

anses

agence nationale de sécurité sanitaire
alimentation, environnement, travail

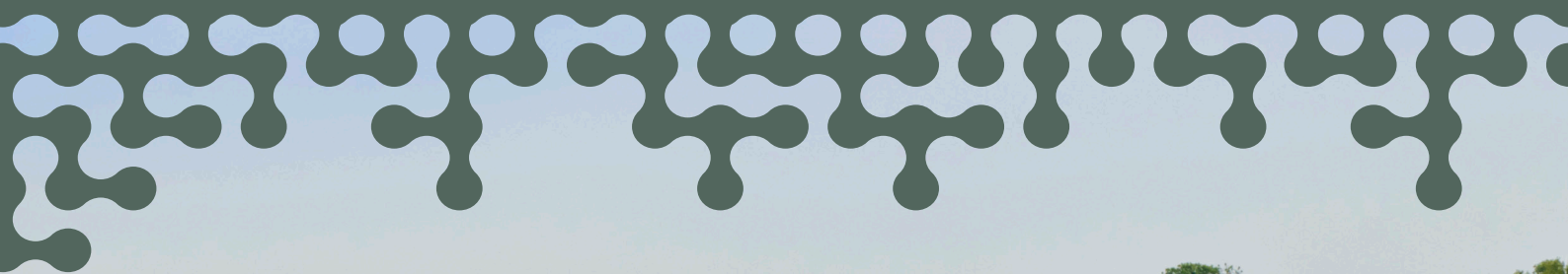


Connaître, évaluer, protéger

Rôle des arthropodes dans la transmission de la peste porcine africaine

Avis de l'Anses
Rapport d'expertise collective

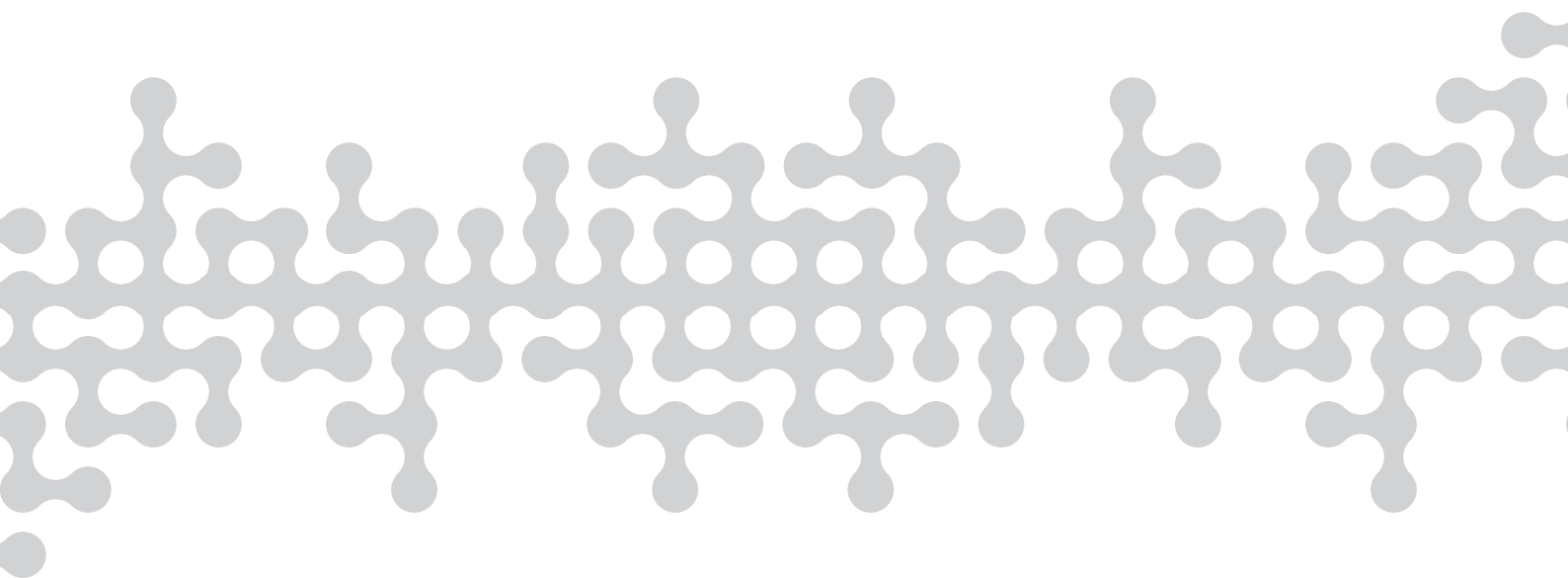
Février 2020 - Édition scientifique



Rôle potentiel des arthropodes présents en France métropolitaine dans la transmission du virus de la peste porcine africaine

Avis de l'Anses
Rapport d'expertise collective

Février 2020 - Édition scientifique



Le directeur général

Maisons-Alfort, le 18 février 2020

AVIS

de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail

relatif au « Rôle potentiel des arthropodes présents en France métropolitaine dans la transmission du virus de la peste porcine africaine (PPA) »

L'Anses met en œuvre une expertise scientifique indépendante et pluraliste.

L'Anses contribue principalement à assurer la sécurité sanitaire dans les domaines de l'environnement, du travail et de l'alimentation et à évaluer les risques sanitaires qu'ils peuvent comporter.

Elle contribue également à assurer d'une part la protection de la santé et du bien-être des animaux et de la santé des végétaux et d'autre part à l'évaluation des propriétés nutritionnelles des aliments.

Elle fournit aux autorités compétentes toutes les informations sur ces risques, ainsi que l'expertise et l'appui scientifique technique nécessaires à l'élaboration des dispositions législatives et réglementaires et à la mise en œuvre des mesures de gestion du risque (article L.1313-1 du code de la santé publique).

Ses avis sont publiés sur son site internet.

L'Anses s'est autosaisie le 15 février 2019 pour la réalisation d'une expertise relative au rôle potentiel des arthropodes présents en France métropolitaine dans la transmission du virus de la peste porcine africaine (PPA).

1. CONTEXTE ET OBJET DE LA SAISINE

Depuis son point d'entrée en Europe par la Géorgie en 2007, le virus de la PPA, s'est propagé en Europe de l'est, à la fois chez les sangliers et les porcs domestiques, touchant de nombreux pays (Pologne, États Baltes, République tchèque...). En l'absence de traitement et de vaccin, le virus continue de se propager en Europe de l'est et s'étend à l'ouest malgré les mesures de lutte mises en place. En effet, les premiers foyers de PPA ont été observés en Belgique en 2018. La même année, l'épizootie¹ a également touché le continent asiatique, prenant alors une ampleur mondiale.

La PPA, maladie virale originaire d'Afrique de l'est, touche uniquement les suidés. Elle est endémique dans les pays d'Afrique sub-saharienne, où les suidés sauvages (phacochères, potamochères et hylochères) sont des porteurs asymptomatiques du virus. À l'inverse, les espèces *Sus scrofa*, les porcs domestiques et sangliers d'Eurasie, sont sensibles aux souches de virus circulant actuellement en Europe (souche de génotype II), qui entraînent de violentes fièvres hémorragiques, avec un taux de mortalité proche des 100 %. Extrêmement contagieuse, la PPA est également préoccupante en raison de son potentiel de diffusion au sein des populations de suidés. Outre le taux de mortalité très élevé de cette maladie, la désorganisation de la filière porcine est

¹ Une épizootie est une maladie affectant brutalement un grand nombre d'animaux, dans une région donnée. Elle correspond pour l'animal à ce qu'est une épidémie pour l'Homme.

catastrophique pour les pays touchés en raison notamment des restrictions commerciales imposées. Aussi, les conséquences sanitaires et socio-économiques de cette maladie sont majeures.

Afin de mettre en place les mesures de gestion adéquates, il est indispensable de comprendre comment le virus se transmet et diffuse au sein des populations de suidés. La diffusion du virus en Europe a connu différentes phases de progression. Dans la première phase, les foyers déclarés hors Union Européenne (UE) concernaient principalement des élevages de porcs dont la biosécurité était généralement faible, avec des infections accidentelles dans la population de sangliers. À partir de 2014 et l'introduction du virus dans les pays de l'UE, la maladie s'est manifestée localement dans les populations de sangliers, indépendamment des foyers chez les porcs domestiques, avec une prévalence constante et faible. Outre les sangliers et leur habitat, l'Homme est considéré comme le principal responsable, à la fois de la transmission à longue distance et de l'introduction du virus dans les élevages de porcs domestiques. Le virus de la PPA est en effet particulièrement résistant dans l'environnement et peut-être transmis par l'Homme lors de mauvaises pratiques d'élevage ou en raison d'une biosécurité défailante.

Cependant, certains événements infectieux ont été observés dans des élevages de porcs présentant une biosécurité élevée, sans pouvoir en identifier la source. De plus, le virus se maintient et continue de se diffuser au sein des populations de sangliers et ce, malgré les mesures de gestion mises en place (clôtures, zones blanches, ...). Ces phénomènes présentent une saisonnalité, avec une grande partie des cas observés de façon répétée en période estivale dans les pays Baltes, en Pologne et en Roumanie chez les porcs domestiques. Bien que cette saisonnalité puisse être une conséquence de la dynamique des populations de sangliers ou d'événements commerciaux, ces observations soulèvent l'hypothèse selon laquelle des arthropodes contaminés par le virus pourraient s'introduire dans un élevage porcin avec une protection défailante et transmettre le virus à des animaux sains.

Suite aux cas de PPA détectés à quelques kilomètres de la frontière franco-belge en septembre 2018, les autorités françaises ont été amenées à s'interroger sur la probabilité d'introduction et de diffusion du virus en France. Aussi, l'Anses a été saisie à plusieurs reprises pour répondre aux interrogations de la Direction Générale de l'Alimentation (DGAL). Le comité d'experts spécialisé de l'Anses « Santé et bien-être des animaux » (CES SABA) a d'ailleurs rendu plusieurs avis sur le sujet. À cette occasion, les experts se sont interrogés sur la présence éventuelle d'arthropodes susceptibles de transmettre le virus de la PPA en France métropolitaine, ce qui a donné lieu à cette auto-saisine de l'Anses.

Ainsi, cette auto-saisine portait sur la réalisation d'un état des connaissances sur les arthropodes susceptibles de transmettre le virus de la PPA et l'évaluation du risque de transmission du virus par ces arthropodes au sein des populations de sangliers, entre sangliers et porcs d'élevage, ou entre élevages de porcs. Les experts du groupe de travail « Vecteurs PPA » constitué pour répondre à cette saisine ont reformulé les questions de la manière suivante :

- 1) Quels sont les arthropodes susceptibles de participer à la transmission vectorielle du virus de la PPA en France métropolitaine ? Quelles sont leurs compétence et capacité vectorielles respectives vis-à-vis du virus de la PPA ?
- 2) Quelles autres voies de transmission pourraient impliquer des arthropodes, notamment dans le cas d'une persistance du virus de la PPA dans les carcasses de sangliers ?

2. ORGANISATION DE L'EXPERTISE

2.1. Expertise collective

L'expertise a été réalisée dans le respect de la norme NF X 50-110 « Qualité en expertise – Prescriptions générales de compétence pour une expertise (Mai 2003) ».

