnaît que cette maladie exige une approche de contrôle régionale et progressive. Cette maladie a vraiment un comportement transfrontière et représente un risque grave partagé par de nombreux pays de la région, comme en témoignent les foyers récents de FA.

Référence

Nyamsuren, D., Joly, D.O., Enkhtuvshin, S., Odonkhuu, D., Olson, K.A., Draisma, M. & Karesh, W.B. 2006. Exposure of Mongolian gazelles (*Procapra gutturosa*) to foot and mouth disease virus. *Journal of Wildlife Diseases*, 42(1): 154–158.

Autheur: Ian Douglas (FAO-CMC)



Influenza aviaire hautement pathogène

L'influenza aviaire hautement pathogène H5N1 à travers le monde en 2010

Introduction

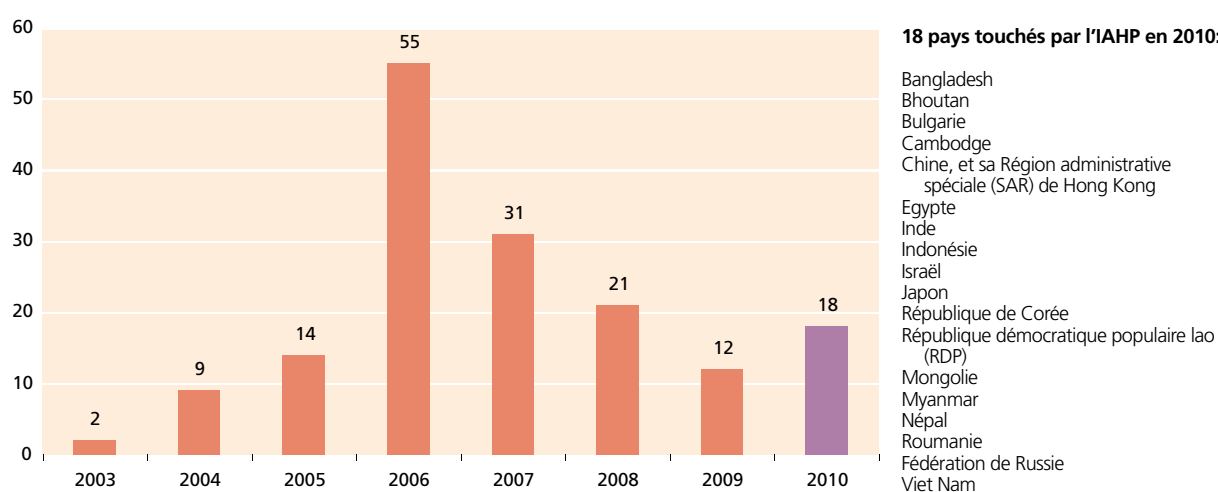
Au total, 63 pays et territoires en Asie, en Europe et en Afrique ont été touchés par le virus de l'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) H5N1 depuis le début de l'épizootie chez les volailles en 2003. Après trois années de rétraction progressive, l'expansion géographique du virus a été de nouveau constatée en 2010, avec 18 pays touchés (14 en Asie, trois en Europe, et un en Afrique), comparativement à seulement 12 pays en 2009 (Tableau 1 et Figure 1). Toutefois, les foyers d'IAHP H5N1 sont principalement apparus en Asie, comme ce fut également le cas au cours des trois années précédentes. Le pic d'activité de la maladie a été une fois de plus observé entre janvier et mars (comme au Bangladesh, cf. Figure 3). Au niveau des pays, le nombre de foyers a généralement diminué ou est resté au même niveau, à l'exception de l'Égypte (Tableau 1) où le nombre de foyers déclarés a augmenté suite à un changement dans le système de déclaration des maladies. Les activités du projet de la Promotion communautaire de la santé animale (CAHO), lancées en décembre 2008, ont été élargies en février 2009 après une augmentation apparente du nombre de cas signalés. Le Bhoutan a été infecté pour la première fois en 2010 et a rapporté la présence de foyers d'IAHP H5N1 en février et en mars. La Bulgarie, Israël, le Japon, le Myanmar, la République de Corée et la Roumanie n'avaient pas signalé de foyers d'IAHP H5N1 en 2009; la maladie a été réintroduite (ou est réapparue) dans ces pays en 2010. Les foyers signalés en Roumanie en mars 2010 correspondaient aux premiers cas d'IAHP H5N1 en Europe depuis octobre 2008,



@FAO/J.ANNELLI

Le mélange des espèces, comme dans cette ferme, peut élargir l'éventail des hôtes du virus de l'IAHP H5N1

Figure 1: Nombre de pays infectés par l'IAHP H5N1 au fil du temps

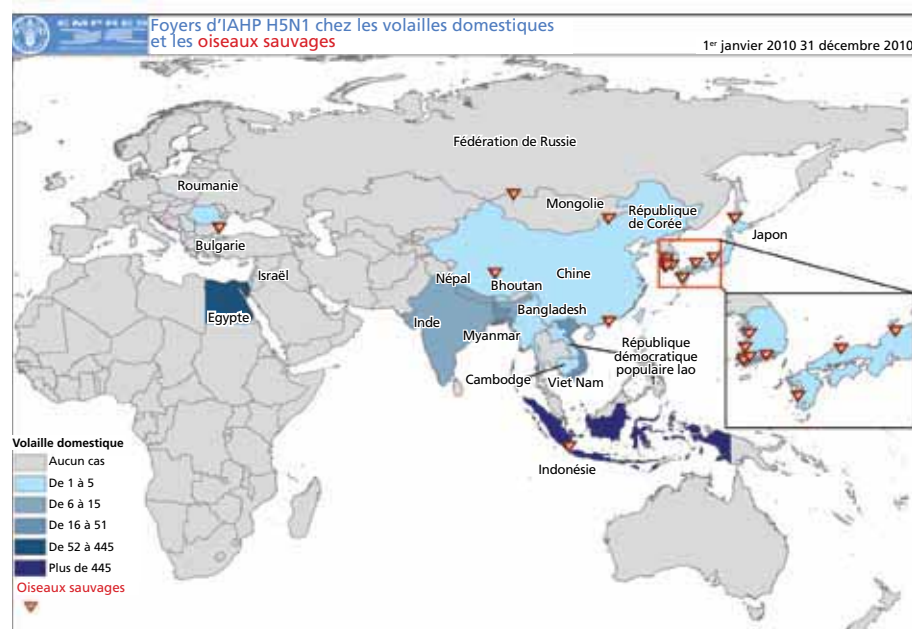


Sources: FAO EMPRES-i; WAHID OIE.

Tableau 1: Nombres de foyers, 2009 et 2010

	Bangladesh	Bhoutan	Bulgarie	Cambodge	Chine / RAS de Hong Kong	Egypte	Allemagne	Inde	Indonésie	Israël	Japon	République de Corée	RDP Lao	Mongolie	Myanmar	Népal	Roumanie	Fédération de Russie	Viet Nam
2009	32	0	0	1	4 / 19	176	1	10	1 502	0	0	0	5	2	0	2	0	2	56
2010	31	5	1	2	1 / 2	443	0	15	1 212	2	5	8	1	1	3	8	2	1	48

Sources: FAO EMPRES-i; OIE WAHID.

Figure 2: Foyers d'IAHP H5N1 chez les volailles domestiques et les oiseaux sauvages, 2010^a


^aLa méthode de classification des seuils naturels de Jenks a été utilisée pour classer les valeurs grâce à une comparaison (itérative) des sommes de l'écart quadratique entre les valeurs observées au sein de chaque classe et les moyennes de classe.

Sources: FAO EMPRES-i; WAHID OIE.

lorsque le virus H5N1 a été détecté lors de la surveillance de routine dans un élevage de volailles en Allemagne. Il est évident que la menace d'IAHP H5N1 demeure, y compris le risque d'infection humaine. En 2010, l'Organisation mondiale de la Santé (OMS) a signalé 48 cas humains d'infection à H5N1 - dont 24 ont été mortels - dans cinq pays: l'Egypte (29 cas, dont 13 mortels), l'Indonésie (neuf cas, dont sept décès), le Viet Nam (sept cas, dont deux mortels), la Chine (deux cas, dont un mortel) et le Cambodge (un décès). Ces mêmes pays ont également signalé des cas humains en 2009. L'incidence de la maladie chez l'homme a diminué en 2010, à l'exception du Viet Nam, où elle a augmenté de cinq à sept cas.

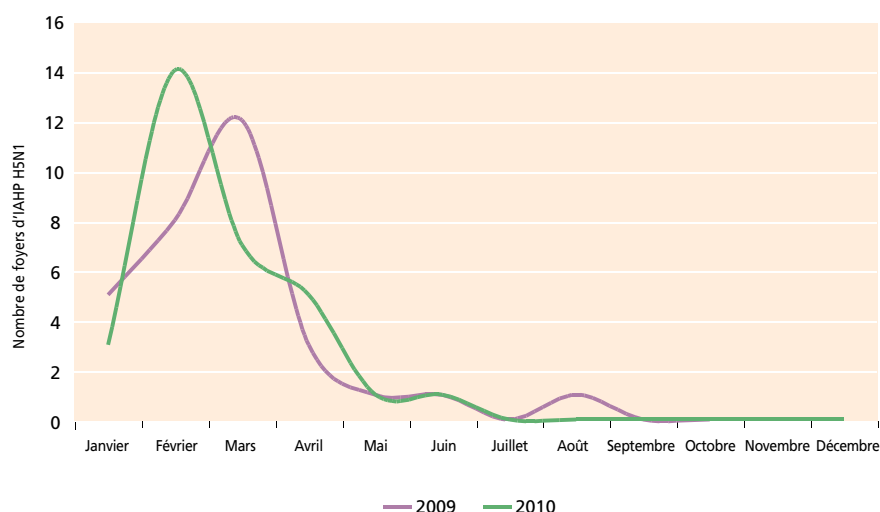


La maladie reste enzootique avec une charge de morbidité élevée dans quatre pays

Comme ce fut également le cas en 2009, la grande majorité des foyers d'IAHP H5N1 chez les animaux sont apparus dans quatre pays en 2010, où la maladie est profondément ancrée avec une charge de morbidité élevée: le Bangladesh (2 pour cent des cas), l'Égypte (25 pour cent), l'Indonésie (68 pour cent) et le Viet Nam (3 pour cent) (Tableau 1). Le contrôle progressif de la grippe aviaire (IA) dans ces milieux constitue un énorme défi, et son élimination reste l'objectif à long terme. En Asie orientale, le mélange de virus de la grippe A humaine, aviaire et porcine favorise la formation d'un réservoir génique de sous-types, clades et lignées de virus qui ne cesse de s'agrandir.

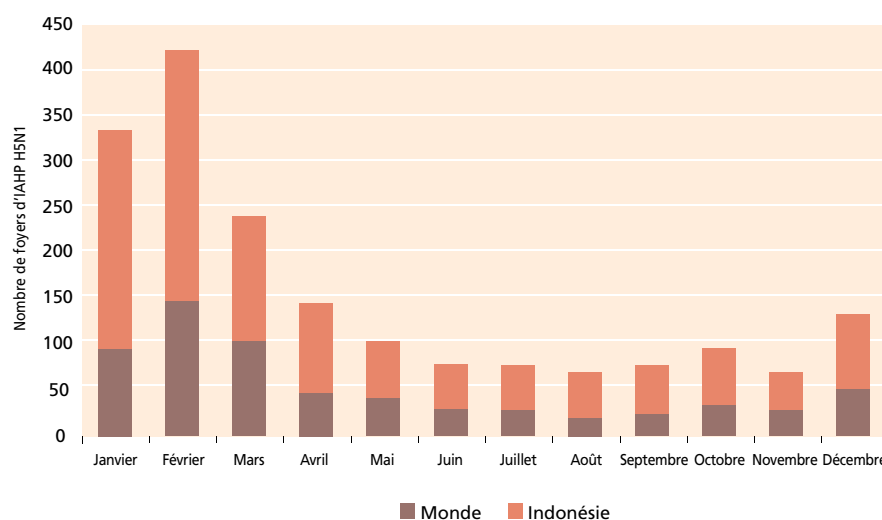
Bangladesh: En 2010, 31 foyers d'IAHP H5N1 affectant les volailles ont été signalés au Bangladesh (Figure 3), la majorité des cas sont apparus dans des exploitations commerciales (29) et seulement deux foyers sont apparus dans des élevages de volaille de basse-cour. Environ 175 000 oiseaux ont été abattus. En 2009, 32 foyers ont été signalés. Durant ces deux années, la majorité des foyers ont été observés entre janvier et avril. Bien qu'aucun foyer n'ait été observé entre juin et décembre 2010, la maladie est toujours considérée comme endémique dans le pays, avec une circulation active du virus (clade 2.2). Les isolats de virus appartiennent à la sous-lignée 3 et sont proches des séquences des virus isolés au Bangladesh de 2007 à 2009. Ces résultats laissent supposer que le virus a été maintenu dans des réservoirs passés inaperçus dans le pays, peut-être chez des canards domestiques. Le Bangladesh a enregistré de nouveaux foyers d'IAHP H5N1 en janvier et février 2011. Au total, 49 des 64 districts ont signalé des foyers à la fois dans des exploitations commerciales et dans des élevages de basse-cour.

Figure 3: Foyers d'IAHP H5N1 au Bangladesh, en 2009 et 2010



Source: FAO EMPRES-i.

Figure 4: Comparaison du nombre de foyers en Indonésie par rapport au reste du monde en 2010



Source: FAO EMPRES-i.

L'Indonésie a continué à signaler un nombre élevé de foyers d'IAHP H5N1 chez les volailles, comme ce fut le cas au cours des quatre dernières années. Le nombre de foyers signalés dans ce pays dépasse le nombre de foyers déclarés dans le reste du monde (Figure 4). L'IAHP H5N1 est endémique à Java, Sumatra et Sulawesi et des foyers sporadiques ont été signalés dans d'autres régions. Des zones à forte incidence ont été identifiées dans les provinces et les districts de l'île de Java (en particulier à Yogyakarta) et dans le sud de Sumatra (Lampung). Le nombre élevé de signalements est en partie expliqué par la mise en œuvre du Programme participatif de surveillance des maladies et d'intervention (PDSR) créé et soutenu par la FAO, qui cible les exploitations avicoles villageoises (principalement les petites exploitations) et signale l'apparition de nouveaux foyers dans les villages. Seulement deux des 33 provinces indonésiennes (Moluques et Maluku-Nord) n'ont jamais signalé de cas d'IAHP H5N1.

En 2010, le **Viet Nam** a déclaré 48 foyers d'IAHP H5N1 dans 20 de ses 63 provinces (32 pour cent), principalement dans des élevages de canards (83 pour cent) et dans le secteur commercial à petite échelle: 61 pour cent des foyers sont apparus dans des élevages de 50 à 1 000 oiseaux. Environ 45 000 oiseaux ont été abattus. Cinquante-six foyers ont été signalés en 2009. La surveillance active de la circulation du virus a été réalisée dans huit provinces et villes cibles. La prévalence des virus de l'influenza aviaire A et H5N1 étaient de 0,94 et 0,67 pour cent, respectivement, chez les canards, et 0,54 et 0 pour cent chez les poulets. Aucune preuve de la persistance du virus de l'IA n'a été mise en évidence chez les canards de Barbarie. En 2010, trois clades du virus ont été isolés: i) le clade 1 (classification en fonction des gènes de l'hémagglutinine [HA] virale) principalement dans le sud du Viet Nam et au Cambodge; ii) le clade HA 2.3.4, principalement dans le nord du Viet Nam au cours de la première moitié de 2010, et également en Chine, et iii) le clade HA 2.3.2 détecté pour la première fois à la fin 2009, avec quatre cas détectés dans la première moitié de 2010, et les autres - principalement dans le nord du Viet Nam, mais aussi dans le sud - depuis septembre 2010.



L'Égypte, qui a signalé son premier foyer d'IAHP H5N1 en février 2006, est considérée comme endémique car de nouveaux foyers sont régulièrement signalés dans presque tous ses 29 gouvernorats. En 2010, 443 foyers ont été observés, principalement dans les petits élevages familiaux, contre 176 en 2009. Cependant, la détection s'est probablement améliorée en raison de la mise en œuvre du programme CAHO ressemblant au PDSR dans 10 gouvernorats (Bani-Seuif, Behera, Dakahlia, Fayoum, Gharbia, Kafr elCheikh, Menia, Menufia, Qalubia et Sharkia). Les virus isolés en 2010 étaient génétiquement semblables à ceux isolés en 2009.

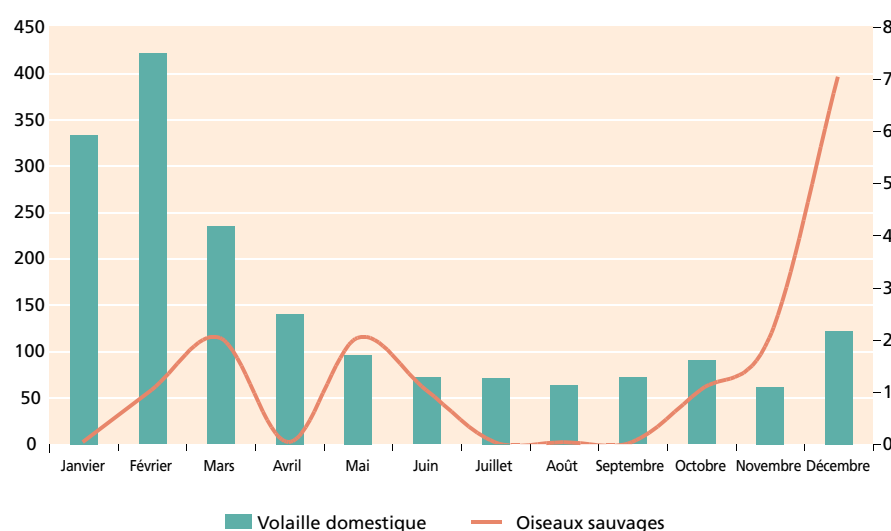
Des questions demeurent sur le rôle des oiseaux sauvages dans la propagation de la maladie

En 2010, de nouveaux cas d'IA H5N1 ont continué à être signalés chez les oiseaux sauvages, avec une légère augmentation par rapport à l'année 2009 durant laquelle 12 cas avaient été signalés. Seize foyers ont été signalés en 2010. La Bulgarie, la Chine, la RAS de Hong Kong, l'Indonésie, la Mongolie et la Fédération de Russie ont chacune signalé un foyer, le Japon a déclaré quatre foyers, et la République de Corée en a signalé six (Figure 5). Aucun des foyers de 2010 n'ont atteint l'importance de ceux apparus en 2005 où des milliers d'oiseaux sauvages mouraient en l'espace de quelques semaines, comme ce fut le cas en Chine et en Fédération de Russie. Les virus actuels d'IAHP H5N1 sont peut-être moins mortels pour les oiseaux sauvages.

Les espèces d'oiseaux sauvages infectés en 2010 étaient le canard colvert, la grue moine, le cygne siffleur, le cygne tuberculé, le grand-duc d'Europe, le grèbe huppé, le grand harle, le héron cendré, le canard chipeau, la spatule blanche, le crabe à bec rouge, l'oie à tête barrée, la mouette du Tibet, le cygne chanteur, l'oie cendrée, la buse variable et l'hirondelle rustique. Depuis le début de l'épizootie, on a trouvé plus de 100 espèces, réparties en 13 ordres d'oiseaux, infectées par le virus de l'IA H5N1.

Les cas d'IA H5N1 chez les oiseaux sauvages en 2010 correspondaient à des oiseaux isolés trouvés lors des activités de surveillance de routine en Chine, dans la RAS de Hong Kong, en Indonésie, en

Figure 5: Nombre de foyers chez les volailles domestiques et les oiseaux sauvages en 2010



Source: FAO EMPRES-i.

**Les foyers d'IAHP H5
à travers le monde sont
causés par des virus
appartenant aux
clades 1, 2.1, 2.2 et 2.3**

Bulgarie, au Japon et en République de Corée. Ce ne fut cependant pas le cas en Mongolie (n = 26) et en Chine (n = 170) en mai 2010, dans la Fédération de Russie (n = 367) en juin 2010, et en République de Corée (n = 20) en décembre 2010, où un plus grand nombre d'oiseaux sauvages ont été retrouvés morts. En Mongolie et dans la Fédération de Russie, les mêmes modèles temporels et spatiaux de mortalité des oiseaux sauvages ont été observés ces dernières années. Les mortalités surviennent au printemps dans l'hémisphère nord, durant la période de reproduction des oiseaux.

Les données phylogénétiques des virus H5N1 et l'évolution des virus de clade 2.3.2

Les foyers d'IAHP H5 à travers le monde sont causés par les virus de clade 1 et 2, et plus particulièrement les clades 2.1, 2.2 et 2.3. Les paragraphes suivants décrivent les différents clades identifiés en 2010 (voir aussi Tableau n°2).

Tous les isolats de virus H5N1 prélevés chez les humains et les animaux au Cambodge et analysés depuis 2004, y compris tous ceux à partir de 2010, appartiennent au clade 1 (génotype Z). Les virus récents sont similaires aux virus ayant circulé les années précédentes. C'est le même clade qui circule principalement dans le sud du Viet Nam, du Delta du Mékong jusqu'au Cambodge.

Le Clade 2.1 circule en Indonésie, même si aucune donnée sur les séquences n'a été disponible en 2010. Les données de 2009 montrent que les isolats indonésiens font partie du clade 2.1.3 et continuent à se diversifier. La plus grande variation est actuellement observée chez les virus de Sumatra.

Le Clade 2.2 comprend les séquences isolées au Népal, au Bangladesh, au Bhoutan et en Inde en 2010. Les virus du Clade 2.2.1 continuent à circuler en Egypte. Un isolat trouvé sur un émeu en Israël en septembre 2010 appartient aussi à ce clade. Cela laisse supposer que le virus d'IAHP H5N1 se déplace dans la région, en impliquant éventuellement des espèces « pont ». Il est intéressant de noter qu'en Egypte les virus 2.2.1 se divisent en deux groupes phylogénétiques distincts: A et B. La majorité des échantillons appartiennent au groupe B (ou le groupe F selon la nomenclature des Centres pour le contrôle et la prévention des maladies [Nomenclature CDC]), tandis que le reste appartient au groupe A (C selon les CDC), auquel la plupart des échantillons humains appartiennent. Les virus du groupe A sont principalement isolés chez des oiseaux de basse-cour, et ceux du groupe B chez des volailles vaccinées et élevées dans des exploitations commerciales. Les études préliminaires suggèrent qu'il y a peu ou pas de réactivité croisée de la grippe humaine entre les deux groupes. Sur le plan épidémiologique, les foyers d'IAHP H5N1 chez les volailles en Egypte se propagent le long du delta du Nil, principalement dans les zones avec une forte densité d'humains et de volailles.

Les séquences du Clade 2.3.4 ont été isolées au Viet Nam, en République démocratique populaire lao et au Myanmar. Les isolats du Clade 2.3.4 en provenance du Myanmar sont similaires à ceux isolés en 2007 dans la région de Yangon, ce qui laisse supposer que le virus de 2010 provient d'un réservoir dans les élevages de canards domestiques. Les virus isolés dans les échantillons prélevés en République démocratique populaire lao appartiennent au clade 2.3.4 et ont déjà été observés dans ce pays au cours des années précédentes. A la fin de 2010, le clade 2.3.2, qui fut à l'origine détecté chez un crabier chinois en Chine, dans la RAS de Hong Kong en 2004, est devenu le clade le plus fréquemment isolé en suivant la propagation du virus d'IAHP et son invasion de nouveaux territoires. La Bulgarie, la Chine (y compris la RAS de Hong Kong), le Japon, la Mongolie, le Myanmar, le Népal, la Roumanie, la République de Corée, la Fédération de Russie et le Viet Nam ont tous été touchés par le clade 2.3.2 depuis janvier 2010.

**Tableau 2: Distribution géographique des clades de virus de l'IAHP H5N1**

Clade signalé	Pays/Territoire	Volaille	Oiseaux aquatiques sauvages	Autres oiseaux sauvages	Non spécifié	Total
1	Cambodge	3			2	5
2.1.3	Indonésie	1 154	1		61	1 216
2.2	Bangladesh	62		1		63
2.2	Bhoutan	4			1	5
2.2	Inde				15	15
2.2.1	Egypte	563			30	593
2.2.1	Israël	1		1		2
1, 2.3.2, 2.3.4	Viet Nam	42			16	58
2.2, 2.3.2	Népal	5			3	8
2.3.2	Bulgarie			1		1
2.3.2	Chine		1		1	2
2.3.2	Chine, RAS de Hong Kong	3		3	1	7
2.3.2	République de Corée	43	5	1		49
2.3.2	Japon	15	14	7		36
2.3.2	Mongolie		1			1
2.3.2	Roumanie	2				2
2.3.2	Fédération de Russie		1			1
2.3.2, 2.3.4	Myanmar	10				10
2.3.4	RDP Lao	1				1
	Total	1 908	23	14	130	2 075

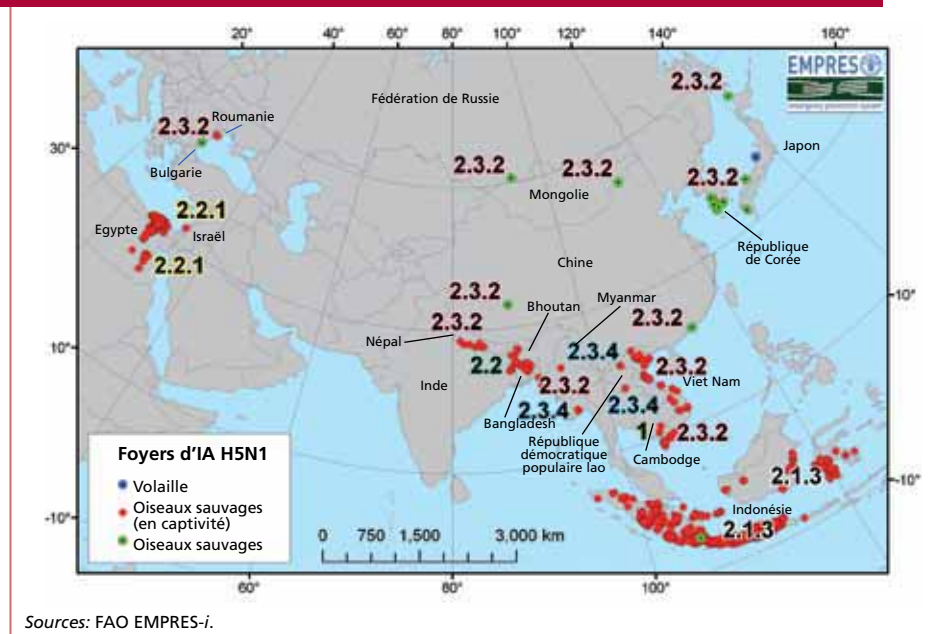
Source: FAO EMPRES-i.

En 2010, le Népal a été le premier pays à détecter le clade 2.3.2 en Asie du Sud. Les virus du clade 2.3.2 au Népal étaient plus étroitement liés aux virus isolés chez les oiseaux sauvages en 2009 en Fédération de Russie, en Mongolie et en Bulgarie, et également dans les foyers dans les élevages de volailles en Roumanie. Les virus du clade 2.3.2 isolés chez les oiseaux sauvages en Chine, dans la RAS de Hong Kong et chez les volailles au Viet Nam étaient un peu moins étroitement liés à ces virus, en indiquant probablement que les virus avaient évolué depuis la source. L'isolat prélevé chez les oiseaux sauvages trouvés morts en juin 2010 dans la République de Touva, Fédération de Russie, près de la frontière mongole, appartient au clade 2.3.2 de la lignée asiatique, et présente 99 pour cent de similitude avec les isolats H5N1 trouvés chez des oiseaux sauvages en Mongolie, à Touva (Fédération de Russie) et au Qinghai (Chine).