L'expertise relève du domaine de compétences du comité d'experts spécialisé (CES) « Santé et bien-être des animaux » (CES SABA) et du GT « Vecteurs », le CES SABA pilotant l'expertise. L'Anses a confié l'expertise au groupe de travail « Vecteurs PPA ». Ce dernier était constitué de dix experts avec des compétences en entomologie, santé animale, épidémiologie et modélisation. Les échanges ont eu lieu au cours de neuf réunions de GT, entre avril et décembre 2019, en visioconférence ou en présentiel.

Les travaux ont été présentés au CES SABA et au GT « Vecteurs », tant sur les aspects méthodologiques que scientifiques, entre le 2 juillet et le 12 novembre 2019. Ils ont été adoptés par le CES « SABA » lors de la réunion du 7 janvier 2020.

L'Anses analyse les liens d'intérêts déclarés par les experts avant leur nomination et tout au long des travaux, afin d'éviter les risques de conflits d'intérêts au regard des points traités dans le cadre de l'expertise. Les déclarations d'intérêts des experts sont publiées sur le site internet de l'Anses (www.anses.fr).

2.2. Définition du cadre et des limites de l'expertise

Après avoir recensé les arthropodes susceptibles de transmettre le virus de la PPA en France métropolitaine, le GT a défini un cadre conceptuel afin de réaliser son expertise et répondre aux questions de la saisine. Ainsi, cinq scénarios impliquant des arthropodes dans la diffusion du virus de la PPA au sein de populations de suidés ont été envisagés pour évaluer la probabilité de transmission du virus :

- de la faune sauvage vers un élevage ;
- en intra-élevage ;
- en inter-élevage ;
- au sein de la faune sauvage ;
- d'un élevage à la faune sauvage.

En raison des contraintes temporelles et du peu de données disponibles dans la littérature scientifique, seuls les deux premiers scénarios ont fait l'objet d'une analyse quantitative.

Afin de majorer la probabilité d'introduction du virus de la PPA via des arthropodes, l'expertise a porté sur le cas spécifique des élevages ayant accès à un parcours extérieur.

L'expertise ne s'est pas intéressée directement aux questions de santé animale ni à la probabilité d'introduction et de diffusion du virus de la PPA directement entre suidés en France, car ces questions sont déjà traitées dans le cadre des travaux du CES SABA.

Il est à noter, qu'en raison des variations importantes de compétence² et de capacité³ vectorielles qui peuvent exister suivant le couple virus/espèce vectrice et la zone géographique considérée, les travaux de ce rapport ne s'appliquent qu'à l'Europe et à la souche virale appartenant au génotype II circulant actuellement et responsable de l'épizootie en cours. Aussi, en cas d'introduction d'une autre souche de virus en Europe, la révision de cet avis sera nécessaire.

2.3. Méthodologie et moyens mis en œuvre

➤ Revue bibliographique

Des recherches bibliographiques sur le moteur de recherche Scopus (www.scopus.com) avec des mots-clés et opérateurs booléens pertinents ont été réalisées pour documenter les parties du rapport concernant la bio-écologie et la compétence vectorielle vis-à-vis du virus de la PPA des différents arthropodes vecteurs identifiés par les experts du GT. Les autres parties de l'expertise ont été

² Aptitude à s'infecter, à maintenir, voire multiplier l'agent pathogène, puis à le transmettre.

³ Niveau d'efficacité d'un vecteur dans la transmission d'un agent pathogène.

documentées sur la base de publications sélectionnées sur avis d'experts par les entomologistes du GT.

- Données complémentaires

Auditions d'experts

Pour compléter les informations disponibles dans la littérature scientifique, quatre entomologistes et experts en entomologie médico-légale ont été auditionnés.

Élicitation d'experts extérieurs au groupe de travail

Devant le peu de données disponibles dans la littérature sur la compétence vectorielle des arthropodes considérés vis-à-vis du virus de la PPA, le GT a réalisé une élicitation d'experts pour mobiliser les connaissances de personnes extérieures au GT et compétentes sur le sujet.

L'objectif de l'élicitation était de hiérarchiser le rôle relatif de neuf familles/genres d'arthropodes hématophages susceptibles d'être impliqués dans la transmission du virus de la PPA aux porcs domestiques et aux sangliers en France métropolitaine en prenant en compte les dix critères suivants, permettant de définir leurs capacités vectorielles respectives :

- Compétence vectorielle ;
- Abondance vectorielle actuelle ;
- Taux de piqûre (nombre de repas par unité de temps) ;
- Préférences trophiques pour les suidés ;
- Probabilité de contact de l'arthropode hématophage avec des suidés sauvages.
- Probabilité de contact de l'arthropode hématophage avec des porcs domestiques
- Capacité de dispersion de l'arthropode (domaine vital de l'arthropode) ;
- Survie de l'arthropode (sa longévité) ;
- Abondance vectorielle à venir⁴ (tendance temporelle) ;
- Répartition vectorielle à venir⁵ (tendance spatiale).

- Méthode d'analyse de la probabilité de transmission du virus de la PPA

Analyses quantitatives

Deux des scénarios envisagés par le GT ont fait l'objet d'une analyse quantitative, par modélisation sur la base des données disponibles dans la littérature et des données obtenues lors des auditions réalisées dans le cadre de l'expertise.

Un modèle probabiliste quantitatif d'estimation de la probabilité d'introduction du virus de la PPA par voie vectorielle dans un élevage porcin a été développé. Le GT a ensuite développé un modèle mécaniste, afin d'estimer la probabilité de diffusion du virus de la PPA au sein d'un élevage de porcs, en quantifiant la contribution de la transmission vectorielle mécanique du virus par rapport à la transmission directe par contact entre porcs.

⁴ Ce critère visait à savoir si une tendance à l'augmentation ou la diminution de l'abondance vectorielle était attendue en France métropolitaine dans les prochaines années.

⁵ Ce critère visait à savoir si une tendance à coloniser un espace plus étendu ou restreint était attendue en France métropolitaine dans les prochaines années.

Analyses qualitatives

Les trois autres scénarios définis par le GT, envisageant une diffusion du virus inter-élevage, au sein de la faune sauvage et de l'élevage à la faune sauvage, ont fait l'objet d'une analyse qualitative, sur la base des rares données disponibles dans la littérature scientifique et sur avis d'experts.

Evaluation de la probabilité de transmission du virus de la PPA

Les experts du GT se sont prononcés sur le niveau de probabilité de transmission du virus de la PPA par les différentes voies de transmission explorées impliquant des arthropodes, en utilisant les définitions des niveaux de risque proposés dans le rapport d'expertise de l'Afssa⁶ (2008).

- Prise en compte de l'incertitude

Les principales sources d'incertitudes de l'expertise ont été identifiées, en se basant sur la typologie et les recommandations du groupe de travail de l'Anses « Méthodologie en évaluation des risques » (GT MER). Elles sont répertoriées dans un tableau (Tableau 8, p.90 du rapport d'expertise).

3. ANALYSE ET CONCLUSIONS DU CES SABA

Le CES SABA rappelle que le présent avis est associé à un rapport d'expertise collective qui développe l'ensemble de l'argumentaire des réponses aux questions posées dans la saisine.

3.1. Le virus de la PPA

Le virus de la PPA, seul membre de la famille des *Asfaviridae* est un arbovirus à ADN. À ce jour, 24 génogroupes sont connus, l'ensemble de ces génotypes sont présents en Afrique de l'est, berceau du virus. La souche qui sévit actuellement en Eurasie appartient au génotype II. Cette dernière, très virulente, entraîne une forte proportion de cas présentant une forme aiguë de la maladie.

3.2. Voies de transmission du virus de la PPA et arthropodes considérés

- Voies de transmission

Bien que la transmission directe, par contact oro-nasal soit la voie de transmission principale du virus, l'expertise s'est portée sur les voies de transmission impliquant des arthropodes.

Dans la définition utilisée dans la présente expertise, la transmission vectorielle⁷ englobe aussi bien la transmission vectorielle biologique, qui implique la multiplication du virus au sein du vecteur, que la transmission vectorielle mécanique active. Cette dernière peut avoir lieu à l'occasion d'un repas sanguin (ou d'une tentative de repas), mais sans nécessairement qu'il y ait multiplication du virus dans le vecteur. La transmission mécanique a alors lieu par le biais d'une contamination des pièces buccales ou du contenu du jabot du vecteur, l'agent restant infectieux dans le sang résiduel présent dans ces organes.

⁶ Agence française de sécurité sanitaire des aliments ; <https://www.anses.fr/fr/system/files/SANT-Ra-MethodeRisque.pdf>

⁷ La transmission vectorielle d'un agent pathogène implique que le vecteur prélève un agent pathogène pendant son repas sanguin (ou une tentative de repas sanguin) sur un hôte infectieux et qu'il le retransmette à la faveur d'un nouveau repas sanguin (ou d'une nouvelle tentative) pris sur un nouvel hôte. Pour qu'il y ait transmission, l'agent pathogène doit donc impérativement rester infectieux dans le vecteur entre deux repas sanguins successifs (ou deux tentatives successives).

Les voies de transmission par contact et par ingestion d'arthropodes ont également été envisagées et investiguées. Ces deux voies de transmission peuvent se faire à partir d'un animal vivant ou d'un cadavre infecté.

➤ Les arthropodes considérés dans l'expertise

Les experts se sont intéressés aux différents arthropodes potentiellement impliqués dans les voies de transmissions citées ci-dessus.

Les tiques molles du genre *Ornithodoros* sont les seuls vecteurs biologiques avérés du virus de la PPA. Cependant, en France métropolitaine, d'autres arthropodes hématophages sont susceptibles d'être impliqués dans une transmission vectorielle de la PPA. Parmi tous les arthropodes potentiels, seuls ceux présents en France métropolitaine, pour lesquels suffisamment d'informations étaient disponibles concernant leur bio-écologie et leur rôle dans la transmission d'agents pathogènes (virus de la PPA ou autre) ont été retenus par les experts. Ainsi, neuf familles/genres d'arthropodes hématophages ont été abordés dans le rapport. Ces arthropodes, nommés « arthropodes vecteurs », appartiennent aux genres ou familles d'arthropodes suivantes :

- Les tiques molles du genre *Ornithodoros* ;
- Les *Ceratopogonidae* ;
- Les *Culicidae* ;
- Les *Ixodidae* ;
- Les *Muscidae* ;
- Les *Phlebotominae* ;
- Les *Phthiraptera* ;
- Les *Siphonaptera* ;
- Les *Tabanidae*.

Les experts se sont également intéressés aux arthropodes pouvant être impliqués dans d'autres voies de transmission (par contact ou par ingestion). Ces arthropodes sont désignés « arthropodes transporteurs » dans l'expertise. Cette catégorie comprend les « arthropodes vecteurs » cités ci-dessus, qui peuvent en plus d'une transmission vectorielle, transmettre le virus par contact avec une partie de leur corps contaminée, ainsi que d'autres arthropodes pouvant rentrer en contact avec les suidés ou leurs cadavres, tels des arthropodes nécrophages (ex. les diptères et les coléoptères nécrophages).

3.3. Transmission vectorielle du virus de la PPA en France métropolitaine

➤ Les tiques molles du genre *Ornithodoros*

En Afrique sub-saharienne, les tiques molles du genre *Ornithodoros* sont impliquées dans deux des cycles épidémiologiques de la maladie :

- le cycle sylvatique, dans lequel le virus de la PPA circule entre les deux réservoirs naturels du virus, *i.e.* les suidés sauvages africains et les tiques molles ;
- le cycle intermédiaire, dans lequel le virus circule principalement dans le compartiment domestique, avec les tiques du genre *Ornithodoros* servant de réservoir et permettant au virus de persister localement dans l'environnement.