La plupart des invasions récentes des virus du clade 2.3.2 peuvent être liées à des oiseaux sauvages. Les principaux clades actuellement isolés chez les oiseaux sauvages sont les clades 2.3.2 et 2.2. Ce dernier circule chez les oiseaux sauvages depuis 2005. Le clade 2.3.2 était prédominant en 2010. Les cas détectés en Bulgarie, Chine, dans la RAS de Hong Kong, en Mongolie et dans la Fédération de Russie, ne concernaient que des oiseaux sauvages et aucun cas n'a été déclaré chez des volailles. Les premiers foyers de virus du clade 2.3.2 au Japon, en République de Corée et en Roumanie ont également été observés chez des oiseaux sauvages, et la maladie ne s'est apparemment propagée que plus tard dans les élevages de volailles. À part la Chine, le Myanmar et le Népal, tous les pays affectés par le clade 2.3.2 avaient été exempts de la maladie pendant de longues périodes.

Il est probable que le virus du clade 2.3.2 ait d'abord été transmis aux oiseaux sauvages par la volaille et ait été périodiquement transporté par des oiseaux migrateurs vers d'autres

Figure 6: Foyers d'IAHP H5 dans les élevages de volaille, du 1^{er} septembre 2010 au 8 février 2011, et clades respectifs isolés



localisations. Les recherches ont démontré que certains oiseaux aquatiques sauvages pouvaient excréter le virus d'IAHP H5N1 de manière asymptomatique pendant deux à cinq jours, et des études sur l'écologie de la migration de la maladie conduites par la FAO ont établi les distances que pouvaient parcourir les oiseaux aquatiques sauvages pendant ce laps de temps. Bien que chaque oiseau puisse effectuer de longs vols (plusieurs centaines de kilomètres), la transmission du virus par les oiseaux aquatiques sauvages sur de telles distances est plus susceptible de se produire à travers un modèle de progression par bonds. Le virus serait transmis d'un oiseau à l'autre au niveau des sites de repos, puis transporté par les oiseaux nouvellement infectés jusqu'au prochain site.

Perspectives pour 2011

Un certain nombre de préoccupations doivent être considérées pour 2011. Les foyers endémiques de la maladie continueront de représenter une menace pour les pays à risque en Asie et pour l'Égypte, et une approche à long terme est nécessaire pour éliminer l'IAHP H5N1 des élevages de volaille de ces zones. La découverte d'un nouveau clade de H5N1 (clade 2.3.2) chez un large éventail d'oiseaux sauvages suggère qu'une autre série de foyers dans une zone géographique plus vaste (Paléarctique) pourrait se manifester, en tout cas dans les pays d'Asie de l'Est. L'épidémiologie du virus H5N1 chez les oiseaux sauvages est loin d'être comprise, et le rôle de l'évolution du virus chez les oiseaux aquatiques domestiques comme source de nouveaux virus chez les oiseaux sauvages reste à définir. Si les virus H5N1 sont également enracinés dans les populations d'oiseaux sauvages, comme cela a été constaté au lac Qinghai en Chine, il faudra faire face à des défis considérables pour maintenir les populations de volailles indemnes de la maladie. La tendance à l'augmentation du nombre de foyers au début de 2011 se répètera sûrement à nouveau cet automne, avec une augmentation probable des cas humains en



parallèle. Le Service de santé animale de la FAO et son Programme mondial pour la prévention et le contrôle de l'IAHP H5N1 continue de contribuer à la préparation, au renforcement des capacités et à la réponse des pays affectés par la maladie. Entre 2005 et 2010, la FAO a réalisé 170 projets de lutte contre l'IAHP H5N1, dont 28 étaient encore en cours d'exécution en février 2011. La plupart de ces projets se déroulent en Asie. Les équipes de vétérinaires épidémiologistes restent dans les Centres de santé animale régionaux qui sont positionnés de manière stratégique. Les réseaux épidémiologiques et de laboratoires régionaux sont également maintenus. Une unité spéciale de la faune sauvage est consacrée à la recherche sur l'épidémiologie du virus H5N1 chez les oiseaux sauvages et le rôle des oiseaux sauvages dans la transmission du virus.

Auteurs: Sophie von Dobschuetz (FAO), Siembieda Jennifer (FAO), Kim Mia (FAO), Julio Pinto (FAO) et Scott Newman (FAO)

Surveillance de l'IAHP sur le terrain pour aider à sélectionner les vaccins

Le sous type H5N1 de l'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP H5N1) est devenu enzootique en Indonésie et en Egypte. En réponse, la FAO a mis en œuvre deux projets techniques - le premier en Indonésie (2007) et le deuxième en Egypte (2008) - dans le cadre du Réseau de laboratoires de référence et d'expertise pour la grippe aviaire (OFFLU), et en collaboration avec les agences nationales.

Les projets visent à comprendre les caractéristiques et l'épidémiologie des virus en circulation, à déterminer l'efficacité des vaccins antigrippaux disponibles pour la volaille, et à développer des systèmes nationaux de soutien pour l'utilisation des vaccins efficaces pour les volailles dans le cadre d'une stratégie globale de lutte contre l'IAHP. Pour mieux comprendre l'évolution du virus H5N1 de l'IAHP en

Indonésie, et l'impact ultérieur des vaccins destinés à la volaille, le projet OFFLU a été le premier à appliquer la cartographie antigénique, développée pour caractériser les virus de la grippe humaine, aux virus de la grippe aviaire. La carte obtenue peut être utilisée pour évaluer l'immunité des vaccins contre les souches en circulation. Le projet vise aussi à renforcer les capacités et le transfert de technologie pour soutenir ces activités dans les laboratoires vétérinaires nationaux, afin d'élaborer un mécanisme durable pour la surveillance des virus et transmettre des informations adéquates sur la sélection des vaccins. C'est le premier effort coordonné de ce genre pour la surveillance de l'IAHP chez les volailles au niveau national.

Auteur: Mia Kim (FAO)



Prélèvement d'échantillons chez des canards infectés au cours du programme de surveillance participatif de la grippe aviaire, Gouvernorat de Behera, Egypte, mars 2009



Campagne nationale de vaccination contre la grippe aviaire, Gouvernorat du Six octobre, Egypte, mars 2009

© FMARISA PEYRE

© MARISA PEYRE

Syndrome dysgénésique et respiratoire du porc

Le syndrome dysgénésique et respiratoire du porc: les poussées de virulence et la circulation persistante en Chine et en Asie du Sud-Est

Introduction

Le syndrome dysgénésique et respiratoire du porc (SDRP) a été reconnu pour la première fois presque simultanément en Europe occidentale et en Amérique du Nord dans les années 80. Rétrospectivement, des preuves de la circulation du virus du SDRP (VSDRP) en Chine en 1996 et dans le delta du Mekong au Viet Nam depuis 2000 peuvent être mises en évidence, mais à ce stade précoce aucun symptôme grave n'était associé à la maladie. Depuis 2006, le secteur de l'élevage porcin en Chine, au Viet Nam, aux Philippines et en Thaïlande a été constamment touché par des foyers d'une maladie grave causée par des souches atypiques très virulentes du VSDRP. En 2010, la forme grave de la maladie (qui sera appelée SDRP hautement virulent [SDRP-HV] dans cet article) a touché d'autres pays en Asie du Sud-Est, y compris la République démocratique populaire lao et le Cambodge, alors que l'épidémie s'aggravait en Thaïlande. Cette expansion géographique souligne la charge de morbidité que représente le SDRP aujourd'hui dans cette région du monde.

À propos du virus et de la maladie

Le virus responsable du SDRP se différencie en deux génotypes génétiquement distincts: le type 1, ou génotype européen, qui s'est principalement propagé sur le continent européen, et le type 2, ou génotype nord-américain, qui est essentiellement isolé sur le continent américain (nord et sud) et en Asie. L'infection peut se produire par les voies respiratoires, par les voies orale et vénérienne, ainsi que par inoculation intramusculaire, intrapéritonéale ou intraveineuse. La symptomatologie typique du SDRP comprend des troubles de la reproduction au sein de l'élevage et des troubles des voies respiratoires chez les jeunes porcs. La virémie se développe chez les porcs 12 à 24 heures après l'infection. Les titres les plus élevés sont obtenus entre sept et 14 jours après l'infection. La plupart des porcs sont virémiques pendant une période ne dépassant pas 28 jours. Les mortalités ne concernent généralement que les porcs en pré-sevrage. On observe parfois une cyanose de la peau, en particulier au niveau des oreilles. Les porcelets infectés congénitalement et après la naissance restent infectés de façon persistante, et portent le virus dans leurs amygdales et/ou dans leurs nœuds lymphatiques. Le VSDRP peut être isolé à partir des tissus musculaires et lymphoïdes jusqu'à 24 heures après l'abattage (et à partir des muscles qui ont été congelés à - 20 ° C durant un mois). Néanmoins, la charge virale diminue avec le refroidissement, le durcissement et la congélation, bien que le VSDRP puisse survivre pendant plusieurs semaines à - 4 ° C dans la moelle osseuse. La cuisson, le salage et l'équarrissage sont suffisants pour inactiver le VSDRP dans la viande, ce qui minimise le risque de propagation par les produits d'origine porcine. La véritable menace se produit lorsque des porcs sensibles sont nourris avec de la viande infectée non transformée (alimentation à base d'eaux grasses).

Le SDRP et le secteur porcin: Le contexte mondial et les particularités régionales

■ Évolution de la filière porcine

La viande de porc est la viande d'animal terrestre la plus consommée au monde. En raison des changements dans les habitudes de consommation découlant de l'augmentation des revenus dans

Le virus responsable
est différencié en deux
génotypes génétiquement
distincts: le type 1
et le type 2



les pays en développement et en transition avec des économies à croissance rapide, la demande mondiale de viande de porc a été en constante augmentation ces dernières décennies. Avec le secteur de la volaille, le secteur porcin est un sous-secteur de l'élevage à croissance très rapide, avec un cheptel mondial qui atteindra 1 milliard de têtes avant 2015, soit le double du cheptel porcin mondial des années 70. La production porcine est désormais distribuée à travers le monde, à l'exclusion des régions avec des tabous culturels et religieux portant sur la consommation de porc. La production porcine à travers le monde est dominée par une dichotomie croissante des systèmes de production, avec une production de subsistance, traditionnelle et à petite échelle d'une part, et des exploitations industrialisées, hautement spécialisées et intégrées verticalement de l'autre. Ce type d'exploitation industrialisée suit un modèle de distribution similaire à celui de la filière avicole intensive, en se concentrant à proximité des centres d'urbanisation et/ou des sources d'intrants. À un stade intermédiaire, divers types de systèmes de production commerciaux et semi-commerciaux peuvent être trouvés, qui combinent en général certains aspects de la production porcine industrialisée avec les traditions d'élevage locales et une moindre dépendance aux intrants externes.

La Chine et l'Asie du Sud-Est, avec leur bagage culturel solide en matière d'élevage porcin, ont considérablement accru leur population de porcs ces dernières décennies. La Chine possède à elle seule près de 50 pour cent de la population de porcs dans le monde, et le processus d'intensification s'est beaucoup accéléré pour approvisionner les centres urbains en expansion dont la demande en viande de porc et autres produits d'origine animale est en constante augmentation. À l'échelle mondiale, cependant - et certainement en Asie du Sud-Est et en Chine - une grande proportion des animaux est encore élevée dans des petites exploitations, des petits élevages familiaux ou en libre parcours. Dans les zones à forte densité de porcs en Asie, la proximité des différents systèmes de production avec différents niveaux de biosécurité est un facteur important qui détermine la portée et l'effet que les maladies pourraient avoir sur les populations de porcs.

Les liens et les interactions entre les systèmes de production dans un contexte donné peuvent être tout à fait uniques et doivent être compris pour pouvoir élaborer des stratégies de prévention et de lutte contre les maladies. Ces stratégies doivent éviter les recommandations « à taille unique » et laisser suffisamment de flexibilité pour identifier les principaux facteurs de risque épidémiologiques au niveau sous-national.

Dynamique de la SDRP hautement virulente en Chine et en Asie du Sud-Est

Au cours de l'été 2006, une nouvelle variante du VSDRP est apparue en Chine et a d'abord été signalée comme étant une maladie avec un symptôme fébrile. Cette maladie a plus tard été identifiée comme une forme atypique du SDRP, qui, selon le Centre chinois de contrôle des maladies animales (CCDA), a touché presque 2 120 000 porcs et en a tué 400 000. Cliniquement, le SDRP-HV diffère grandement du SDRP typique et se caractérise par une forte fièvre (40 à 42 °C), des pétéchies, un érythème avec perte de coloration et des taux de mortalité élevés atteignant les 100 pour cent dans les unités de production, chez les porcs de tous âges, y compris les porcs adultes et à l'engrais.

La maladie a persisté dans sa forme épidémique en 2007, avec de graves répercussions sur la population de porcs. Du 1er janvier au 22 août 2007, les statistiques publiées par le Gouvernement chinois ont signalé 826 foyers de SDRP dans 26 provinces, régions autonomes et municipalités. Au total, 257 000 porcs sont tombés malades, 68 000 sont morts et 175 000 ont été éliminés (abattus). Parmi ces 26 provinces, les plus touchées étaient situées le long du fleuve Yangtze au sud de la Chine (Hebei, Shanghai, Jiangsu, Zhejiang, Anhui, Fujian, Jiangxi, Shandong, Hubei,

**La Chine et l'Asie
du Sud-Est ont
considérablement
augmenté leurs densités
de porcs au cours des
dernières décennies**

Hunan, Guangdong, Guangxi, Hainan, Chongqing, Ningxia, Xinjiang, Tianjin, Liaoning, Gansu). En 2007, des souches très virulentes du VSDRP sont apparues au Viet Nam et aux Philippines (des souches typiques du SDRP ont été signalées pour la première fois en 1998). Selon le modèle de propagation au Viet Nam (2007-2010), ces nouvelles souches seraient apparues dans la partie nord du pays en mars 2007. Cela a coïncidé avec la fête du Têt, une des principales « périodes d'exploitation » dans la production porcine, durant laquelle les personnes et les produits d'origine porcine se déplacent davantage dans le pays. Une deuxième vague d'infection, apparemment avec la même souche, a eu lieu en juin 2007 dans le sud du pays. En 2010, les données de surveillance du nord du Viet Nam ont révélé une « nouvelle » variante du VSDRP de 2010, tandis qu'une combinaison de nouvelles et anciennes variantes a été détectée dans le sud du pays.

Aux Philippines, la maladie s'est principalement répandue dans les zones avec une forte densité de porcs et dont la production porcine commerciale est en augmentation. Le nombre de cas détectés a augmenté chaque année (les résultats de 2010 ne sont pas encore disponibles). Les activités de surveillance ont clairement montré que la plupart des cas positifs avaient également été testés positifs pour d'autres agents pathogènes porcins tels que le virus de la peste porcine classique (PPC), le circovirus porcin de type 2 (CVP2) et le virus de la grippe porcine (SIV). Une infection bactérienne secondaire peut également contribuer à l'aspect clinique du SDRP-HV.

La Thaïlande a signalé un cas de SDRP-HV pour la première fois en 2008, mais, même en incluant les données de 2009, le nombre de cas était faible (25 en 2008 et 33 en 2009). En 2010, la maladie a provoqué une vague épidémique particulièrement préoccupante dans les petites exploitations commerciales, avec 145 foyers en octobre 2010 (dernières données disponibles). Des co-infections par d'autres maladies porcines ont également été signalées, mais semblent avoir été moins fréquentes que celles signalées aux Philippines.

Le Cambodge et la République démocratique populaire lao furent les derniers pays à déclarer cette nouvelle variante hautement pathogène du SDRP. Ils ont tous deux signalé leurs premiers cas en 2010 dans de petites exploitations commerciales. Le Myanmar n'a pas trouvé de cas positifs, mais la surveillance a été accrue en 2010 avec la vague épidémique dans la Thaïlande voisine. La propagation de la SDRP dans la région au fil du temps et de l'espace est résumée dans la Figure 2.

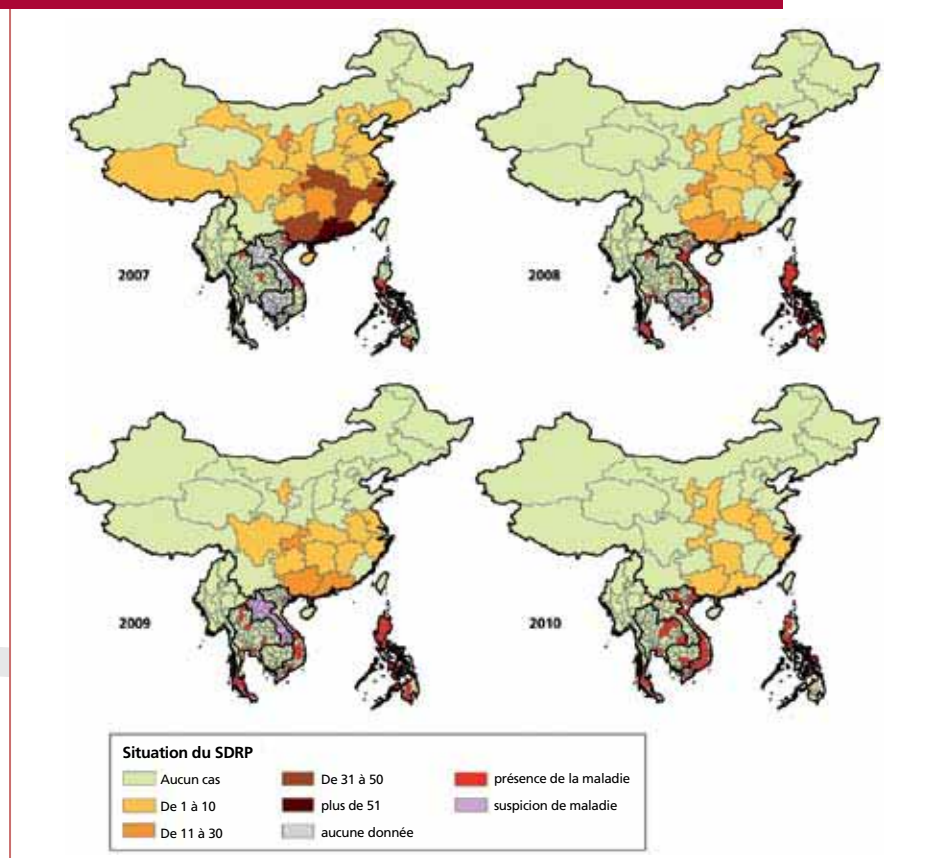
■ Résumé du modèle de propagation de la maladie et des réactions des pays

Une explication possible de l'épidémie de SDRP de 2006/2007 en Chine et, plus tard, au Viet Nam, serait l'évolution de l'ancêtre du VSDRP d'origine nord-américaine (type 2) en une souche très virulente sous la pression de la sélection en Chine suite aux changements dans les pratiques d'élevage porcin, au lien épidémiologique entre un grand nombre d'animaux dans des exploitations très diversifiées, et aux facteurs environnementaux (température et humidité relative en été).

Suite à son apparition en 2006 dans des zones avec une forte densité de porcs en Chine, le virus s'est propagé en Asie du Sud Est. Il semble évident, au moins pour la grande région du Mékong, que la maladie suivait la voie de l'intensification de la production porcine et s'est d'abord établie dans les pays avec une proportion plus importante d'élevages porcins commerciaux et avec de fortes densités d'animaux (Viet Nam, Thaïlande et Philippines). Le virus a pénétré plus tardivement dans les pays avec un secteur commercial moins développé (Cambodge et République démocratique populaire lao) en raison de l'absence de mesures de biosécurité dans les chaînes de valeur et de l'absence de réglementation et d'incitation pour lutter contre les



Figure 2: La propagation du SDRP hautement virulent en Asie du Sud, de 2007 à la mi-2010



maladies porcines. Dans ces environnements de production plus diffus, l'absence de surveillance des maladies au niveau communautaire et le manque de capacité des services vétérinaires pour faire rapidement face à ces épidémies a également contribué à l'installation de la maladie.

Sans vouloir blâmer les pays ou les systèmes de production pour la propagation de ce virus, la tendance générale du SDRP à affecter les exploitations commerciales pour éventuellement s'étendre aux petites exploitations et aux élevages de subsistance est bien mise en évidence dans ce cas. Il faut porter une attention particulière au rôle que pourraient jouer les petites exploitations dans la persistance du virus au sein des zones avec une forte densité de porcs. Les observations dans le sud du Viet Nam suggèrent que le virus hautement virulent du SDRP continue de circuler dans les petits élevages mais il sera moins susceptible de contaminer en retour les plus grandes unités commerciales si des mesures de biosécurité sont appliquées.

Avec l'apparition de cette maladie porcine hautement virulente, les autorités vétérinaires nationales de la région ont été confrontées à un nouveau défi. Elles ont dû mettre en place ou renforcer les capacités de diagnostic et concevoir des approches de contrôle des maladies. Suite aux premières incursions, les pays ont eu tendance à mener des politiques d'abattage systématique visant à éliminer l'agent pathogène. L'apparition continue de nouveaux foyers qui peuvent également avoir été le résultat d'une réintroduction, comme on le voit au Viet Nam, a montré que l'abattage est une mesure de contrôle inadéquate, et le pays s'est orienté vers la vaccination des animaux sensibles.

Le contexte mondial: les facteurs favorisant et les risques

L'émergence quasi simultanée, dans les années 80 sur des continents différents, de deux génotypes génétiquement très distincts du virus SDRP est toujours discutée. Les connaissances actuelles sur l'épidémiologie du VSDRP chez les sangliers et dans le secteur de la production porcine à petite échelle laisse supposer que l'industrialisation de la production porcine est à l'origine de l'évolution du virus et des modifications de sa virulence. L'intensification de la production implique des changements massifs dans les pratiques de l'élevage porcin: la contention des porcs à l'intérieur de bâtiments, l'augmentation de la taille des troupeaux dans un même espace, la décomposition du système traditionnel mise-bas-abattage en systèmes de production multi-site très spécialisés, et l'utilisation accrue de l'insémination artificielle. Ces facteurs ont conduit à une chaîne de production porcine dans laquelle les contacts rapprochés entre les hôtes favorisent la circulation soutenue de virus infectieux tels que VSDRP, y compris les souches hautement virulentes.

Les couloirs géographiques et commerciaux reliant les différentes sous-populations de bétail posent des défis épidémiologiques de plus en plus importants. Ces couloirs sont la raison pour laquelle le SDRP-HV, ainsi que d'autres maladies, y compris la fièvre aphteuse et la PPA, se sont propagés en Asie orientale. Ces dynamiques de propagation des maladies sont renforcées et soutenues par les paysages agricoles où les petites exploitations et les unités de production intensive cohabitent, en aggravant la vulnérabilité de l'Asie de l'Est aux épidémies de maladies du bétail.

■ Impact sur le secteur porcin

Avec l'importance croissante de la production porcine dans de nombreuses régions du monde, l'émergence d'une souche très virulente du VSDRP qui a déjà atteint les populations de porcs dans certaines régions asiatiques peut être considérée comme une menace grave pour la santé des animaux dans d'autres régions du globe. Ce virus peut avoir un grand impact socio-économique sur les moyens d'existence de millions d'éleveurs de porcs.

Le SDRP- HV a émergé dans le secteur de la production porcine intensive en Asie orientale, où le virus a apparemment rencontré les bonnes conditions pour faire une poussée de virulence. Ce n'est pas le cas dans d'autres régions avec une densité de porcs élevée. Le virus s'est ensuite propagé dans cet environnement productif. Le VSDRP hautement virulent trouvera son chemin vers d'autres régions du monde en fonction des caractéristiques des déplacements et du commerce au sein du secteur porcin commercial. Le matériel génétique de porc de race améliorée voyage habituellement depuis l'Europe occidentale et l'Amérique du Nord vers d'autres parties du monde, car les troupeaux de base des principaux élevages de reproducteurs sont situés dans ces régions. Les réglementations commerciales ne favorisent pas les importations d'animaux et de semence provenant d'Asie et réduisent de ce fait le risque d'introduction de la maladie. Les marchés en croissance en Amérique du Sud, au Mexique et en Europe de l'Est qui peuvent être intéressés par les chaînes de commercialisation en Asie devront faire face à des risques considérables si les flux de commerce comprennent le transport de matériel génétique dans leur pays.

L'impact socio-économique

Le SDRP est considéré comme la maladie virale la plus importante d'un point de vue économique qui circule dans les élevages porcins intensifs en Asie, en Europe et en Amérique du Nord. Les pertes financières sont principalement dues à l'augmentation du taux de mortalité, aux mauvais résultats en matière de reproduction, et aux coûts secondaires des mesures de contrôle, des vaccins et des médicaments. Les maladies secondaires aux épidémies de SDRP peuvent entraîner des coûts supplémen-

**Le SDRP-HV a émergé
dans le secteur
de la production porcine
intensive en Asie orientale**



taires. En outre, des examens de laboratoire pour établir le diagnostic et faire le suivi du bétail sont nécessaires lors d'une introduction du virus SDRP afin d'effectuer un contrôle complet et développer des stratégies d'éradication. Les pertes engendrées par le SDRP sont estimées à environ 560 320 000 dollars EU par an pour les producteurs de porcs aux Etats-Unis. L'épidémie de SDRP-HV en Chine et au Viet Nam a causé des pertes importantes et une augmentation significative du prix du porc.

En général, les évaluations socio-économiques du SDRP et des maladies porcines dans les pays en développement ne sont pas nombreuses. Aucune évaluation socio-économique du SDRP dans l'industrie porcine et chez les petits exploitants n'a été effectuée en Chine ou au Viet Nam.

La réponse de la FAO et les principales recommandations

La FAO soutient les activités de contrôle du SDRP dans les pays d'Asie du Sud-Est depuis 2007, en fournissant une assistance technique pour aider à comprendre l'épidémiologie du SDRP, en renforçant les capacités de diagnostic dans les différents contextes et pays, et en soutenant la mise en œuvre des stratégies nationales de lutte contre cette maladie dans un cadre régional. En novembre 2010, la FAO a réuni un certain nombre de représentants de pays d'Asie du Sud-Est lors d'un atelier pour examiner les activités de surveillance des maladies porcines et la gestion de la santé animale dans le secteur porcin.

Principales recommandations pour le contrôle du SDRP

- Améliorer l'échange rapide d'informations pertinentes sur le plan épidémiologique entre les pays touchés, dans un cadre régional qui entretient les stratégies nationales de contrôle.
- Evaluer les risques et l'impact de la maladie le long de la chaîne de production, pour mieux comprendre l'épidémiologie du SDRP.
- Concevoir et mener une stratégie nationale, en harmonie avec les stratégies existantes pour les maladies affectant le secteur porcin, afin de détecter et lutter contre les épidémies de SDRP.
- Améliorer la surveillance axée sur le risque pour les maladies porcines et renforcer les capacités à tous les niveaux, y compris les réseaux de laboratoires nationaux.
- Accroître la sensibilisation de tous les intervenants le long de la chaîne de production en ce qui concerne la maladie et son impact global sur les moyens d'existence de la population.
- Encourager le soutien aux producteurs de porcs quelle que soit la taille de leurs exploitations, afin d'améliorer la biosécurité en fonction des capacités de leurs systèmes de production.
- Promouvoir l'utilisation appropriée de vaccins sûrs et efficaces correspondant aux souches en circulation, en tant qu'outils pour réduire les symptômes cliniques.
- Éviter d'abattre les animaux lorsque le dédommagement des producteurs n'est pas prévu par la législation.