En France métropolitaine, les tiques du genre *Ornithodoros* n'ont jamais été identifiées. Les experts du GT se sont donc penchés sur leur probabilité d'introduction et d'extension en France métropolitaine et ont conclu qu'elle était quasi-nulle (en raison notamment de leur endophilie⁸, de la destruction par l'Homme des lieux favorables à leur développement et de l'assèchement du climat). De plus, leur probabilité de contact avec des suidés en France métropolitaine est considérée quasi-nulle à très faible (également en raison de leur endophilie).

➤ Autres « arthropodes vecteurs » présents en France métropolitaine

⁸ Caractère d'un arthropode ayant des gîtes de repos, des abris, constitués par l'habitat de son hôte comme l'intérieur des habitations, des étables ou des porcheries, des poulaillers, des terriers, etc.

Pour les arthropodes considérés comme « arthropodes vecteurs » susceptibles d'être impliqués dans la transmission du virus de la PPA en France métropolitaine, les recherches bibliographiques effectuées ont mis en évidence un manque de données concernant leur compétence vectorielle vis-à-vis de ce virus. Les quelques études identifiées sont le plus souvent anciennes et aucune donnée ne met en évidence une possible transmission biologique du virus de la PPA par ces « arthropodes vecteurs ». De nouvelles études devraient être menées afin de confirmer l'absence supposée de transmission vectorielle biologique par ces arthropodes.

Concernant la transmission mécanique du virus de la PPA, très peu d'études se sont intéressées à ce virus. Les seules études identifiées concernent les stomoxes et les poux. Ainsi, la transmission mécanique du virus de la PPA par des stomoxes (*Stomoxys calcitrans*) a été démontrée expérimentalement, alors que pour les poux *Haematopinus suis*, une unique et ancienne publication suggère une possible transmission.

Il paraît donc indispensable d'effectuer de nouvelles études sur ces arthropodes vecteurs, afin de documenter leur rôle éventuel dans la transmission du virus de la PPA.

➤ Hiérarchisation des arthropodes hématophages

Compte tenu des données disponibles dans la littérature, la transmission mécanique est la voie de transmission vectorielle la plus envisageable.

Sur l'ensemble des 27 experts sollicités dans le cadre de l'élicitation, 14 ont complété le questionnaire. Les experts ont pondéré l'importance des dix critères présentés au § 2.3. De manière générale, leurs réponses ont été relativement proches. Les critères les plus importants pour la capacité vectorielle ont été classés dans l'ordre suivant (par ordre décroissant des pondérations médianes obtenues) :

- 1) Compétence vectorielle ;
- 2) Abondance vectorielle actuelle ;
- 3) Taux de piqûres ;
- 4) Préférences trophiques pour les suidés ;
- 5) Probabilité de contact de l'arthropode hématophage avec des suidés sauvages ;
- 6) Probabilité de contact de l'arthropode hématophage avec des porcs domestiques ;
- 7) Capacité de dispersion de l'arthropode ;
- 8) Survie de l'arthropode ;
- 9) Abondance vectorielle à venir ;
- 10) Répartition vectorielle à venir.

Les résultats ont permis de faire ressortir trois familles/genres d'arthropodes hématophages ayant obtenu les notes médianes les plus importantes : les stomoxes (*S. calcitrans*), les poux (*H. suis*) et les moustiques (*Aedes*, *Culex*, *Anopheles*).

3.4. Analyses quantitatives du risque de transmission du virus de la PPA par des stomoxes

D'après les résultats de l'élicitation, les stomoxes apparaissent comme les arthropodes potentiellement les plus favorables à la transmission du virus de la PPA en France métropolitaine. Aussi, le GT « Vecteurs PPA » a choisi de modéliser deux scénarios de diffusion du virus de la PPA via les stomoxes.

➤ Estimation de la probabilité d'introduction en élevage du virus de la PPA

Un modèle probabiliste quantitatif d'estimation du risque a été développé afin d'estimer la probabilité d'introduction du virus en provenance de la faune sauvage dans un élevage. Afin de définir un

scénario le plus vraisemblable possible, une chaîne événementielle a été définie par les experts. Elle se présente comme suit : un sanglier mâle solitaire, excréteur du virus de la PPA, évolue dans l'environnement direct d'un élevage avec un parcours extérieur pendant la durée de sa période infectieuse considérée égale à sept jours ; il se fait piquer par un stomoxe de l'élevage évoluant temporairement dans l'environnement direct de l'élevage ; le stomoxe se contamine ; le stomoxe se fait interrompre dans son repas sanguin et revient dans l'élevage pour finir son repas ; le virus est transmis à un porc de l'élevage.

Les paramètres ont été définis et différents scénarios ont été investigués afin de prendre en compte la variabilité de la prévalence de l'infection chez les sangliers et le niveau d'infestation de l'élevage par les stomoxes.

Au final, en surestimant la probabilité qu'un stomoxe sorte de l'élevage et se nourrisse sur un sanglier à 1, la probabilité moyenne qu'au moins un stomoxe introduise le virus de la PPA en élevage après avoir piqué un sanglier infecté évoluant dans l'environnement direct de l'élevage est inférieure à 0,2 % lorsque la prévalence de la PPA chez les sangliers est faible (scénario avec une prévalence à 1 %) et ce, quel que soit le taux d'infestation de l'élevage. En se plaçant dans une situation où certains paramètres clés sont surestimés, comme la probabilité qu'un stomoxe sorte de l'élevage et se nourrisse sur un sanglier, qui a été surestimée à 1, avec une prévalence de la PPA élevée chez les sangliers (scénario à 10 %) et un taux d'infestation de l'élevage par les stomoxes extrêmement élevé (100 stomoxes par porc), la probabilité moyenne d'introduction du virus par les stomoxes en élevage reste relativement faible (inférieure à 2,2 %).

En résumé, **la probabilité d'introduction du virus de la PPA en élevage par des stomoxes qui se seraient gorgés sur des sangliers infectés évoluant dans l'environnement direct de l'élevage a donc été considérée comme extrêmement faible à faible (3 à 5 sur une échelle de 0 à 9) avec un niveau d'incertitude modéré.**

➤ Quantification de l'importance relative de la transmission au sein d'un élevage de porcs

Le développement et la paramétrisation du modèle mécaniste développé afin d'estimer la part attribuable des stomoxes dans la diffusion du virus de la PPA au sein d'un élevage sont documentés dans le rapport d'expertise.

Ainsi, pour le cas d'un élevage ayant un parcours extérieur de 200 à 1 000 porcs (quel que soit leur âge), les résultats des simulations sont sensibles aux paramètres suivants :

- le niveau d'infestation de l'élevage (défini par le ratio stomoxes/porc) ;
- la dose infectante ;
- le volume de sang régurgité.

Au final, **la probabilité de diffusion du virus de la PPA par des stomoxes au sein d'un élevage ayant un parcours extérieur a été estimée comme étant peu élevée à assez élevée (correspondant à un niveau de 6 à 7 sur une échelle de 0 à 9), en fonction du niveau d'infestation.** Cette estimation présente un niveau d'incertitude élevé, en raison notamment de l'absence de données pour quantifier certains paramètres sensibles comme la dose infectante et le volume de sang régurgité.

La principale conséquence de cette transmission mécanique est l'accélération de la diffusion intra-élevage, pouvant raccourcir fortement la durée entre l'infection et la survenue du pic épizootique.

Cette conséquence pourrait impacter de manière importante l'infectiosité des élevages et donc la probabilité de diffusion du virus en dehors des élevages, notamment dans le cas où la déclaration de la maladie ne serait pas réalisée dans un délai suffisamment court.

3.5. Analyses qualitatives de la probabilité de transmission du virus de la PPA par voie vectorielle

Afin de compléter les analyses quantitatives présentées ci-dessus, des analyses qualitatives ont été réalisées. L'objectif de ces analyses était de caractériser les cas extrêmes et possibles de

transmission du virus de la PPA pour les trois scénarios de diffusion suivants : entre élevages, entre sangliers sauvages, et d'un élevage à la faune sauvage.

➤ Transmission du virus de la PPA entre élevages

Les situations pour lesquelles la probabilité de transmission du virus de la PPA entre élevages paraît la plus élevée correspondent à des zones à forte densité porcine, c'est-à-dire où de nombreux élevages porcins sont présents dans un périmètre réduit.

Les arthropodes les plus susceptibles de transmettre le virus de la PPA en France métropolitaine semblent être les stomoxes. Cependant, ils sont attachés à l'élevage dans lequel ils vivent et paraissent peu enclins à transmettre le virus d'un élevage à un autre (hors situation de vide sanitaire). Toutefois, d'autres arthropodes peuvent transporter des virus sur plusieurs centaines de mètres (ex : les mouches domestiques peuvent transporter le virus SDRP⁹). Aussi, les experts considèrent que **la probabilité de transmission du virus de la PPA d'un élevage à un autre par l'intermédiaire d'arthropodes vecteurs contaminés est minime à faible (2 à 5 sur une échelle de 0 à 9)**, avec néanmoins une incertitude élevée car basée uniquement sur un avis d'experts.

Ce risque peut-être considérablement augmenté dans le cas d'un vide sanitaire après le dépeuplement d'un élevage. Dans ce cas, et en l'absence de désinsectisation avant ou immédiatement après le dépeuplement d'un élevage porcine, **la probabilité de diffusion du virus par l'intermédiaire des arthropodes présents est estimée assez élevée à élevée (7 à 8 sur une échelle de 0 à 9)**, avec une incertitude élevée car basée uniquement sur un avis d'experts.

Le virus de la PPA peut également être transmis d'un élevage à un autre lors du transport d'animaux vivants, au cours duquel des arthropodes hématophages infectés peuvent aussi être transportés. Ces transferts d'animaux peuvent avoir lieu lors d'échanges entre sites d'élevage ou de trajets vers un abattoir, ainsi que lors d'importations illégales d'animaux. Les experts considèrent que **la probabilité de transmission du virus par transport d'arthropodes hématophages associés au transport de bétail est quasi-nulle à extrêmement faible (1 à 3 sur une échelle de 0 à 9)**, avec une incertitude élevée.

➤ Transmission du virus de la PPA au sein de la faune sauvage

Peu de données sont disponibles dans la littérature concernant les arthropodes inféodés aux sangliers. Des poux, tiques dures et puces ont déjà été identifiées sur des sangliers. Des moustiques, taons et stomoxes ont été identifiés dans des zones forestières fréquentées par les sangliers à proximité d'élevages porcins. Il est donc possible que ces arthropodes puissent jouer un rôle dans la transmission du virus au sein de la faune sauvage. Néanmoins, cette possibilité semble plus envisageable entre individus d'une même compagnie qu'entre individus de deux compagnies distinctes. Les compagnies de sangliers ont *a priori* des domaines de vie limitant leur proximité. De plus, dans un environnement forestier, les tabanidés et mouches piqueuses peuvent se nourrir sur d'autres hôtes que les sangliers, étant opportunistes sur le plan alimentaire, ce qui induit un effet de dilution.