Extrait de: K. Dietze, J. Pinto, S. Wainwright and C. Hamilton. 2011. Porcine reproductive and respiratory syndrome (PRRS): virulence jumps and persistent circulation in Southeast Asia. *FAO Focus*. www.fao.org/docrep/013/al849e/al849e00.pdf.

La peste bovine

Un monde indemne de peste bovine

Colloque mondial sur le Programme d'éradication de la peste bovine, 13 et 14 octobre 2010.

Depuis sa fondation en 1945, l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (OAA/FAO) a combattu la peste bovine. Cela s'est traduit par la mise en œuvre de campagnes de vaccination au nom des pays membres, en fournissant des vaccins et des équipements, en délivrant des formations, des assistances et des conseils techniques et en assurant la coordination du Programme mondial d'éradication de la peste bovine (GREP) au cours des 17 dernières années. Le GREP a coordonné et aidé de plus en plus activement les campagnes nationales et régionales de lutte contre les derniers foyers d'infection en Afrique et en Asie, le dernier cas confirmé de peste bovine dans le monde datant de 2001. Depuis lors, les activités de surveillance de la maladie et du virus n'ont montré aucun signe d'existence de la peste bovine à l'état naturel chez les animaux d'élevage ou dans la faune sauvage. La FAO et l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE) ont établi un comité mixte afin d'examiner les preuves d'absence de la maladie fournies par tous les pays. La FAO et l'OIE devraient déclarer conjointement l'éradication de la peste bovine de la planète lorsque le comité soumettra son rapport final en 2011. Le virus de la peste bovine n'est que le deuxième agent pathogène, et le premier agent pathogène causant une maladie chez le bétail, à avoir été éliminé dans le monde. Dans cette perspective, la FAO a mis fin à ses opérations sur le terrain contre la peste bovine, 60 ans environ après les avoir commencées.

Cependant, la FAO continuera à lutter contre la peste bovine dans au moins deux domaines. Le premier est l'élaboration d'une stratégie scientifique afin de préserver la population mondiale de bovins désormais très sensible d'une fuite accidentelle du virus conservé dans les laboratoires. Le développement de cette stratégie a été confié au Comité mixte FAO/OIE qui soumettra une proposition et des recommandations d'ici mi-2011. Le deuxième domaine est l'évaluation de la feuille de route qui a permis l'éradication de la peste bovine afin de mettre en évidence et d'enregistrer les leçons apprises au cours de ce processus. Il sera alors utile de voir comment ces leçons pourront être appliquées à d'autres maladies, en particulier à la peste des petits ruminants (PPR), une maladie des ovins et des caprins causée par un virus étroitement apparenté au virus de la peste bovine et ayant les mêmes caractéristiques épidémiologiques. Pour répondre à ce second point, la FAO a organisé un colloque à Rome le 13 et 14 octobre 2010 qui a rassemblé des scientifiques de plusieurs pays et d'autres spécialistes dans le domaine de la santé animale. Plus de 100 experts d'organisations internationales et régionales, de membres du personnel de terrain des pays qui ont joué un rôle clé dans les campagnes d'éradication de la peste bovine, et de scientifiques et vétérinaires qui ont apporté des contributions importantes à l'éradication ont participé au symposium.

A la fin du colloque, la FAO a reçu les deux recommandations suivantes:

1. Le succès de l'éradication mondiale de la peste bovine doit être largement et intensivement communiqué et disséminé afin de mettre l'accent sur:
 - a. le rôle joué par toutes les parties prenantes, y compris les éleveurs;
 - b. les avantages que l'éradication a apportés et continuera d'apporter aux particuliers ainsi qu'à l'ensemble de la communauté;



- c. les leçons apprises au cours du processus d'éradication, et leurs applications potentielles à d'autres maladies;
 - d. la stratégie post-éradication, y compris la séquestration de tous les stocks de virus et l'archivage de tous les documents (articles, livres et rapports sur la peste bovine), pour assurer la sécurité de l'élevage à travers le monde; et la nécessité de mobiliser des ressources nationales et internationales à cet effet.
2. Les organisations internationales et régionales et toutes les parties prenantes doivent appliquer les leçons tirées de l'éradication de la peste bovine à d'autres maladies, notamment le contrôle progressif et l'éventuelle éradication de la PPR. Cela pourrait être mis en œuvre à travers un programme plus vaste d'amélioration de la santé des petits ruminants, et également au sein de projets et d'activités spécifiques tant au niveau régional que national. La FAO devrait se positionner en tant que chef de file dans l'organisation des étapes préliminaires nécessaires au lancement de cette initiative mondiale et dans l'identification de partenariats appropriés pour mettre en œuvre les activités requises.

Auteurs: Felix Njeumi (FAO), Francesca Ambrosini (FAO) et Paul Rossiter



Ateliers

Renforcement des systèmes de prévention et de contrôle des maladies animales transfrontières dans le Maghreb et en Egypte

Afin d'appuyer le programme de santé animale en Afrique du Nord, le Gouvernement espagnol, par l'intermédiaire de l'Agence espagnole de coopération internationale pour le développement (AECID), a fourni une contribution supplémentaire de 2,5 millions de dollars EU dans le cadre du projet GCP/RAB/010/SPA « Renforcement des systèmes de prévention et de contrôle des maladies animales transfrontières dans le Maghreb et en Egypte: Vers un réseau de santé animale méditerranéen » (REMESA). Grâce à ce réseau, le projet vise à renforcer la coopération régionale et le partage de l'information pour la surveillance épidémiologique, les laboratoires, la communication et les activités socio-économiques. Les maladies prioritaires sont la fièvre aphteuse, la fièvre de la vallée du Rift, la peste des petits ruminants, l'influenza aviaire hautement pathogène, la rage, la fièvre catarrhale du mouton et le virus du Nil occidental. Le projet de trois ans a débuté officiellement en juin 2010.

Le REMESA est un réseau régional associant les cinq pays du Maghreb (Algérie, la Jamahiriya arabe libyenne, le Maroc, la Mauritanie et la Tunisie), l'Egypte et les pays du sud de l'Europe occidentale (France, Italie, Portugal et Espagne). Il a été établi à Avila (Espagne) en avril

2008 par ces pays, l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (OAA/FAO), l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE), l'Union du Maghreb arabe (UMA) et l'Union européenne (L'UE). Le réseau favorise la coopération transfrontalière en matière de santé animale, en facilitant la coordination des stratégies de contrôle des maladies animales, le partage des

expériences et l'échange régulier d'informations sur la situation zoo-sanitaire dans la région.

Le REMESA est géré par un Comité conjoint permanent (CCP), présidé alternativement par ses pays membres. La FAO et l'OIE sont tous deux membres du CCP et coordonnent le réseau dans le cadre du Centre régional de santé animale (CRSA) de la FAO/OIE pour l'Afrique du Nord, une plate-forme régionale associant les opérations en Afrique du Nord du Centre d'urgence pour la lutte contre les maladies transfrontières de la FAO (ECTAD-NA) et de la Représentation sous régionale pour l'Afrique du Nord de l'OIE. Le centre ECTAD-NA de la FAO assurera le secrétariat du réseau jusqu'en décembre 2011.

Les pays membres du REMESA et les autres pays du bassin méditerranéen sont tous dans la même zone géo-sanitaire, et courent donc les mêmes risques épidémiologiques pour de nombreuses maladies animales et zoonoses transfrontières qui menacent les ressources animales, la santé publique et les économies nationales. Les pays membres du REMESA sont engagés

Atelier de lancement sur le renforcement des systèmes de prévention et de contrôle des maladies animales transfrontières dans le Maghreb et en Egypte



© FAO/YOUSRA TAOUIS



dans un processus de rapprochement politique et économique, par l'intermédiaire de l'UMA et d'initiatives de coopération plus larges, telles que le Partenariat euro-méditerranéen (EU-ROMED) et son Processus de Barcelone, et le projet d'Union pour la Méditerranée (UPM). Tous ces facteurs géopolitiques renforcent la pertinence du REMESA et de ses programmes et projets de soutien.

Pour améliorer les échanges, la coordination et la capacité technique aux niveaux national et régional, le REMESA s'appuie également sur un site d'information / plate-forme¹, qui a été récemment ouvert pour favoriser l'échange de documentation et d'information entre les pays membres.

Le Centre ECTAD-NA de la FAO a organisé l'atelier de lancement du 29 novembre au 1^{er} décembre 2010 à Tunis, avec environ 40 participants issus des pays bénéficiaires du projet - l'Algérie, l'Égypte, la Jamahiriya arabe libyenne, le Maroc, la Mauritanie et la Tunisie - ainsi que des membres de l'ECTAD-NA et du siège de la FAO. Chaque pays était représenté par au moins un expert dans chaque domaine thématique du REMESA: l'épidémiologie, la socio-économie, les laboratoires et la communication.

Cet atelier de lancement avait pour objectif de permettre aux représentants des six pays de développer les concepts du projet, de s'impliquer dans sa mise en œuvre et d'identifier les activités dans chaque domaine thématique. Les participants ont été divisés en groupes de travail pour soutenir les quatre sous-réseaux de REMESA:

- RELABSA: le sous-réseau des laboratoires spécialisés en santé animale;
- REPIVET: le sous-réseau de surveillance épidémiologique;
- RECOMSA: le sous-réseau de communication en santé animale;
- RESEPSA: le sous-réseau socio-économique pour la communication en santé animale.

Chaque groupe de travail a élaboré des activités spécifiques pour soutenir les pays et les sous-réseaux de REMESA dans différents domaines d'intervention, en ligne avec les stratégies régionales pour la prévention et le contrôle coordonnés des maladies animales prioritaires.

Cet atelier avait comme autre objectif de présenter les plans de travail aux hauts fonctionnaires de la santé animale des pays du réseau, à l'organisme donateur, et aux collaborateurs et bailleurs de fonds potentiels. Le dernier jour de l'atelier, les chefs des services vétérinaires des pays participants, le Représentant sous régional de l'OIE pour l'Afrique du Nord, les représentants de l'AECID et les organismes donateurs basés en Tunisie, ainsi que d'autres intervenants, ont rejoint l'atelier pour examiner et discuter des plans de travail des groupes de travail thématiques. La FAO a présenté un aperçu général du projet et des résultats de l'atelier, qui a été suivi par une présentation détaillée des questions examinées et des matrices de plan de travail de chaque groupe. L'atelier s'est achevé par une séance plénière pour présenter et discuter des recommandations sur la mise en œuvre du projet formulées par les participants. Un rapport détaillé de l'atelier est disponible sur le site web d'ECTAD-NA.²

Auteur: ECTAD Tunisie



© FAO/DANIEL GRÉGOIRE

Les points focaux pour la communication de l'Algérie, de la Jamahiriya arabe libyenne, du Maroc, de la Mauritanie et de la Tunisie travaillant ensemble

¹ www.remesanetwork.org.

² www.fao-ectad-tunis.org/.



Système de prévention et de réponse rapide contre les ravageurs et les maladies transfrontières des animaux et des plantes

L'unité « Santé et écologie de la faune » mène un atelier « Une seule santé » en Afrique australe

L'Unité Santé et écologie de la faune du Système de prévention et de réponse rapide contre les ravageurs et les maladies transfrontières des animaux et des plantes (EMPRES) met notamment en œuvre des activités qui visent à renforcer les capacités des services de santé animale en matière de surveillance des maladies de la faune et d'enquête sur les foyers infectieux. Ce travail est de plus en plus axé sur l'application d'une approche « Une seule santé » pour la compréhension et l'investigation des maladies infectieuses qui se développent à l'interface entre le bétail, la faune et les êtres humains. En novembre 2010, la FAO et ses partenaires - le Département des maladies tropicales vétérinaires de l'Université de Pretoria, l'Accord relatif à la conservation des Chauves-Souris en Europe (EUROBATS), la Convention sur la conservation des espèces migratrices appartenant à la faune sauvages (CMS), la Société zoologique de Londres (ZSL) et la Société pour la conservation de la faune sauvage (WCS) – ont organisé un atelier « interface homme - animal - environnement » portant sur « l'enquête sur la faune et les maladies du bétail (WILD): implications pour la santé publique ».

L'atelier s'est déroulé sur cinq jours à Johannesburg en Afrique du Sud avec la participation de 27 agents des ministères de l'agriculture, de l'environnement et de la santé de 12 pays: l'Angola, le Botswana, le Ghana, le Lesotho, le Malawi, Maurice, le Mozambique, les Seychelles, l'Afrique du Sud, le Swaziland, la Zambie et le Zimbabwe. Durant l'atelier les experts ont abordé les sujets suivants: les maladies de la faune sauvage, l'écologie de la faune, les stratégies de surveillance des maladies, les réponses à l'apparition de foyers infectieux, l'épidémiologie et les facteurs d'émergence des maladies. Pour faciliter l'application des concepts théoriques, des activités pratiques fondées sur la résolution de problèmes ont été mises en œuvre pour encourager les différents participants à travailler ensemble et à développer une solution et/ou approche « Une seule santé » face à des scénarios plausibles de maladie. Dans le but de régler les problèmes découlant de l'apparition d'un foyer épidémique à une interface donnée, des équipes ont été constituées et ont dû élaborer des réponses multisectorielles et des plans de gestion pour la surveillance des maladies, les enquêtes sur les foyers épidémiques et les programmes de contrôle.