C'est pourquoi, les experts du GT considèrent **la probabilité de transmission au sein d'une compagnie comme faible à assez élevée (5 à 7 sur une échelle de 0 à 9), et la probabilité de transmission entre compagnies comme très faible à faible (4 à 5 sur une échelle de 0 à 9), avec une incertitude élevée.**

➤ Transmission du virus de la PPA d'un élevage à la faune sauvage

Les experts ont estimé que la probabilité de transmission du virus de la PPA d'un élevage à la faune sauvage la plus élevée correspond à la situation où un élevage contaminé serait situé dans une zone forestière ou à proximité d'une forêt abritant des sangliers. Dans le cas d'un retard de détection du virus au sein d'un élevage contaminé, les stomoxes ont une probabilité élevée de s'infecter.

⁹ Virus SDRP : Virus du syndrome dysgénésique et respiratoire porcine.

Cependant, comme évoqué ci-dessus, les stomoxes étant opportunistes, en dehors de l'élevage, l'effet de dilution peut-être important.

En l'absence de données quantitatives, les experts considèrent **la probabilité de transmission du virus de la PPA d'un élevage vers la faune sauvage d'un ordre de grandeur similaire à la probabilité de diffusion de la faune sauvage vers un élevage de porcs, soit une probabilité extrêmement faible à faible (3 à 5 sur une échelle de 0 à 9) avec une incertitude élevée.**

Cependant, cette probabilité peut être considérablement augmentée dans le cas d'un vide sanitaire et en l'absence de désinsectisation avant ou immédiatement après le dépeuplement de l'élevage infecté (selon les conditions d'utilisation du produit). En effet, un nombre important de stomoxes, présents dans l'élevage et possiblement infectieux, pourraient sortir de l'élevage et transmettre le virus à des sangliers présents dans l'environnement de l'élevage. Cependant, l'effet de dilution et le taux de contact en forêt, aura tendance à diminuer la probabilité qu'un stomoxe pique un sanglier et transmette le virus. C'est pourquoi, les experts du GT considèrent que, dans ce cas précis, **après un vide sanitaire, la probabilité de diffusion du virus d'un élevage à la faune sauvage par l'intermédiaire des arthropodes présents est faible à assez élevée (5 à 7 sur une échelle de 0 à 9).**

Il est important de rappeler que les résultats de ces analyses qualitatives sont associés à des incertitudes résultant du peu de données disponibles dans la littérature pour documenter les scénarios envisagés. De plus, l'ensemble de ces analyses ont été réalisées en considérant des élevages possédant un accès extérieur, lesquels représentent une faible proportion des élevages porcins en France métropolitaine. En effet, 95 % de la production porcine française provient d'élevages porcins en bâtiment sur caillebotis ou sur litière. Dans de tels élevages, la transmission du virus de la PPA par des stomoxes serait possible, car malgré des mesures de biosécurité, ils ne sont pas totalement protégés de l'intrusion d'arthropodes. Cependant, les probabilités de diffusion du virus seraient vraisemblablement plus faibles que celles estimées dans la présente expertise.

3.6. Analyses qualitatives de la probabilité de transmission par transport passif (par contact)

Le virus de la PPA est un virus très résistant, qui peut se retrouver dans les sécrétions des animaux infectés (urine, fèces, sécrétions lacrymales, ...), et dans les tissus des carcasses (milieu riche en protéines qui protège le virus). Ainsi, des arthropodes peuvent vraisemblablement se contaminer une partie du corps (ailes, pattes) en rentrant en contact avec des tissus ou sécrétions contaminées. Pour jouer un rôle de transporteur passif, après s'être contaminés, les arthropodes doivent se déplacer pour contaminer un nouvel hôte, transporter une dose de virus infectieux suffisante pour infecter un animal sain et également trouver une porte d'entrée sur ce dernier (plaie, œil, ...).

➤ Transport passif du virus à partir de cadavres

Dans la nature, la survie du virus dans une carcasse de sanglier est dépendante de différents paramètres tels que les conditions climatiques, la présence de charognards ou d'entomofaune. En conditions optimales, un cadavre en décomposition peut rester présent dans l'environnement jusqu'à trois ans environ.

Différentes études se sont intéressées à la persistance du virus de la PPA, montrant que ce dernier pouvait persister plusieurs mois, voire années dans différents tissus, organes ou liquides physiologiques après la mort de l'animal. Ainsi, des insectes nécrophages, tels que certaines mouches connues pour pouvoir parcourir plusieurs kilomètres par jour, peuvent en théorie disséminer le virus.

➤ Transport passif à partir d'un animal vivant

Lorsqu'un suidé est infecté par le virus, ce dernier se retrouve excrété par de nombreuses voies, telles que les muqueuses nasale, génitale et oculaire. Ces voies jouent très probablement un rôle

non négligeable dans la transmission directe (par contact oro-nasal), et pourraient également jouer un rôle important dans la transmission par transport passif.

Lors d'une étude de terrain, il a été observé que des mouches se nourrissaient de matières fécales et d'urine, ainsi que d'écorchures cutanées, de sécrétions nasales, lacrymales et salivaires de porcs malades. De plus, la transmission du virus SDRP par une mouche à un porc sain a été observée. En l'absence de données, **la probabilité de transmission du virus de la PPA par transport passif d'un animal infecté à un animal sain (notamment via les sécrétions lacrymales ou les muqueuses) semble possible, mais n'a pas pu être évaluée.** Il est nécessaire d'étudier la quantité et la persistance du virus de la PPA transporté sur les différentes parties du corps des insectes susceptibles d'être en contact avec des suidés.

3.7. Analyses qualitatives du risque de transmission par ingestion

Les sangliers ont un comportement fouisseur, et peuvent se nourrir d'insectes et de leurs larves présentes dans le sol. Aussi, les experts se sont intéressés à la probabilité de contamination de sangliers fouissant le sol autour de carcasses infectées de leurs congénères et ingérant des insectes nécrophages contaminés. Une étude récente a montré que des larves de *Calliphoridae* pouvaient inactiver le virus de la PPA (Forth et al. 2018). Les auteurs concluent que les larves de ces mouches nécrophages joueraient un rôle négligeable dans la transmission du virus de la PPA vers les sangliers sains. De plus, la dose infectante nécessaire à la contamination par voie orale est élevée (environ 10^4 HAD₅₀/mL¹⁰ à 10^5 HAD₅₀/mL de sang selon la souche), rendant la probabilité de transmission encore plus faible.

Si la transmission du virus par consommation d'arthropodes infectés au stade adulte est possible en conditions expérimentales (Olesen et al. 2018b), notamment lorsque ces vecteurs se retrouvent dans l'alimentation, elle semble cependant négligeable en conditions naturelles (avec une incertitude moyenne). Aussi, le scénario le plus envisageable selon les experts du GT serait celui d'une ingestion de mouches, le plus vraisemblablement mortes, tombées dans l'alimentation. Ce scénario, bien que possible, est cependant considéré comme peu probable.

Ainsi, sur la base des informations disponibles concernant des larves de *Caliphoridae*, **la probabilité de transmission du virus de la PPA à des suidés par ingestion d'arthropodes contaminés (y compris au stade larvaire) s'étant nourris sur une carcasse infectée et contenant du virus actif en quantité suffisante est considérée quasi-nulle (1 sur une échelle de 0 à 9), avec une incertitude moyenne.**

Des recherches complémentaires restent nécessaires pour étudier l'inactivation du virus par des insectes nécrophages.

De ces analyses, qui sont synthétisées dans le tableau de l'Annexe 1, il ressort que le rôle potentiel des arthropodes présents en France métropolitaine dans la transmission du virus de la PPA est très variable (probabilités quasi-nulles à élevées) selon les scénarios et les voies de transmission envisagés. Leur importance dépend de paramètres tels que le nombre d'animaux infectés, le nombre d'arthropodes dans le milieu ou encore de leurs distances de déplacement. Vis-à-vis d'une possible transmission vectorielle, les experts estiment que le risque le plus important survient dans un contexte de vide sanitaire créé par le dépeuplement d'un élevage porcin infecté suivi d'une transmission vectorielle vers la faune sauvage ou un autre élevage si ce dernier est proche. Concernant la transmission intra-élevage au sein d'une population de porcs contaminée, la présence d'arthropodes hématophages peut contribuer à la transmission du virus ; toutefois, leur rôle reste vraisemblablement minime par rapport à la transmission par contact direct.

¹⁰ HAD₅₀ : 50% haemadsorbing dose – dose hemadsorbante 50

4. CONCLUSIONS ET RECOMMANDATIONS DE L'AGENCE

L'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail endosse les conclusions et les recommandations du GT « vecteurs PPA » et du CES SABA relatives au « rôle potentiel des arthropodes présents en France métropolitaine dans la transmission du virus de la peste porcine africaine (PPA) ».

D'après l'expertise réalisée, le scénario correspondant à la probabilité la plus élevée de transmission vectorielle du virus de la PPA correspond à un vide sanitaire après dépeuplement d'un élevage de porcs infectés. Aussi, l'Anses souligne l'importance d'associer à un dépeuplement d'élevage, motivé par une présence de virus de la PPA, une désinsectisation dans une fenêtre temporelle proche du vide sanitaire. A défaut, les arthropodes vecteurs qui vivaient autour de l'élevage, et donc potentiellement contaminés par le virus de la PPA sont susceptibles de migrer dans un autre élevage ou la faune sauvage et de propager le virus.

De plus, l'Agence rappelle que les réponses apportées dans le présent rapport présentent un niveau d'incertitude modéré à élevé en raison, d'une part, d'un nombre limité d'études scientifiques disponibles (sur la compétence et la capacité vectorielle des vecteurs hématophages en lien avec le virus de la PPA, sur la quantité de virus présente dans et sur les vecteurs potentiels...) et, d'autre part, de la variabilité de nombreux facteurs pouvant influencer la transmission du virus de la PPA (le type d'élevage, le niveau de biosécurité dans l'élevage...). Des recherches complémentaires sont donc nécessaires, notamment pour étudier la dose infectante et la compétence vectorielle des différents vecteurs présents en France métropolitaine.

Enfin, l'Agence rappelle que la surveillance des vecteurs nécessiterait d'être développée. En effet, la mise en place d'un dispositif de surveillance des vecteurs (moustiques, stomoxes, tiques...) à l'échelle nationale permettrait de mieux connaître leur bio-écologie, d'anticiper des situations à risque et d'adapter les mesures de prévention et de gestion des risques.

Dr Roger Genet

MOTS-CLES

Peste porcine africaine (PPA), virus, transmission vectorielle, arthropodes vecteurs, arthropodes transporteurs, Ornithodoros, tiques molles, tiques dures, stomoxes, culicoïdes, moustiques, tabanidés, phlébotomes, poux, puces, porc domestique, sanglier sauvage, persistance, environnement.

African swine fever (ASF), virus, vector transmission, vectors arthropods, carrier arthropods, Ornithodoros, soft ticks, hard ticks, Stomoxys flies, culicoides, mosquitoes, tabanids, sand flies, fleas, lice, pig, wild boar, persistence, environment.