Des collègues du bureau de Gaborone du Centre d'urgence pour la lutte contre les maladies animales transfrontières de la FAO (ECTAD) ont présenté leur étude en cours de réalisation sur les maladies au niveau de l'interface buffle - bovin au Botswana qui est un exemple de projet de terrain réussi grâce à la collaboration des secteurs de l'élevage et de la faune sauvage. Parmi les différentes maladies à cette interface, le projet s'est focalisé sur le contrôle de deux zoonoses - la brucellose et la tuberculose (TB). Un atelier d'une journée a été consacré à l'écologie de la chauve-souris, aux agents pathogènes pour lesquels les chauves-souris sont des réservoirs, aux défis posés par la conservation et aux techniques de surveillance des chauves-souris sur le terrain. Cet atelier a été mené par des collègues affiliés à la CMS-EUROBATS, qui ont utilisé du matériel de piégeage et des chauves-souris vivantes pour présenter les techniques de contention et de prélèvement adéquates afin de pouvoir surveiller les maladies transmises par les chauves-souris.



© FAOTRACY MCCracken

Les formateurs et les participants de la formation WILD sud-africaine



Les évaluations effectuées avant et après l'atelier sur les thèmes abordés ont montré que les connaissances des participants s'étaient nettement améliorées, notamment sur (i) les principales maladies émergentes, (ii) les facteurs agronomiques, biologiques, écologiques et épidémiologiques impliqués dans le risque de transmission de maladies entre la faune, le bétail et les populations humaines, et (iii) l'importance d'une approche interministérielle et pluridisciplinaire pour contrôler et enquêter sur les maladies. D'après les participants, les activités axées sur la résolution des problèmes et les travaux interdisciplinaires furent les éléments les plus précieux de la formation.

Cet atelier est la première activité WILD menée en Afrique. Il repose sur quatre sessions de formation sur la capture, la contention et l'échantillonnage d'animaux sauvages précédemment menées par le Bureau interafricain des ressources animales de l'Union africaine (UA-BIRA)³ et la FAO dans le cadre du projet du Programme d'appui aux plans d'action nationaux intégrés (SPINAP)⁴. En collaboration avec l'UA-BIRA, le CMS-EUROBATS et le Royal Veterinary College (Royaume-Uni), la FAO prévoit de mettre en œuvre trois autres formations WILD au cours des six prochains mois, en Afrique de l'Est, centrale et de l'Ouest, avec le soutien de la composante RESPOND du Projet EPT (Emerging Pandemic Threats - Menaces posées par les pandémies émergentes) financé par l'Agence des États-Unis pour le développement international (USAID).



© FAO/TRACY MCCracken

Dr Paul Racey de CMS-EUROBATS effectuant une démonstration de contention de chauves-souris

Auteur: Tracy McCracken (FAO)

³ www.au-ibar.org/index.php/en/who-we-are/overview.

⁴ www.au-ibar.org/index.php/en/projects/current-projects/spinap.

Réunions

L'ordre du jour pour la santé animale sur le plan international s'intéresse de plus en plus à la peste porcine africaine qui devient particulièrement préoccupante.

En réponse à l'incursion et à l'établissement de la peste porcine africaine (PPA) dans le Caucase depuis 2007, le Système de prévention et de réponse rapide contre les ravageurs et les maladies transfrontières des animaux et des plantes (EMPRES) a fourni des mises à jour régulières et des évaluations sur la situation épidémiologique, et a mis l'accent sur la nécessité d'une approche plus concertée et engagée vis à vis de cette maladie.

La propagation de cette maladie inquiète de plus en plus la communauté sanitaire internationale. En 2011, le dialogue entre les pays d'Europe orientale, les pays membres de l'Union européenne (UE) et les organisations internationales a relancé l'intérêt porté à cette maladie.

Cette préoccupation croissante s'est concrétisée par la réunion des experts vétérinaires sur la PPA tenue en janvier 2011 pour partager les connaissances les plus récentes sur la propagation de la maladie et les mesures de contrôle appliquées, et rédiger les points d'action pour une approche conjointe. Cette réunion a été organisée et présidée par le Dr Karin Schwabenbauer, Chef des Services vétérinaires (CVO) allemands, et en présence de représentants de la FAO, de l'UE, de l'OIE, de l'Autriche, du Danemark, de l'Allemagne, de l'Italie, de la Lettonie, de la Lituanie, de la Norvège, de la Fédération de Russie, de l'Espagne et des États-Unis d'Amérique. L'ordre du jour comprenait des présentations par des groupes de recherche sur la PPA et par des représentants des organisations internationales participantes. La FAO a souligné que, même si l'accent mis sur l'Europe orientale et le Caucase était compréhensible, le contexte mondial de la PPA ne devait pas être négligé. Ce contexte comprend l'endémicité de tous les géotypes de la PPA isolés dans les réservoirs naturels du virus en Afrique sub-saharienne, et la préparation face à d'éventuelles futures vagues épidémiques dans les régions actuellement épargnées telles que l'Asie orientale, où plus de 55 pour cent de la population mondiale de porcs domestiques est élevée.

Le premier Forum vétérinaire pour l'Europe du Sud a été organisé en février 2011 à Budapest en Hongrie par la FAO et la Commission européenne de lutte contre la fièvre aphteuse (EUFMD), sous l'égide du Cadre mondial pour la maîtrise progressive des maladies animales transfrontières (GF-TADs) en Europe. Le forum a fourni une plate-forme pour discuter de la dynamique de la PPA, en se focalisant sur la préparation et la détection précoce dans les pays d'Europe du Sud-Est, qui doivent actuellement faire face à une menace accrue d'introduction de la maladie sur leur territoire. Les pays participants ont salué l'opportunité de discuter et de comparer les différentes étapes de la planification d'urgence vis-à-vis de la PPA et les projets de lutte contre la PPA dans la région. Ils souhaitent d'ailleurs pouvoir poursuivre le dialogue sur les sujets abordés.

Auteur: Klaas Dietz (FAO)



Atelier international organisé par la FAO sur les défis posés par les systèmes d'information et la surveillance des maladies animales et des zoonoses aux niveaux national, régional et mondial

Siège de la FAO, Rome, Italie, 23 au 26 novembre 2010

Cette réunion – ou atelier international – de trois jours a été organisée par l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (OAA/FAO) et a consisté en une série de présentations scientifiques effectuées par 44 experts issus de toutes les zones géographiques. Elles portaient sur les différents aspects de la promotion mondiale de la santé animale et des systèmes de prévention des maladies. Ces experts étaient issus d'un large éventail d'organisations internationales et régionales, des services vétérinaires, médicaux ou sanitaires nationaux, d'établissements universitaires et d'organisations à but non lucratif.

Ce rapport résume les discussions des participants sur les systèmes de surveillance et d'information. Elles ont exploré les questions soulevées lors des présentations et ont porté sur le fonctionnement, les caractéristiques, les objectifs, la conceptualisation, les besoins et les orientations futures des systèmes de surveillance et d'information nationaux, régionaux et mondiaux.



© FAO/GIULIO NAPOLITANO

*Participants de la réunion,
FAO, Rome, Italie*

La réunion était fondée sur les principes suivants:

- La surveillance des maladies visant à réduire la charge de morbidité et la pauvreté est un bien public mondial.
- Etant donné que les agents pathogènes ne respectent pas les frontières géographiques ou la barrière des espèces, les systèmes d'information sanitaires doivent être conçus pour dépasser les frontières géographiques et couvrir à la fois la santé humaine et animale, le cas échéant.
- La détection et l'alerte précoces sont d'une importance capitale pour permettre aux systèmes de santé de répondre aux événements, de réduire les risques et d'atténuer les conséquences de l'émergence des maladies.

Les participants à la réunion devaient atteindre les quatre objectifs suivants:

1. identifier les réussites et les défis auxquels sont confrontés les systèmes actuels de surveillance nationaux, régionaux et mondiaux, et proposer des moyens de surmonter les défis, y compris une stratégie pour faciliter le partage des données et le transfert de technologie entre les niveaux nationaux, régionaux et mondiaux des systèmes d'information sanitaires;
2. discuter de la standardisation des mécanismes d'échange de données entre les systèmes d'information, en se basant sur l'utilisation de logiciels et de technologies libres de droit;
3. identifier les méthodes appropriées pour l'amélioration de la collecte, la gestion, l'analyse et l'utilisation des données géo-référencées sur les maladies animales transfrontières (TAD), les zoonoses et les autres maladies émergentes;

4. rechercher un consensus sur les protocoles de partage des données officielles et non officielles entre les systèmes nationaux, régionaux et mondiaux d'information sur la santé animale.

Les recommandations et le rapport final de cette réunion sont disponibles à l'adresse: www-data.fao.org/ag/againfo/programmes/en/empres/surveillance_2010.html.

Auteur: Julio Pinto (FAO)

Réseau de laboratoires de référence et d'expertise pour la grippe aviaire, Troisième réunion technique annuelle Siège de la FAO, Rome, Italie, du 16 au 17 novembre 2010

Des scientifiques de haut niveau du Réseau de laboratoires de référence et d'expertise pour la grippe aviaire (OFFLU)⁵ et du secteur de la santé publique, y compris de l'Organisation mondiale de la santé (OMS) et des Centres pour le contrôle et la prévention des maladies (CDC), se sont rencontrés à Rome, en Italie, du 16 au 17 novembre 2010, pour discuter entre autres d'une série de défis techniques liés aux virus de l'influenza animale. OFFLU est un réseau ouvert d'expertise sur l'influenza animale créé conjointement en 2005 par l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE) et l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (OAA/FAO). Ce réseau soutient les efforts internationaux et facilite la collaboration pour (i) perfectionner le contrôle de l'influenza chez les espèces animales, (ii) améliorer le partage des données entre les parties prenantes de la santé animale et celles de la santé

publique impliquées dans la surveillance et le diagnostic de laboratoire des influenza et (iii) renforcer les capacités des laboratoires pour la détection, le diagnostic et la surveillance des influenza à l'échelle mondiale.

La réunion a porté sur l'identification des priorités pour la recherche et sur les nouvelles mesures pour améliorer et coordonner la surveillance et le contrôle à l'échelle mondiale. Des scientifiques de plus de 30 pays avec des do-

maines d'expertise portant sur les influenza équine, porcine et aviaire et la grippe humaine ont partagé leurs dernières expériences, idées et résultats de recherche.

Suite à l'émergence de la pandémie du virus de la grippe humaine H1N1 (2009), qui contient des composantes génétiques de virus porcins et aviaires, les ressources du réseau ont été mobilisées pour soutenir les efforts internationaux dans la lutte contre cette nouvelle menace mondiale. La contribution d'OFFLU au processus de sélection des souches vaccinales contre la grippe humaine de l'OMS a été formalisée en janvier 2011. OFFLU continuera à renforcer les liens au sein des réseaux de santé animale et à collaborer avec le réseau de lutte contre l'influenza de l'OMS sur les questions liées à la santé publique.

La réunion a également donné l'occasion de souligner les réussites d'OFFLU, notamment (i) les orientations globales en matière de surveillance, de contrôle et de prévention des risques biotechnologiques liés à l'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP), (ii) l'aide aux pays afin de développer des stratégies de vaccination contre la grippe aviaire, et (iii) la capacité de répondre



© FAO/GIULIO NAPOLITANO

*Participants de la réunion,
FAO, Rome, Italie*

⁵ www.offlu.net/index.html.



rapidement à la pandémie de H1N1 en fournissant des conseils techniques d'urgence sur les effets de cette nouvelle maladie sur la santé animale.

Un certain nombre de projets conjoint OMS-OFFLU ont été décrits, et la réunion a été importante tant pour la santé animale que pour la santé publique. Les experts de ces secteurs ont accepté de collaborer à une initiative historique visant à trouver des moyens de prédire l'apparition possible de nouvelles menaces en examinant les séquences génétiques des virus recueillis par les systèmes de surveillance mondiaux de l'influenza animale.

La réunion a de plus permis de définir (i) un agenda de recherche pour OFFLU sur l'influenza équine, porcine, aviaire, et chez les oiseaux sauvages, (ii) un mécanisme de coordination mondiale pour la surveillance de la grippe porcine, (iii) un réseau d'essais d'aptitude dans le monde entier, (iv) un groupe d'experts pour surveiller les mutations du virus, (v) une feuille de route pour le renforcement des capacités, et (vi) des recommandations pour l'amélioration de l'efficacité de l'utilisation du vaccin.

Grâce à sa base de connaissances multidisciplinaires et ses liens avec des collaborateurs internationaux, OFFLU joue un rôle central dans le renforcement des liens techniques entre les laboratoires de santé humaine et animale aux niveaux national, régional et mondial. Des progrès significatifs ont été accomplis dans le cadre de la lutte contre l'influenza animale (H5N1): la sélection et l'efficacité des vaccins, les stratégies de vaccination, la cartographie génétique, l'entretien des relations et le renforcement des capacités des services vétérinaires nationaux. OFFLU offre une plate-forme technique stratégique au niveau mondial pour la promotion des activités nécessaires pour répondre aux influenzas animales à l'échelle mondiale.

La réunion a permis de définir les principaux points d'action suivants pour OFFLU

1. OFFLU (OIE / FAO) fera une déclaration sur l'utilisation des accords de transfert de matériel pour le partage des souches de virus et autre matériel biologique entre les instituts.
2. Le groupe d'épidémiologie appliquée d'OFFLU examinera les besoins en données sur la surveillance de l'influenza concernant les infections existantes et / ou les mécanismes de déclaration des maladies.
3. OFFLU a produit un antisérum H5 standard, et présentera un dossier à l'OIE pour obtenir la norme OIE.
4. L'activité technique d'OFFLU sur les essais d'aptitude coordonnera un test d'aptitude international pour la détection des virus de l'influenza A par réaction en chaîne de la polymérase en temps réel (PCR).
5. OFFLU élaborera une activité technique pour la coordination globale de la surveillance et la recherche sur le virus de l'influenza porcine.
6. OFFLU publiera son programme de recherche sur son site web.
7. L'OMS, l'OIE et la FAO formaliseront la collaboration d'OFFLU dans le processus de sélection du vaccin contre le virus de la grippe humaine.

Auteur: Dauphin Gwenaëlle (FAO, OFFLU), Claes Filip (FAO, OFFLU) et Kim Mia (FAO, OFFLU)

Actualités

Réunions et publications

Réunions et manifestations

- Atelier « Une seule santé », FAO, Rome, Italie, 4 au 6 mai 2011
- Conférence mondiale sur l'éducation vétérinaire, VetAgro Sup, Campus Vétérinaire, Lyon, France, 12 au 16 mai, 2011
- 79^{ème} Session générale de l'Assemblée mondiale des délégués de l'OIE, Paris, France, 22 au 27 mai, 2011, comprenant l'éradication de la peste bovine, sa reconnaissance par les pays restants et sa résolution, le 25 mai 2011 (www.oie.int/eng/session2011/infos.htm)
- 6^{ème} Symposium international sur les maladies porcines émergentes et ré-émergentes, Barcelone, Espagne, 12 à 15 juin 2011
- Vers un monde plus sûr - Approches pratiques pour la préparation précoce aux catastrophes, Rome, Italie, 15 à 17 juin 2011 (organisé par le Programme alimentaire mondial [PAM])
- Colloque sur l'éradication de la peste bovine: réalisations et obligations, FAO, Rome, Italie, 27 juin 2011 (pour les vétérinaires en chef et les invités spéciaux)
- Session plénière de la Conférence (Déclaration d'un monde exempt de peste bovine), FAO, Rome, Italie, 28 juin 2011.
- 3^{ème} Conférence internationale sur le développement durable des productions animales dans les pays en développement, Nakhonratchasima, Thaïlande, 26 au 29 juillet 2011 (www.saadc2011.com/home.php)
- Conférence mondiale sur la lutte contre la rage, Séoul, République de Corée, 7 au 9 septembre 2011
- 31^{ème} Conférence du Conseil scientifique international de recherches et de lutte contre la trypanosomiase (CSIRTC), Bamako, Mali, 12 au 16 septembre 2011 (www.au-ibar.org/index.php/en/media/calendar-of-events/details/49-31e-conference-of-the-CSIRLT-Bamako-Mali)
- Journée mondiale de la rage, 28 septembre 2011 (www.worldrabiesday.org/)
- 7^{ème} Congrès européen de médecine tropicale et de santé internationale (ECTMIH), Barcelone, Espagne, 3 au 6 octobre 2011 (www.ectmihbarcelona2011.org/homeweb.aspx)
- Réunion ministérielle conjointe (JMM) sur la grippe aviaire, Cancun, Mexique, 10 au 14 octobre 2011
- 30^{ème} Congrès mondial vétérinaire 2011: Prendre soin des animaux: des communautés en bonne santé, Le Cap, Afrique du Sud, 10 au 14 octobre 2011
- Cérémonie de clôture internationale de l'Année mondiale vétérinaire, Le Cap, Afrique du Sud, 10 au 14 octobre 2011
- 2^{ème} Conférence mondiale sur les invasions biologiques et le fonctionnement des écosystèmes, Mar de la Plata, Argentine, 21 au 24 novembre 2011

Réunions du Programme mondial d'éradication de la peste bovine (GREP):

- Nairobi, Kenya, 5-8 mai 2011
- Bangkok, Thaïlande, 7 à 10 juin 2011
- Rabat, Maroc, 14 au 17 juin 2011
- Addis-Abeba, Ethiopie, Formation sur la biosécurité, la séquestration et le diagnostic moléculaire de la peste bovine, 4 au 8 juillet 2011



Publications de la FAO sur la production et la santé animales

- **Manuel FAO Production et santé animales No. 8:** *Préparation des plans d'intervention contre la peste porcine africaine* (en anglais, français, espagnol, russe, arménien et géorgien) (disponible à l'adresse <http://www.fao.org/docrep/013/i1196f/i1196f00.htm>).
- **Article FAO Production et santé animales n ° 171:** *Approaches to controlling, preventing and eliminating H5N1 highly pathogenic avian influenza in endemic countries* (disponible en anglais à l'adresse www.fao.org/docrep/014/i2150e/i2150e.pdf).



Les nouveaux membres du personnel

Caryl Lockhart

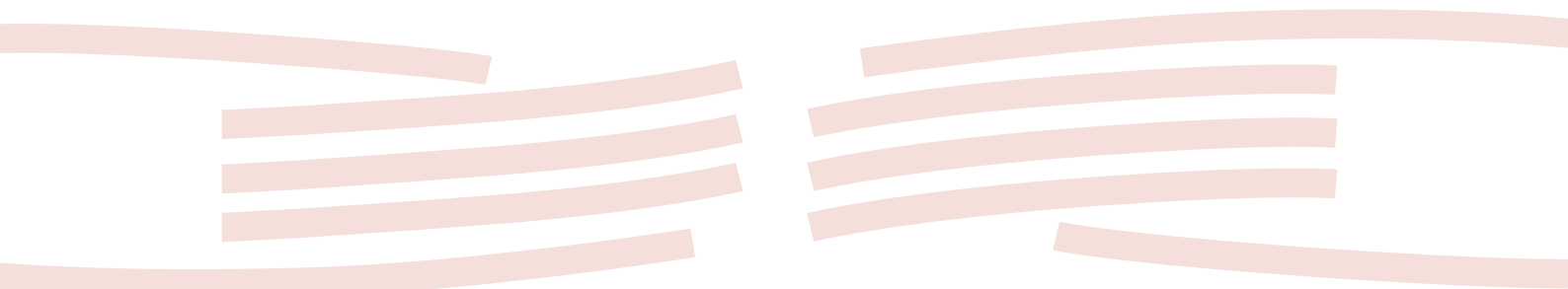
Caryl Lockhart (DMV, M.Sc., Ph.D.) a rejoint le Système mondial d'alerte précoce et de réponse pour les principales maladies animales y compris les zoonoses (GLEWS) du Service de la santé animale en octobre 2010, comme Chargé de la veille sanitaire. Elle avait précédemment travaillé avec la FAO comme vétérinaire épidémiologiste sur le programme de contrôle de l'influenza aviaire en Indonésie et comme spécialiste de l'élevage et de la santé animale sur le Programme pour l'éradication de la tique *Amblyomma variegatum* dans les Caraïbes à Antigua, avec le Ministère de l'agriculture de la Dominique, dans les Antilles. Elle a obtenu un Doctorat en Médecine vétérinaire de l'Instituto Superior de Ciencias de Medicas Habana à Cuba, un Master en production animale en zone tropicale de l'Université Pedro Henriquez Urena, en République dominicaine, et un Doctorat (Ph.D.) en épidémiologie vétérinaire de l'Université Massey, en Nouvelle-Zélande.

Fulvio Biancifiori

Fulvio Biancifiori (DVM, épidémiologiste), a rejoint la FAO afin d'appuyer le secrétariat du Cadre mondial pour la maîtrise progressive des maladies animales transfrontières (GF-TADs) de la FAO / OIE. Il a tout d'abord travaillé à l'Istituto Sperimentali Zooprofilattici (IZS) à Pérouse, en Italie (en 1974) et y a conduit des activités de recherche dans le diagnostic des maladies infectieuses du bétail. En 1984, il rejoint la FAO en tant que conseiller technique principal pour une série de projets du Programme des Nations Unies pour le développement (PNUD) et de la FAO en Afrique, au Proche-Orient, en Asie du Sud et en Amérique latine. En 1991, il rejoint l'ex-FAO-AGOW à Rome pour les pays d'Afrique de l'Ouest, et a participé à un projet régional en Amérique centrale et dans les Caraïbes, ayant pour objectif de normaliser et d'harmoniser les méthodes de diagnostic en laboratoire et les réglementations vétérinaires de la région. En 1994, il rejoint l'IZS à Teramo (Italie), en tant que coordinateur des laboratoires de biotechnologie. En 1997, il rejoint l'IZS à Pérouse afin d'appuyer le processus d'obtention de l'accréditation de l'Organisation internationale de normalisation (ISO) 9001 et de la norme nationale italienne UNI EN 45001. Il fut coordinateur des laboratoires



de biotechnologie et de biologie moléculaire. Il a mis en place les services d'éducation et de formation continue et planifié et validé une nouvelle technologie d'identification par radiofréquence des produits (RFID) pour la traçabilité des animaux et de leurs produits « de la ferme à la fourchette ». Il a édité le livre Benessere animale («bien-être des animaux»), qui a été publié (en italien) en 2010.





Contributions des centres de référence de la FAO

Laboratoire mondial de référence de la FAO/OIE pour la fièvre aphteuse, Pirbright, Royaume-uni

Rapport du laboratoire mondial de référence pour la FA de la FAO, juillet à décembre 2010

Pays/territoire No.	No. d'échantillons	Isolement du virus en culture cellulaire /ELISA ¹								NVD ⁵	NT ⁶	RT-PCR ² pour le virus de la FA3 (ou de la MVP)3 (lorsque c'est approprié)		
		Serotypes virus FA							Positif			Négatif	NT	
		O	A	C	SAT 1	SAT 2	SAT 3	Asia 1						
Afghanistan*	81	-	-	-	-	-	-	-	4	77	73	8	-	
Botswana	5	-	-	-	-	5	-	-	-	-	5	-	-	
Cambodge	5	5	-	-	-	-	-	-	-	-	5	-	-	
Ethiopie	12	-	-	-	-	-	-	-	12	-	8	4	-	
Chine (RAS de Hong Kong)	3	3	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	
Iran (République Islamique d')	52	34	11						7		48	4	-	
Mongolie	18	8	-	-	-	-	-	-	10	-	9	3	6	
Mozambique	7	-	-	-	-	7	-	-	-	-	7	-	-	
Myanmar	2	-	-	-	-	-	-	-	1	1	1	-	1	
Népal	51	10	-	-	-	-	-	-	41	-	27	24	-	
Pakistan**	52	36							16		48	4	-	
Sénégal	4	-	-	-	-	-	-	-	4	-	-	4		
Turquie	33	20	3	-	-	-	-	-	10	-	30	3		
Thaïlande	8	8	-	-	-	-	-	-	-	-	8	-		
Viet Nam	13	12	1	-	-	-	-	-	-	-	11	-	2	
Zambie	4	3	-	-	-	-	-	-	1	-	4	-	-	
Zimbabwe	4	-	-	-	-	2	-	-	2	-	4	-	-	
Total	273	139	9	-	-	14	-	-	104	1	218	37	9	

¹ Sérotype de la fièvre aphteuse (ou de la maladie vésiculeuse du porc) identifié suite à l'isolement du virus sur culture cellulaire et à la détection d'antigènes grâce à l'essai d'immuno absorption enzymatique (ELISA).

² Réaction de polymérisation en chaîne par transcription inverse pour le génome viral de la FA (ou MVP)

³ Fièvre aphteuse.

⁴ Maladie vésiculeuse du porc

⁵ Aucun virus de la fièvre aphteuse, de la maladie vésiculeuse du porc ou de la stomatite vésiculeuse détecté.

⁶ Non testé

** tous les échantillons sauf quatre en provenance de l'Afghanistan ont été fournis plus tard sous forme d'acide ribonucléique (ARN) pour analyse PCR

* Un échantillon en provenance du Pakistan contenait un mélange de virus de la FA de type A et O.

Laboratoire de référence pour la peste bovine et la peste des petits ruminants de la FAO/OIE, Montpellier, France

Rapport du laboratoire régional de référence de la FAO pour la PPR, Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (CIRAD), Montpellier, France, juillet à décembre 2010

Pays	Espèces	Echantillon	Nombre de tests	Nombres de VPPR positifs/douteux	Test	Nature du test Confirmation ou provisoire
VPPR¹ avec diagnostic différentiel avec le VPB²						
Djibouti	Camélidés	Sérum	2	0	C-ELISA ³	Confirmation
	Oryx beïsa	Sérum	2	0	C-ELISA	Confirmation
	Caprins	Sérum	10	8	C-ELISA	Confirmation
France (Mayotte)	Caprins	Sérum	114	0	C-ELISA	Confirmation
	Bovins	Sérum	1	0	C-ELISA	Confirmation
	Caprins	Sang	10	0	RT-PCR/QPCR ⁵	Confirmation
	Bovins	Sang	1	0	RT-PCR/QPCR	Confirmation
	Caprins	Poumon	2	0	RT-PCR/QPCR	Confirmation
Sénégal	Caprins /Ovins	Produit PCR	24	16	RT-PCR ⁴ /Séquençage	Confirmation
	Caprins /Ovins	Tissue	224	41	RT-PCR/Séquençage	Confirmation
	Caprins /Ovins	Sang	224	150/6	C-ELISA	Confirmation
Vaccins						
Jordanie	-	Vaccin PPR	2		Contrôle qualité ⁶	obtenu

¹ Virus de la peste des petits ruminants

² Virus de la peste bovine (tous les échantillons étaient négatifs).

³ Essai d'immuno absorption enzymatique - compétitif

⁴ Réaction de polymérisation en chaîne par transcription inverse.

⁵ RT-PCR quantitative

⁶ Contrôle de la stérilité + PCR (VPB, VPPR, virus de la diarrhée virale bovine, mycoplasme) + titrage (effet cytopathique) visualisé par un test d'immunofluorescence en utilisant un anticorps monoclonal anti-PPR (anti-PPRV Mab) + séquençage



Dernière minute

Depuis le dernier Bulletin EMPRES des maladies animales transfrontières (n° 36), de nouveaux cas de maladies animales transfrontières (TADs) ont été signalés de janvier à mai 2011.