Avis de l'Anses
Saisine n° « 2019-SA-0028 »

Annexe 1 : Synthèse des probabilités de transmission du virus de la PPA en fonction des voies de transmission investiguées dans le rapport classés par ordre décroissant de risque

DIFFUSION DU VIRUS DE LA PPA	VOIES DE TRANSMISSION	ANALYSE	SCENARIOS POSSIBLES	PROBABILITE (SUR UNE ECHELLE DE 0 A 9)	NIVEAU D'INCERTITUDE
DIFFUSION ENTRE ELEVAGES	Voie vectorielle, dépend des conditions de biosécurité et de la densité des élevages dans la zone considérée	Analyses qualitatives sur les données bibliographiques disponibles et/ou avis d'experts	Vide sanitaire après un dépeuplement d'un élevage de porcs infectés par le virus de la PPA, un nombre important d'arthropodes hématophages potentiellement contaminés pourraient se retrouver sans hôte à proximité et, de ce fait, se déplacer vers d'autres élevages aux alentours et introduire le virus dans un nouvel élevage	Assez élevée à élevée (7 à 8)	Elevé
DIFFUSION INTRA-ELEVAGE	Voie vectorielle mécanique, par les stomoxes dans les élevages de porc avec un accès extérieur et caillebotis	Modèle mécaniste	Transmission vectorielle en parallèle d'une transmission directe au sein d'un élevage de porc	Peu élevée à assez élevée (6 à 7)	Elevé
DIFFUSION D'UN ELEVAGE A LA FAUNE SAUVAGE	Voie vectorielle	Analyses qualitatives sur les données bibliographiques disponibles et/ou avis d'experts	Vide sanitaire après un dépeuplement d'un élevage de porcs infectés par le virus de la PPA, un nombre important d'arthropodes hématophages potentiellement contaminés pourraient se retrouver sans hôte à proximité et, de ce fait, sortir de l'élevage et transmettre le virus à des sangliers	Faible à assez élevée (5 à 7)	Elevé
DIFFUSION AU SEIN DE LA FAUNE SAUVAGE	Voie vectorielle	Analyses qualitatives sur les données bibliographiques disponibles et/ou avis d'experts	Un arthropode s'infecte sur un sanglier contaminé et, à la faveur d'un repas de sang, infecte à son tour un sanglier d'une même compagnie ou d'une compagnie voisine	Faible à assez élevée au sein d'une compagnie (5 à 7) très faible à faible entre compagnies (4 à 5)	Elevé
DIFFUSION DE LA FAUNE SAUVAGE A UN ELEVAGE SAIN	Voie vectorielle	Modèle probabiliste	Introduction en élevage du virus de la PPA par l'intermédiaire des stomoxes	Extrêmement faible à faible (3 à 5)	Moyen

Avis de l'Anses
Saisine n° « 2019-SA-0028 »

DIFFUSION D'UN ELEVAGE A LA FAUNE SAUVAGE	Voie vectorielle	Analyses qualitatives sur les données bibliographiques disponibles et/ou avis d'experts	Un arthropode s'infecte sur un porc contaminé et, après avoir quitté l'élevage, à la faveur d'un repas de sang, infecte à son tour un sanglier dans l'environnement forestier avoisinant l'élevage	Extrêmement faible à faible (3 à 5)	Elevé
DIFFUSION ENTRE ELEVAGES	Voie vectorielle, dépend des conditions de biosécurité et de la densité des élevages dans la zone considérée	Analyses qualitatives sur les données bibliographiques disponibles et/ou avis d'experts	Élevages situés dans des zones à forte densité porcine, il est envisageable que des arthropodes vecteurs contaminés puissent transmettre le virus de la PPA d'un élevage contaminé à un élevage sain	Minime à faible (2 à 5)	Elevé
DIFFUSION ENTRE ELEVAGES	Voie vectorielle, dépend des conditions de biosécurité et de la densité des élevages dans la zone considérée	Analyses qualitatives sur les données bibliographiques disponibles et/ou avis d'experts	Transferts d'animaux d'un élevage à un autre, des arthropodes hématophages infectés peuvent aussi être transportés et ainsi parcourir de longues distances pour se retrouver dans un nouvel élevage	Quasi-nulle à extrêmement faible (1 à 3)	Elevé
DIFFUSION AU SEIN DE LA FAUNE SAUVAGE	Ingestion d'arthropodes infectés	Analyses qualitatives sur les données bibliographiques disponibles et/ou avis d'experts	Un sanglier se nourrit d'arthropodes infectés sur une carcasse infectée qui contient du virus actif en quantité suffisante	Quasi-nulle (1)	Moyen

(1) Seul vecteur biologique avéré du virus de la PPA ; (2) sur la base des données bibliographiques disponibles et avis d'experts ; NA : Non Appliqué

Rôle potentiel des arthropodes présents en France métropolitaine dans la transmission du virus de la peste porcine africaine (PPA)

Saisine « 2019-SA-0028 Vecteurs PPA »

RAPPORT d'expertise collective

« Comité d'experts spécialisé Santé et Bien-être animal »

« Groupe de travail Vecteurs PPA »

Janvier 2020

Mots clés

Peste porcine africaine (PPA), virus, transmission vectorielle, arthropodes vecteurs, arthropodes transporteurs, *Ornithodoros*, tiques molles, tiques dures, stomoxes, culicoïdes, moustiques, tabanidés, phlébotomes, poux, puces, porc domestique, sanglier sauvage, persistance, environnement.

African swine fever (ASF), virus, vector transmission, vectors arthropods, carrier arthropods, Ornithodoros, soft ticks, hard ticks, Stomoxys flies/stable flies, culicoïdes, mosquitoes, tabanids, sand flies, fleas, lice, pig, wild boar, persistence, environment.

Présentation des intervenants

PRÉAMBULE : Les experts membres de comités d'experts spécialisés, de groupes de travail ou désignés rapporteurs sont tous nommés à titre personnel, *intuitu personae*, et ne représentent pas leur organisme d'appartenance.

GRUPE DE TRAVAIL

Président

M. Claude SAEGERMAN – Professeur, Université de Liège + épidémiologie, évaluation de risque, infectiologie et biosécurité

Membres

Mme Sarah BONNET – Directrice de recherche, INRAE, Maisons-Alfort + parasitologie, entomologie médicale et vétérinaire, tiques

Mme Emilie BOUHSIRA – Maître de Conférences, ENVT + parasitologie, entomologie médicale et vétérinaire, parasitologie vétérinaire, vecteurs, agents pathogènes zoonotiques

M. Nick DE REGGE – Chercheur, Sciensano Belgique + virologie, diagnostic de laboratoire, maladies vectorielles

M. Mutien GARIGLIANY – Professeur, Université de Liège + pathogénie des maladies virales, virologie moléculaire

M. Ferran JORI – Vétérinaire-épidémiologiste, CIRAD, Montpellier + peste porcine africaine, faune sauvage, épidémiologie

Mme Marie-Frédérique LE POTIER – chef d'unité, Anses + virologie, infectiologie, LNR Pestes porcines

Mme Laetitia LEMPEREUR – Assistante, Laboratoire de parasitologie, Faculté de Médecine vétérinaire, Université de Liège + parasitologie vétérinaire, vecteurs et zoonoses

M. Timothée VERGNE – Maître de conférences en santé publique vétérinaire, ENVT + épidémiologie, modélisation et évaluation du risque

Mme Laurence VIAL – Chercheur, CIRAD + bio-écologie, entomologie, virus de la PPA

RAPPORTEURS EXTERNES

Mme Antoinette LUDWIG – Vétérinaire épidémiologiste, Agence de santé publique du Canada

M. Nicolas ROSE – Chef d'unité, Anses

COMITÉ D'EXPERTS SPÉCIALISÉ

Les travaux, objets du présent rapport ont été suivis et adoptés par le CES et le GT suivants :

- CES Santé et bien-être animal (SABA) les 19 mars, 02 juillet 2019 et 12 novembre 2019.

Président

M. Gilles MEYER – Professeur, ENVT + virologie, immunologie, vaccinologie

Membres

Mme Catherine BELLOC – Maître de conférences, Oniris-Nantes + infectiologie, approche intégrée

M. Stéphane BERTAGNOLI – Professeur, ENVT + virologie, immunologie, vaccination

M. Alain BOISSY – Chercheur, INRA Clermont + bien-être animal

M. Henri-Jean BOULOUIS – Professeur, ENVA + bactériologie, diagnostic de laboratoire, immunologie, vaccinologie

M. Éric COLLIN – Vétérinaire praticien + médecine vétérinaire, médicament vétérinaire, maladies vectorielles, maladies à prion

M. Jean-Claude DESFONTIS – Professeur Oniris-Nantes + physiologie, bien-être animal, médecine vétérinaire

Mme Maria-Eleni FILIPPITZI – Epidémiologiste, Sciensano Belgique + épidémiologie, évaluation de risque

M. David FRETIN – Chef de service, Sciensano Belgique+ bactériologie, zoonoses, diagnostic de laboratoire

Mme Emmanuelle GILOT-FROMONT – Professeur, VetAgro Sup + infectiologie, épidémiologie, évaluation de risque, faune sauvage

M. Etienne GIRAUD – Chargé de recherche, INRAE Tours + bactériologie

M. Lionel GRISOT – Vétérinaire praticien + médecine vétérinaire, médicament vétérinaire

Mme Nadia HADDAD – Professeur, ENVA + infectiologie, maladies règlementées, zoonoses

Mme Viviane HENAU – Epidémiologiste, Anses Lyon + épidémiologie, évaluation de risque

Mme Elsa JOURDAIN – Chargée de recherche, INRAE Clermont + épidémiologie, évaluation de risque, faune sauvage

Mme Sophie LE BOUQUIN – LE NEVEU – Epidémiologiste, Anses Ploufragan + épidémiologie, évaluation de risque, approche intégrée

Mme Sophie LE PODER – ALCON – Maître de conférences, ENVA + virologie, immunologie, vaccinologie

Mme Elodie LEROY MONCHATRE – Directrice, Anses Nancy + virologie, épidémiologie, évaluation de risques, faune sauvage

Mme Monique L'HOSTIS – Retraitée, Oniris Nantes + parasitologie

M. François MEURENS – Professeur, Oniris Nantes + virologie, immunologie, vaccinologie

Mme Virginie MICHEL – Anses Ploufragan + épidémiologie, évaluation de risque, bien-être animal, approche intégrée

M. Pierre MORMEDE – Directeur de recherche, INRAE + bien-être animal

M. Hervé MORVAN – Vétérinaire biologiste, Labocéa22 + bactériologie, diagnostic de laboratoire

Mme Carine PARAUD – Anses Niort + parasitologie

Mme Ariane PAYNE – Chargée d'étude, ONCFS + épidémiologie, évaluation de risque, faune sauvage

M. Michel PEPIN – Professeur, VetAgro Sup + infectiologie, immunologie, vaccinologie

Mme Carole PEROZ-SAPEDE – Maître de conférences, Oniris Nantes + infectiologie, maladies réglementées, approche intégrée

Mme Claire PONSART – Anses Maisons-Alfort + bactériologie, infectiologie, diagnostic de laboratoire

M. Claude SAEGERMAN – Professeur, Université de Liège + épidémiologie, évaluation de risque, infectiologie et biosécurité

Mme Gaele SIMON – Chercheur, Anses Ploufragan + virologie, immunologie

M. Jean-Pierre VAILLANCOURT – Professeur, Université de Montréal + épidémiologie, évaluation de risque.

■ GT « vecteurs » les 04 juillet et 07 novembre 2019

Président

M. Philippe QUENEL – Professeur, EHESP Rennes + épidémiologie, évaluation du risque, santé publique

Membres

M. Frédérick ARNAUD – Directeur de recherche INRAE/Professeur cumulant EPHE Lyon + virologie moléculaire, arbovirus, compétence vectorielle

M. Thierry BALDET – Chercheur, CIRAD La Réunion + entomologie médicale et vétérinaire, moustiques, culicoïdes, Lutte antivectorielle

M. Christophe BOETE – Chargé de recherche IRD + écologie des vecteurs, biologie évolutive, nouvelles méthodes de lutte antivectorielle

Mme Sarah BONNET – Directrice de recherche, INRAE, Maisons-Alfort + parasitologie, entomologie médicale et vétérinaire, tiques

Mme Cécilia CLAEYS – Maître de conférences, Université d'Aix-Marseille + sociologie de l'environnement et des risques

M. James DEVILLERS – Directeur du CTIS, Rillieux La Pape + écotoxicologie, modélisation, biocides, lutte antivectorielle

M. Claudio R. LAZZARI – Professeur, Université de Tours + biologie des vecteurs, physiologie et comportement des arthropodes

M. Emmanuel LIENARD – Enseignant-chercheur, ENV Toulouse + mécanismes de résistance aux insecticides, pathologie animale, parasitologie

Mme Marianne LOISEAU – Chargé de projets recherche, Anses Angers + santé végétale, virologie, phytoplasmodologie, bactéries du phloème

Mme Antoinette LUDWIG – Vétérinaire épidémiologiste, Agence de santé publique du Canada + santé animale, épidémiologie des zoonoses, modélisation, épidémiologie

Mme Sylvie MANGUIN – Directrice de recherche, IRD Montpellier + entomologie médicale, maladies à transmission vectorielle, moustiques.