Des cas de syndrome dysgénésique et respiratoire du porc (SDRP) ont été confirmés pour la première fois en Mongolie et au Myanmar en février 2011. En Mongolie, le SDRP a été confirmé dans une exploitation de Darkhan-Uul Aimag (au nord d'Oulan-Bator) en février, puis dans une autre ferme à Tuv Aimag (sud d'Oulan-Bator) en mai. Jusqu'au 12 mai 2011 au Myanmar, les éleveurs de porcs dans trois cantons ont été confrontés à des taux de mortalité élevés dans leurs petits élevages de subsistance. Avec le soutien de la FAO, le pays continue d'effectuer des activités de surveillance et s'attèle à produire des vaccins. Il n'a pas encore été confirmé que le virus circulant au Myanmar soit une souche hautement pathogène liée à celles qui circulent actuellement dans d'autres pays d'Asie Sud Est.

Le sérotype O de la fièvre aphteuse (FA) a été signalé en Bulgarie, en Chine (Guizhou, Taiwan et Xinjiang), en République populaire démocratique de Corée, en Israël, dans la Jamahiriya arabe libyenne (les foyers de décembre ont été signalés en février 2011), en République de Corée, en Fédération de Russie et au Viet Nam. Le sérotype SAT2 de la FA a été signalé au Botswana et au Zimbabwe. La FA a également été signalée en Afrique du Sud, chez les bovins (sérotype SAT 1) et chez les buffles (sérotype SAT 3).

Mise à jour de l'article page 14 sur la situation épidémiologique de la FA dans le sud de la Bulgarie: Emergence d'un pôle supplémentaire de sept foyers de sérotype O chez le bétail (à Sredets et Malko Tarnovo, municipalités de la province de Burgas, en date du 5 mai 2011). L'association de ces événements avec les résultats de la sérosurveillance chez les sangliers en Turquie et l'analyse phylogénétique de tous les isolats bulgares suggère fortement l'implication du sanglier, et éventuellement d'autres animaux sauvages, dans la récente incursion de la FA en Bulgarie. La FAO et l'EUFMD continuent à surveiller la situation et à planifier d'autres activités de suivi dans la région.

Des cas de peste porcine africaine (PPA) ont continué à être signalés chez des porcs et des sangliers dans la Fédération de Russie, en particulier dans les zones endémiques (District fé-

déral du Sud) et aussi dans un certain nombre de nouveaux emplacements dans les oblasts de Mourmansk, Nijni-Novgorod et d'Arkhangelsk, qui sont à des milliers de kilomètres plus au nord. La maladie a également été signalée au Tchad, au Kenya et en République-Unie de Tanzanie.

Des foyers de peste des petits ruminants (PPR) ont été officiellement déclarés pour la première fois en Algérie en mars 2011 et en Tunisie en mai 2011.

Des foyers de fièvre de la vallée du Rift (FVR) ont été à nouveau signalés en Afrique du Sud (Provinces du Cap Est, Nord et Ouest) depuis janvier 2011. Une politique d'abatage sanitaire a été appliquée pour contrôler la maladie.

La péripneumonie contagieuse bovine (PPCB) a été signalée pour la première fois au Gabon, en janvier 2011. La maladie a été signalée aussi pour la première fois dans les pays voisins de la République du Congo en 2010.

Influenza aviaire hautement pathogène (IAHP): Au cours du premier trimestre de 2011, des foyers d'IAHP H5N1 ont été régulièrement signalés chez les volailles dans les zones où la maladie est endémique, comme au Bangladesh, en Chine (RAS de Hong Kong), en Egypte, en Indonésie et au Viet Nam; depuis avril 2011, le nombre de foyers officiellement déclarés a progressivement baissé. Des flambées d'IAHP H5N1 ont également été signalées au Cambodge, en Inde, en Israël, au Japon, au Myanmar, en République de Corée, en Cisjordanie et dans la bande de Gaza. Un certain nombre de cas apparus chez des oiseaux sauvages ont été rapportés pendant la même période au Bangladesh, en Chine (Hong Kong SAR), au Japon, en République de Corée et en Mongolie. Le Japon et la République de Corée ont signalé un nombre étonnamment élevé de foyers durant cette période.



LISTE D'ADRESSES D'EMPRES

FAO-EMPRES, Rome

fax: (+39) 06 57053023
courriel: empres-livestock@fao.org

Jan Slingenbergh

Fonctionnaire principal
Maladies infectieuses/EMPRES
tel.: (+39) 06 57054102
courriel: jan.slingenbergh@fao.org

Ahmed El Idrissi

Spécialiste de la santé animale
(Bactériologie)
et Unité de programmation mondiale
tel.: (+39) 06 57053650
courriel: sahmmed.elidrissi@fao.org

Felix Njeumi

Spécialiste de la santé animale
(Gestion des maladies)
tel.: (+39) 06 57053491
courriel: felix.njeumi@fao.org

Keith Sumption

Secrétaire
Commission européenne pour
le contrôle de la fièvre aphteuse
(EUFMD)
tel.: (+39) 06 57055528
courriel: keith.sumption@fao.org

Adel Ben Youssef

Spécialiste de la santé animale
Commission européenne pour
le contrôle de la fièvre aphteuse
(EUFMD)
tel.: (+39) 06 57056811
courriel: adel.benyoussef@fao.org

Julio Pinto

Spécialiste de la santé animale
(Epidémiologie)
Système mondial d'alerte précoce et
d'action pour les maladies animales
transfrontières (GLEWS)
tel.: (+39) 06 57053451
courriel: julio.pinto@fao.org

Akiko Kamata

Spécialiste de la santé animale
tel.: (+39) 06 57054552
courriel: akiko.kamata@fao.org

Stéphane de La Rocque

Epidémiologiste vétérinaire
Système mondial d'alerte précoce et
d'action pour les maladies animales
transfrontières (GLEWS)
tel.: (+39) 06 57054710
courriel: stephane.delarocque@fao.org

Daniel Beltrán-Alcrudo

Spécialiste de la santé animale
(Ecologie des maladies)
tel.: (+39) 06 57053823
courriel: daniel.beltranalcrudo@fao.org

Gwenaëlle Dauphin

Chargée de liaison et expert de
laboratoire du Réseau de laboratoires
de référence et d'expertise pour la
grippe aviaire (OFFLU)
tel.: (+39) 06 57056027
courriel: gwenaëlle.dauphin@fao.org

Mia Kim

Scientifique d'OFFLU
tel.: (+39) 06 57054027
courriel: mia.kim@fao.org

Filip Claes

Scientifique d'OFFLU
tel.: (+39) 06 57053525
courriel: filip.claes@fao.org

Béatrice Mouillé

Coordinatrice du projet IDENTIFY
tel.: (+39) 06 57054456
courriel: beatrice.mouille@fao.org

Giancarlo Ferrari

Chef de projet pour l'Asie centrale
tel.: (+39) 06 57054288
courriel: giancarlo.ferrari@fao.org

Gholamali Kiani

Conseiller en santé animale
Conseiller technique régional pour le
projet GTF/INT/907/ITA
courriel: gholam.kiani@fao.org

Vittorio Guberti

Epidémiologiste vétérinaire
Centre de liaison technique pour l'Europe
de l'Est et le Caucase
courriel: vittorio.guberti@fao.org

Scott Newman

Coordinateur international pour la faune
sauvage
tel.: (+39) 06 57053068
courriel: scott.newman@fao.org

Tracy McCracken

Coordinateur adjoint de l'unité de la
faune sauvage
tel.: (+39) 06 57053023
courriel: tracy.mccracken@fao.org

Jennifer Siembieda

Epidémiologiste en faune sauvage
tel.: (+39) 06 570 56086
courriel: jennifer.siembieda@fao.org

Sergei Khomenko

Ornithologiste
Programme régional de l'Asie centrale et
de l'Europe de l'Est de l'Unité de la faune
sauvage
tel.: (+39) 06 57056493
courriel: sergei.khomenko@fao.org

James Zingesser

Epidémiologiste vétérinaire
tel.: (+39) 06 57055918
courriel: james.zingesser@fao.org

Sherrilyn Wainwright

Epidémiologiste vétérinaire
tel.: (+39) 06 57054584
courriel: Sherrilyn.Wainwright@fao.org

Morgane Dominguez

Cadre associé
tel.: (+39) 06 57054898
courriel: morgane.dominguez@fao.org

Klaas Dietze

Spécialiste associé de la santé animale
tel.: (+39) 06 57053968
courriel: klaas.dietze@fao.org

Cecilia Murguia

Chargé de la gestion de l'information et
du web
tel.: (+39) 06 57056520
courriel: cecilia.murguia@fao.org

Fairouz Larfaoui

Chargé de l'information sur les maladies
tel.: (+39) 06 57053331
courriel: fairouz.larfaoui@fao.org

Sophie von Dobschuetz

Chargé du suivi et de l'analyse des
maladies
tel.: (+39) 06 57053717
courriel: sophie.vondobschuetz@fao.org

Moyen Orient

Bengoumi Mohammed
Spécialiste de la santé et de la

production animales

Bureau sous-régional de la FAO pour
l'Afrique du nord, Tunis, Tunisie
tel.: (+216) 71.903.236 ext. 236
courriel: mohammed.bengoumi@fao.org

Abdessalam Fikri

Directeur régional
Centre d'urgence pour la lutte contre
les maladies animales transfrontières
(ECTAD), Tunis, Tunisie
tel.: (+216) 71 904840/560 ext. 251
courriel: abdessalam.fikri@fao.org

Afrique

Cheikh Ly

Spécialiste de la santé et de la production
animales
Bureau régional de la FAO pour l'Afrique,
Accra, Ghana
tel.: (+233) (0)302 675000 ext. 2502
courriel: cheikh.ly@fao.org

Berhanu Bedane

Spécialiste de la santé et de la production
animales
Bureau sous-régional de la FAO pour
l'Afrique de l'Ouest, Accra, Ghana
tel.: (+233) (0)302 675000/030/7010930
ext. 3144
courriel: berhanu.bedane

Emmanuelle Guernebleich

Spécialiste de l'élevage
Bureau sous-régional de la FAO pour
l'Afrique de l'Est, Addis Ababa, Ethiopie
tel.: (+251) 11 5517230/33
courriel: emmanuelle.guernebleich@fao.org

Boubacar Seck

Directeur régional
Centre régional de santé animale pour
l'Afrique de l'Ouest et centrale, Bamako,
Mali
tel.: (+223) 2024 9293/ 2024 9292
courriel: boubacar.seck@fao.org

Youssef Kabore

Epidémiologiste
Centre régional de santé animale pour
l'Afrique de l'Ouest et centrale, Bamako,
Mali
tel.: (+223) 2024 9293/9292
courriel: youssef.kabore@fao.org

Bouna Diop

Directeur régional
Centre régional de santé animale pour
l'Afrique de l'Est, Nairobi, Kenya
tel.: (+254) 203674333720 3674000
courriel: bouna.diop@fao.org

Mokganedi Mokopasetso

Chargé de projet national
Centre d'urgence pour la lutte contre
les maladies animales transfrontières
(ECTAD)
Afrique australe, Gaborone, Botswana
tel.: (+267) 3953100
courriel: mokganedi.mokopasetso@fao.org

Asie

Subhash Morzaria

Directeur régional
Centre d'urgence pour la lutte contre les
maladies animales transfrontières (ECTAD)
Asie et Pacifique, Bangkok, Thaïlande
tel.: (+66) (0)2 6974138
courriel: subhash.morzaria@fao.org

Carolyn Benigno

Spécialiste en santé animale
Asie et Pacifique, Bangkok, Thaïlande
tel.: (+66) (0)2 6974330
courriel: carolyn.benigno@fao.org

Mohinder Oberoi

Directeur sous-régional
Unité sous-régionale (ASACR) du
Centre d'urgence pour la lutte contre
les maladies animales transfrontières
(ECTAD), Katmandou, Népal
tel.: (+977) 1 5010067 ext. 108
courriel: mohinder.oberoi@fao.org

Boripat Siriaronrat

Coordinateur pour l'IAHP chez les oiseaux
sauvages en Asie, Bangkok, Thaïlande
tel.: (+66) (0)2 6974317
courriel: boripat.siriaronrat@fao.org

Vincent Martin

Conseiller technique principal (influenza
aviaire)
Représentation de la FAP en Chine, Pékin,
Chine
tel.: (+8610) 65322835
courriel: vincent.martin@fao.org

Amérique latine et Caraïbes

Tito E. Díaz Muñoz

Fonctionnaire principal (production et
santé animales)
Amérique latine et Caraïbes, Santiago,
Chili
tel.: (+56) 2 3372250
courriel: tito.diaz@fao.org

Moisés Vargas Terán

Spécialiste en santé animale
Amérique latine et Caraïbes, Santiago, Chili
tel.: (+56) 2 3372222
courriel: moises.vargasteran@fao.org

Cedric Lazarus

Spécialiste du développement de
l'élevage
Bureau sous-régional pour les Caraïbes,
la Barbade
tel.: (+246) 4267110 ext. 245
courriel: cedric.lazarus@fao.org

Alejandro Acosta

Spécialiste du développement de
l'élevage
Bureau sous-régional pour l'Amérique
centrale, Panama
tel.: (+507) 3 01 0326
courriel: alejandro.acosta@fao.org

Luis Espinoza

Directeur régional
Amérique latine et Caraïbes
Centre d'urgence pour la lutte contre
les maladies animales transfrontières
(ECTAD), Panama
tel.: (+507) 314 0526 ext. 205
courriel: luis.espinoza@fao.org

Division mixte FAO/AIEA

PO Box 100, Vienne, Autriche
fax: (+43) 1 26007
Gerrit Viljoen
Directeur, Section de la santé et
production animales
tel.: (+43) 1 260026053
courriel: g.j.viljoen@iaea.org

Adama Diallo
Directeur, Unité de la production animale
tel.: (+43) 1 2600 28355
courriel: adama.diallo@iaea.org

AVERTISSEMENT

Les appellations employées dans cet
ouvrage et la présentation des données
dans les cartes n'impliquent de la part de
la FAO aucune prise de position quant
au statut juridique ou constitutionnel
des pays, territoires ou mers, ni quant au
tracé de leurs frontières.