Mme Marie-Claire PATY – Médecin infectiologue, Santé publique France + épidémiologie, santé humaine, santé publique

M. Christophe PAUPY – Directeur de recherche, IRD Montpellier + entomologie médicale, bio-écologie des vecteurs, moustiques, arbovirus

M. Jocelyn RAUDE – Maître de conférences, EHESP Rennes + psychologie de la santé, sciences humaines et sociales

Mme Magalie RENE-MARTELLET – Enseignant-chercheur, VetAgro SupLyon + épidémiologie, santé animale, tiques, parasitologie

M. David ROIZ – Chercheur, IRD Montpellier + lutte antivectorielle, entomologie médicales, *Aedes*, évaluation des risques

M. Philippe RYCKEWAERT – Chercheur, CIRAD Montpellier + santé végétale, entomologie agricole, bio-écologie des populations d'insectes

M. Claude SAEGERMAN – Professeur, Université de Liège + épidémiologie, évaluation de risque, infectiologie et biosécurité

M. Frédéric SIMARD – Directeur de recherche IRD Montpellier + entomologie médicale, arboviroses, biologie évolutive, maladies infectieuses émergentes

M. Jean-Paul STAHL – Médecin infectiologue, CHU Grenoble + maladies infectieuses, pathologies tropicales

M. François VERHEGGEN – Professeur, Université de Liège + santé végétale, entomologie fonctionnelle et évolutive, zoologie, sciences agronomiques

PARTICIPATION ANSES

Coordination scientifique

Mme Elsa QUILLERY – Coordinatrice d'expertise scientifique – Anses

Contribution scientifique

Mme Florence ETORE – Adjointe à la cheffe de l'unité Evaluation des risques liés à la Santé, à l'Alimentation et au Bien-être des animaux – Anses

Mme Johanna FITE – Responsable de la mission vecteurs – Anses

Mme Elsa QUILLERY – Coordinatrice d'expertise scientifique – Anses

Secrétariat administratif

M. Régis MOLINET – Anses

AUDITION DE PERSONNALITÉS EXTÉRIEURES

Les personnes mentionnées ci-après ont été auditionnées par des experts du groupe de travail. Ces derniers remercient l'ensemble des personnes consultées pour les échanges fructueux qui ont eu lieu dans le cadre des auditions, de même que par écrit. Les informations transmises dans ce cadre ont été prises en compte lors de l'élaboration du rapport.

Avertissement : la mention des personnes dans le tableau ci-dessous ne signifie pas qu'elles endossent les conclusions du présent rapport.

Tableau 1 : liste des personnes auditionnées

Nom	Fonction	Date
Paulius BUSAUSKAS	Chef adjoint du service d'intervention d'urgence au Service alimentaire et vétérinaire de Lituanie	16 mai 2019 et le 25 juillet 2019
Hana SULAKOVA	Biologiste légiste à l'institut de criminalistique de Prague, en République Tchèque	20 mai 2019
Marc DESQUENES	Vétérinaire entomologiste, UMR Intertryp, CIRAD-IRD, Département de Parasitologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Kasetsart, Thaïlande	14 juin 2019
Damien CHARABIDZÉ	Maître de conférences en entomologie médico-légale à l'institut de taphonomie à Lille	18 juin 2019

CONTRIBUTIONS EXTÉRIEURES AU(X) COLLECTIF(S)

Les personnes suivantes ont participé à l'élicitation d'experts visant à répondre à la question de l'importance comparée des arthropodes envisagés comme susceptibles de transmettre le virus de la PPA en France métropolitaine : Laetitia Lempereur, Sarah Bonnet, Souaïbou Farougou, Gérard Duvallat, Marie-Frédérique Le Potier, Elsa Jourdain, Emmanuel Liénard, Roland Eric Yessinou, Ferran Jori, Emilie Bouhsira, Nick De Regge, Nadia Haddad, Olivier Plantard et Reggy De Deken.

SOMMAIRE

Présentation des intervenants	3
Sigles et abréviations	12
Liste des tableaux.....	12
Liste des figures	13
1 Contexte, objet et modalités de réalisation de l'expertise.....	15
1.1 Contexte.....	15
1.2 Objet de la saisine.....	18
1.2.1 Objectif.....	18
1.2.2 Limites du champ d'expertise	19
1.3 Modalités de traitement : moyens mis en œuvre et organisation.....	19
1.4 Prévention des risques de conflits d'intérêts	19
2 Méthodologie de l'expertise	21
2.1 Les scénarios de diffusion du virus impliquant des arthropodes	21
2.1.1 Scénario de diffusion au sein de la faune sauvage	21
2.1.2 Scénario de diffusion de la faune sauvage vers un élevage	21
2.1.3 Scénario de diffusion intra-élevage	22
2.1.4 Scénario de diffusion inter-élevages.....	22
2.1.5 Scénario de diffusion d'un élevage vers la faune sauvage	22
2.2 Veille et recherche bibliographique	23
2.2.1 Objectifs des recherches bibliographiques	23
2.2.2 Choix des mots-clés et opérateurs booléens.....	23
2.3 Personnes auditionnées	23
2.3.1 Objectif des auditions.....	23
2.3.2 Préparation et déroulement des auditions	24
2.3.3 Traitement et utilisation des informations obtenues	24
2.3.4 Personnes auditionnées	24
2.4 Élicitation d'experts	24
2.5 Modélisation	24
2.6 Évaluation de la probabilité de transmission du virus de la PPA par des arthropodes	25
3 Éléments de connaissances scientifiques sur la transmission du virus de la PPA.....	27
3.1 Le virus de la PPA.....	27
3.1.1 Étiologie	27
3.1.2 Pathogénie et virémie chez les suidés	27
3.1.3 Dose infectieuse de virus de la PPA.....	28
3.1.4 Excrétion du virus de la PPA	29
3.2 Les voies de transmission du virus de la PPA.....	29

3.3 Les cycles épidémiologiques décrits	30
3.3.1 Le cycle sylvatique	30
3.3.2 Le cycle intermédiaire	31
3.3.3 Le cycle domestique	31
3.3.4 Le cycle sanglier – habitat	31
4 Transmission vectorielle (biologique et mécanique) du virus de la PPA... 33	
4.1 Les tiques du genre <i>Ornithodoros</i>, vecteurs et réservoirs avérés du virus de la PPA 35	
4.1.1 Éléments de bio-écologie.....	35
4.1.2 Rôle des tiques du genre <i>Ornithodoros</i> dans l'épidémiologie de la PPA	35
4.1.3 Probabilité d'introduction des tiques <i>Ornithodoros</i> en France métropolitaine	36
4.1.4 Probabilité de contact avec les suidés.....	37
4.1.5 Compétence vectorielle des tiques du genre <i>Ornithodoros</i> pour le virus de la PPA.....	38
4.2 Autres arthropodes envisagés comme vecteurs biologiques ou mécaniques du virus de la PPA	39
4.2.1 Les Ceratopogonidae.....	39
4.2.1.1 Éléments de bio-écologie	39
4.2.1.2 Rôle vecteur des Culicoides.....	40
4.2.1.2.1 <i>Transmission vectorielle d'agents pathogènes</i>	40
4.2.1.2.2 <i>Transmission vectorielle du virus de la PPA</i>	40
4.2.2 Les Culicidae	40
4.2.2.1 Éléments de bio-écologie	41
4.2.2.2 Rôle vecteur des Culicidae.....	42
4.2.2.2.1 <i>Transmission vectorielle d'agents pathogènes</i>	42
4.2.2.2.2 <i>Transmission vectorielle du virus de la PPA</i>	42
4.2.3 Les Ixodidae.....	42
4.2.3.1 Éléments de bio-écologie	42
4.2.3.2 Rôle vecteur des Ixodidae.....	44
4.2.3.2.1 <i>Transmission vectorielle d'agents pathogènes</i>	44
4.2.3.2.2 <i>Transmission vectorielle du virus de la PPA</i>	44
4.2.4 Les Muscidae.....	45
4.2.4.1 Éléments de bio-écologie	45
4.2.4.2 Rôle vecteur de <i>Stomoxys calcitrans</i>	46
4.2.4.2.1 <i>Transmission vectorielle d'agents pathogènes</i>	46
4.2.4.2.2 <i>Transmission vectorielle du virus de la PPA</i>	47
4.2.5 Les Phlebotominae	47
4.2.5.1 Éléments de bio-écologie	47
4.2.5.2 Rôle vecteur des Phlebotominae.....	48
4.2.5.2.1 <i>Transmission vectorielle d'agents pathogènes</i>	48
4.2.5.2.2 <i>Transmission vectorielle du virus de la PPA</i>	49
4.2.6 Les Phthiraptera.....	49
4.2.6.1 Éléments de bio-écologie	49
4.2.6.2 Rôle vecteur des poux.....	49
4.2.6.2.1 <i>Transmission vectorielle d'agents pathogènes</i>	49
4.2.6.2.2 <i>Transmission vectorielle du virus de la PPA</i>	50
4.2.7 Les Siphonaptera	50
4.2.7.1 Éléments de bio-écologie	50
4.2.7.2 Rôle vecteur des puces	51
4.2.7.2.1 <i>Transmission vectorielle d'agents pathogènes</i>	51
4.2.7.2.2 <i>Transmission vectorielle du virus de la PPA</i>	51
4.2.8 Les Tabanidae	51
4.2.8.1 Éléments de bio-écologie	51
4.2.8.2 Rôle vecteur des Tabanidae.....	52
4.2.8.2.1 <i>Transmission vectorielle d'agents pathogènes</i>	52

4.2.8.2.2	Transmission vectorielle du virus de la PPA	53
4.2.9	Autres arthropodes hématophages présents en France métropolitaine	53
4.3	Hierarchisation du rôle relatif des arthropodes hématophages susceptibles d'être impliqués dans la transmission du virus de la PPA en France métropolitaine	55
4.3.1	Taux de réponse et compétences mobilisées par les experts.....	55
4.3.2	Pondération des critères entre eux.....	56
4.3.3	Indices médians d'incertitude sur la notation des critères.....	58
4.3.3.1	Ordonnement des arthropodes hématophages	59
4.3.3.2	Discussion des résultats de l'élicitation	60
4.4	Modélisation de la transmission du virus de la PPA par des stomoxes	61
4.4.1	Quantification de l'importance relative de la transmission vectorielle mécanique de la PPA au sein d'un élevage de porcs.....	61
4.4.1.1	Transmission par contact direct entre porcs.....	61
4.4.1.2	Transmission vectorielle mécanique par les stomoxes	62
4.4.1.3	Analyse de sensibilité.....	64
4.4.1.4	Conclusion sur l'importance relative de la transmission vectorielle mécanique par les stomoxes du virus de la PPA dans les élevages de porc.....	65
4.4.2	Estimation de la probabilité d'introduction en élevage du virus de la PPA par l'intermédiaire des stomoxes.....	66
4.4.2.1	Estimation de la probabilité d'introduction en élevage par les stomoxes.....	66
4.4.2.2	Analyse de sensibilité.....	67
4.4.2.3	Conclusion sur la probabilité d'introduction en élevage du virus de la PPA par l'intermédiaire des stomoxes.....	68
4.5	Analyses qualitatives complémentaires de la probabilité de transmission du virus de la PPA selon les scénarios envisagés par le GT.....	69
4.5.1	Probabilité de transmission du virus de la PPA entre élevages	69
4.5.2	Probabilité de transmission du virus de la PPA au sein de la faune sauvage.....	70
4.5.3	Probabilité de transmission du virus de la PPA de l'élevage à la faune sauvage	71
4.6	Conclusion sur la probabilité de transmission du virus de la PPA par voie vectorielle biologique et mécanique	72
5	Rôle potentiel des arthropodes dans la transmission du virus de la PPA à des suidés sauvages ou domestiques par d'autres voies de contamination.....	73
5.1	Écosystème des cadavres de suidés.....	73
5.1.1	Persistance du virus dans des carcasses de suidés	73
5.1.2	Description et dynamique de l'entomofaune associée à la décomposition des cadavres de sangliers 76	
5.2	Transmission par transport passif.....	79
5.2.1	Voies de contamination d'arthropodes transporteurs	80
5.2.1.1	Contamination sur des cadavres	80
5.2.1.2	Contamination sur des animaux vivants infectés.....	80
5.2.2	Conclusion sur la probabilité de transmission par transport passif	81
5.3	Transmission par ingestion d'arthropodes contaminés	81
5.3.1	Comportement trophique des sangliers.....	82
5.3.2	Probabilité de transmission du virus de la PPA par ingestion d'arthropodes infectés	83
5.3.2.1	Conclusion sur la probabilité de transmission du virus de la PPA par ingestion d'arthropodes infectés	83
5.3.2.2	Autres risques liés à la présence de carcasses contaminées	84
6	Analyse des sources d'incertitudes	85

7	Conclusions du groupe de travail	87
8	Recommandations	91
9	Bibliographie.....	95
	ANNEXES	106
	Annexe 1 : Lettre de saisine.....	107
	Annexe 2 : Profil de recherches bibliographiques	109
	Annexe 3 : Diagramme Prisma.....	115
	Annexe 4: Méthodologie de l'élicitation d'experts	116
	Annexe 5 : Développement du modèle mécaniste appliqué à un scénario de diffusion du virus en intra-élevage	119
	Annexe 6 : Développement du modèle probabiliste appliqué à un scénario de diffusion du virus de la faune sauvage à un élevage	125
	Annexe 7 : Synthèse des différents paramètres biologiques des différents arthropodes hématophages considérés dans ce rapport.....	130
	Annexe 8 : Classification des arthropodes hématophages	133
	Annexe 9 : Profil des experts ayant participé à l'élicitation des connaissances d'experts	135
	Annexe 10 : Notes, indices d'incertitude et pondérations attribués par les experts concernant les critères de la capacité vectorielle des familles/genres d'arthropodes hématophages susceptibles de jouer un rôle dans la transmission du virus de la PPA en France métropolitaine.....	136

Sigles et abréviations

ADN : Acide désoxyribonucléique

AFSCA : Agence Fédérale pour la Sécurité de la Chaîne Alimentaire

AFSSA : Agence française de la sécurité sanitaire des aliments

ARN : Acide ribonucléique

Anses : Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail

CES : Comité d'Experts Spécialisés

CES SABA : CES « Santé et bien-être des animaux »

CIRAD : Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement

Ct : *cycle threshold* – cycle seuil

ECDC : *European Centre for Disease Prevention and Control* - Centre européen de prévention et de contrôle des maladies

EFSA : *European Food Safety Authority* - Autorité européenne de sécurité des aliments

ESA (plateforme) : plateforme d'épidémiosurveillance en santé animale

FAO : *Food and Agricultural Organisation* - Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation et l'Agriculture

GT : Groupe de Travail

IRD : Institut de recherche pour le développement

OIE : Organisation mondiale de la santé animale, ex Office international des épizooties

PCR : *Polymerase Chain Reaction* - réaction en chaîne par polymérase

PI : Post-infection

PPA : Peste Porcine Africaine

qPCR : PCR (*Polymerase Chain Reaction* – réaction en chaîne par polymérase) quantitative

Russie : Fédération de Russie

Liste des tableaux

Tableau 1 : liste des personnes auditionnées _____ 7

Tableau 2 : Valeurs chiffrées utilisées pour chaque qualificatif de probabilité et correspondance avec les valeurs ordinales (Afssa 2008) _____ 25

Tableau 3 : Modalités d'expression, de qualification et d'attribution des « indices d'incertitudes » de la notation _____ 26

Tableau 4 : Résultat des simulations relatives à l'évaluation de l'importance potentielle d'une transmission vectorielle mécanique par des stomoxes dans des élevages avec parcours extérieurs pour différents scénarios de densité de stomoxes. Ces résultats ont été calculés sur la base de 500 simulations par scénario. _____ 63

Tableau 5 : 95^{ème} percentile de la probabilité moyenne que le virus de la PPA soit introduit dans un élevage avec un parcours extérieur de 200 porcs par l'intermédiaire des stomoxes de l'élevage, quand un sanglier

infecté par le virus de la PPA évolue dans l'environnement direct de l'élevage pendant la durée de sa période infectieuse (considérée égale à 7 jours), pour différents scénarios de prévalence chez les sangliers (1 %, 5 % et 10 %) et de niveau d'infestation de l'élevage par les stomoxes (5, 10, 20, 50 et 100 stomoxes par porc) _____ 67

Tableau 6 : 95^{ème} percentile de la probabilité moyenne que le virus de la PPA soit introduit dans un élevage ayant un parcours extérieur de 200 porcs par l'intermédiaire des stomoxes de l'élevage, quand un sanglier infecté par le virus de la PPA évolue dans l'environnement direct de l'élevage pendant la durée de sa période infectieuse (considérée égale à 7 jours), pour différentes valeurs de proportions de repas sanguins réalisés hors de l'élevage (0,05 ; 0,1 ; 0,2) pour les différents scénarios de niveau d'infestation de l'élevage par les stomoxes (5, 10, 20, 50 et 100 stomoxes par porc) et une prévalence chez les sangliers de 5 %. _____ 68

Tableau 7 : Persistance du virus de la PPA en conditions expérimentales dans des liquides physiologiques, des tissus ou des organes _____ 75

Tableau 8 : Typologie des sources d'incertitude _____ 85

Tableau 9 : Synthèse des probabilités de transmission du virus de la PPA en fonction des voies de transmission investiguées dans le rapport classés par ordre décroissant de risque _____ 89

Tableau 10: Notes standardisées pour chaque critère intervenant dans l'estimation de la capacité vectorielle des arthropodes hématophages soumis à l'élucation d'experts _____ 116

Tableau 11 : Modalités d'expression, de qualification et d'attribution des « indices d'incertitude » de la notation _____ 118

Tableau 12 : Synthèse des paramètres du modèle et de leur valeur ou distribution associée _____ 124

Tableau 13 : Résumé des scénarios de l'analyse de sensibilité _____ 129

Liste des figures

Figure 1 : Foyers domestiques (partie supérieure de la carte) et cas sauvages (partie inférieure de la carte) de PPA en Europe entre le 1^{er} janvier 2019 et le 1^{er} décembre 2019 (source plateforme ESA)..... 16

Figure 2 : Carte des cas cumulés de sangliers analysés au 16 décembre 2019 (source : SPW – Wallonie Service public) 17

Figure 3 : Représentation schématique des différents scénarios de diffusion du virus de la PPA envisagés par les experts du GT 23

Figure 4 : Les quatre cycles épidémiologiques de la PPA et leurs principaux agents : 1) cycle sylvaque, 2) cycle intermédiaire, 3) cycle domestique et 4) cycle sanglier – habitat 32

Figure 5 : Nuage de mots correspondant aux connaissances mobilisées dans le cadre de l'élucation d'experts (Source : <http://www.tagxedo.com/app.html>)..... 56

Figure 6 : Pondération des critères intervenant dans la capacité vectorielle donnée par les experts élicités 57

Figure 7: Indice médian d'incertitude pour les critères de la capacité vectorielle des arthropodes hématophages considérés 58

Figure 8 : Note globale pondérée permettant d'ordonner les 15 familles/genres d'arthropodes hématophages considérés 59

Figure 9 : Simulations de la dynamique épidémique moyenne attendue du virus de la PPA en élevage de porc en ne prenant en compte qu'un mode de transmission par contact direct entre porcs..... 62

Figure 10 : Simulations de la dynamique épidémique attendue du virus de la PPA en élevage de porc, prenant en compte des modes d'infection par contact direct et par transmission vectorielle mécanique par les stomoxes, dans des élevages où les conditions sont favorables au développement des stomoxes..... 64

Figure 11 : Espèces de diptères et coléoptères nécrophages	78
Figure 12 : Succession des différentes vagues d'insectes nécrophages sur un cadavre de suidé de la mort de l'animal à sa décomposition complète	79
Figure 13: Schéma événementiel pour l'estimation probabiliste de la probabilité quotidienne que le virus de la PPA soit transmis d'un sanglier à au moins un porc d'un élevage ayant un parcours extérieur par au moins un stomoxe résident de l'élevage.....	126
Figure 14 : Distribution de la probabilité qu'un stomoxe infectant de retour dans l'élevage transmette le virus à au moins un porc (P7).....	128
Figure 15 : Arbre de régression basé sur la moyenne des médianes des notes globales pondérées pour chacun des familles/genres arthropodes hématophages.....	133

1 Contexte, objet et modalités de réalisation de l'expertise

1.1 Contexte

En septembre 2018, de manière inattendue, la Peste Porcine Africaine (PPA) a été identifiée chez des sangliers au sud de la Belgique dans la province du Luxembourg, non loin de la frontière franco-belge. La PPA, originaire d'Afrique de l'est, affecte uniquement les suidés domestiques et sauvages. Cette maladie virale qui est à l'origine d'un syndrome hémorragique souvent fatal dans sa forme aiguë avait été éradiquée d'Europe¹ dans les années 90. Elle est réapparue en Géorgie en 2007 et depuis n'a cessé de progresser de proche en proche vers l'ouest du continent touchant de nombreux pays, tels que l'Arménie, la Russie, et l'Azerbaïdjan dans un premier temps. Puis, toujours en expansion, la PPA a continué de progresser de plus en plus au Nord en Russie, en Ukraine et en Biélorussie en 2012 (Sanchez-Vizcaino, Mur, and Martinez-Lopez 2013). En 2014, des foyers ont été déclarés en Estonie, Lettonie, Lituanie et Pologne et, en 2016, en Moldavie (Chenais et al. 2018). Depuis 2017, des foyers ont été déclarés en République tchèque et en Roumanie (Chenais et al. 2018). En 2018, un premier foyer a été déclaré en Hongrie et de nouveaux foyers sont apparus de plus en plus vers l'ouest des foyers initiaux, notamment en Pologne, chez des sangliers sauvages (International Society for Infectious Diseases, 2018) (voir Figure 1). Des foyers sont aussi apparus dès 2018 en Bulgarie et dès 2019 en Serbie et Slovaquie. Le continent asiatique a aussi été atteint, la Chine en août 2018, la Mongolie en janvier 2019, Taïwan et le Vietnam en février 2019, le Cambodge en avril 2019, la Corée du Nord en mai 2019, le Laos en juin 2019, les Philippines en juillet 2019, Myanmar (Birmanie) en août 2019, la Corée du Sud et le Timor Oriental en septembre 2019 et l'Indonésie en décembre 2019. Le risque de diffusion est donc à ce jour devenu mondial.

¹ Excepté en Sardaigne, où la maladie évolue de manière enzootique.

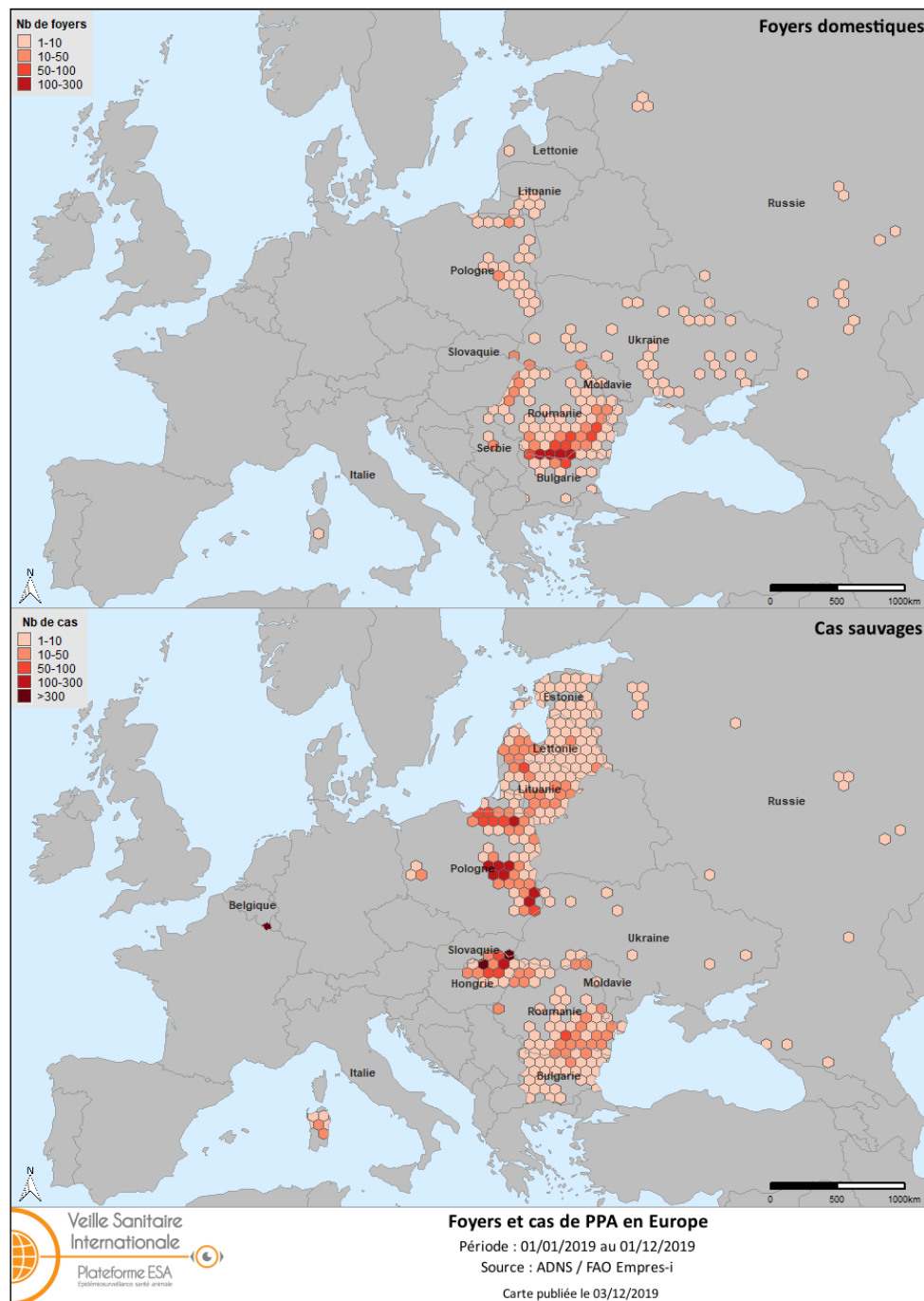


Figure 1 : Foyers domestiques (partie supérieure de la carte) et cas sauvages (partie inférieure de la carte) de PPA en Europe entre le 1^{er} janvier 2019 et le 1^{er} décembre 2019 (source plateforme ESA)

C'est ainsi qu'en septembre 2018, à 900 km du foyer le plus proche situé en République tchèque, des cadavres de sangliers sauvages atteints de PPA ont été découverts dans le sud de la Belgique, non loin de la frontière franco-belge. La progression des cas positifs vers l'ouest, dans le principal massif forestier de la région wallonne qui se trouve en continuité avec le massif forestier des Ardennes françaises, constitue une forte menace d'introduction pour la France. En effet, la PPA a tendance à se propager dans les populations de sangliers, préférentiellement au sein de continuums forestiers qui sont les zones d'habitat naturel de cette espèce sauvage (Anses 2019).

Par ailleurs, en janvier 2019 deux sangliers ont été contrôlés positifs en Belgique, en dehors de la zone infectée initialement définie, à moins de trois kilomètres de la frontière franco-belge². Ces deux cas ont conduit les autorités françaises à relever le niveau de risque d'introduction du virus en France et à adopter des mesures de prévention supplémentaires à celles déjà mises en œuvre dans la zone frontalière. À ce jour (16 décembre 2019), 4418 sangliers ont été analysés depuis le début de l'épizootie en Belgique, dont 830 se sont révélés positifs (<https://www.wallonie.be/fr/peste-porcine-africaine>) (voir Figure 2). De moins en moins de cadavres sont découverts.

Des sangliers séropositifs ont été identifiés dans la zone infectée en Belgique, néanmoins au regard du sujet de la saisine relative aux vecteurs, seuls les animaux virémiques ont une importance épidémiologique.

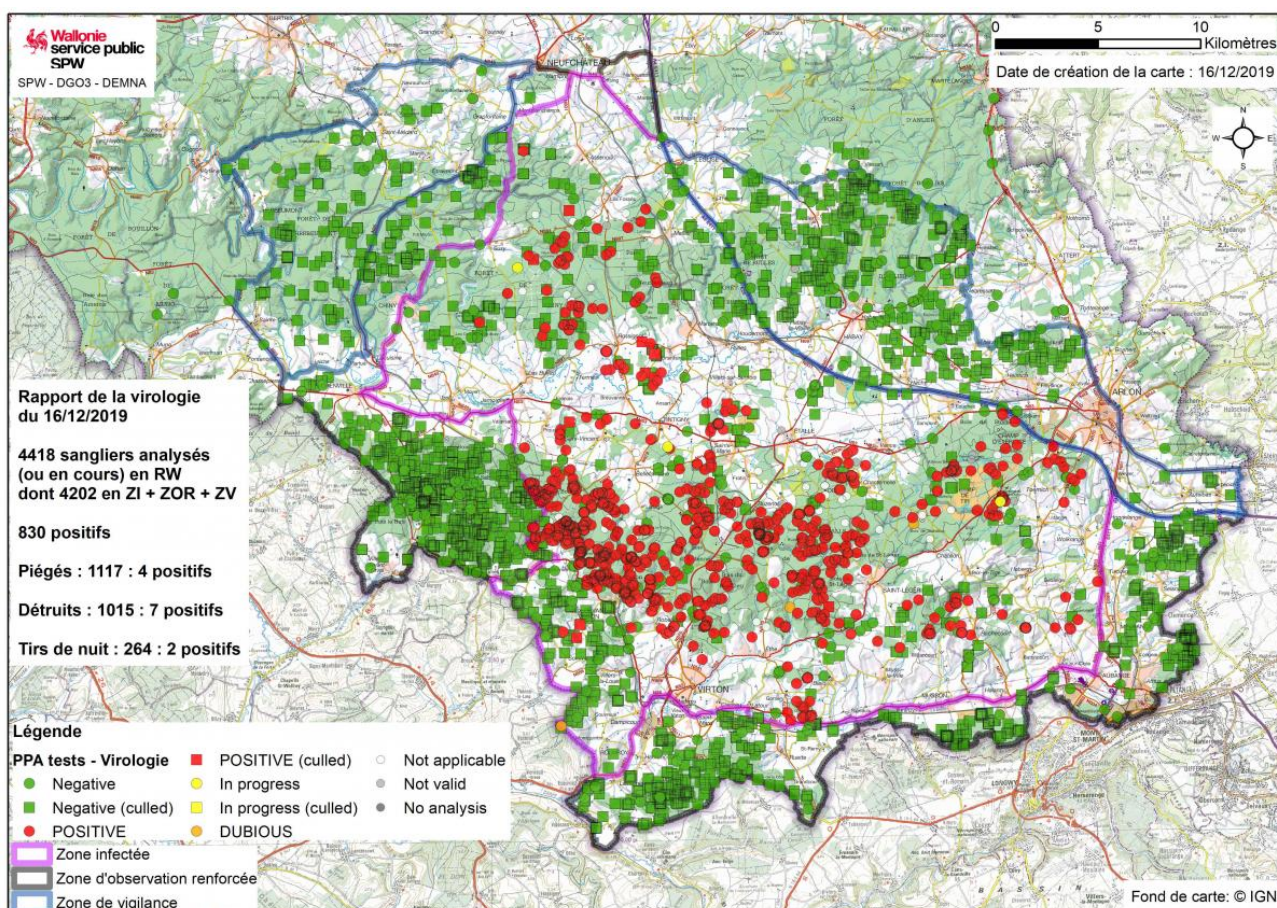


Figure 2 : Carte des cas cumulés de sangliers analysés au 16 décembre 2019 (source : SPW – Wallonie Service public³)

Bien que la PPA ne soit pas transmissible à l'Homme, cette maladie n'en est pas moins préoccupante en raison de son potentiel de diffusion au sein des populations de suidés sauvages et domestiques. En l'absence de traitement et de vaccin à ce jour, c'est l'une des maladies les plus importantes chez les suidés en raison de ses conséquences sanitaires et socio-économiques (Gallardo, Reoyo, et al. 2015). En effet, avec son taux de mortalité élevé et l'existence de restrictions

² Lien : <https://www.pplateforme-esa.fr/article/ppa-en-belgique-nouvelle-zone-de-vigilance>

³ Lien : <https://www.wallonie.be/fr/peste-porcine-africaine>

commerciales imposées aux pays touchés, la PPA peut provoquer une désorganisation de la filière porcine dans les pays atteints ; l'enjeu socio-économique de cette maladie est donc majeur. Les autorités françaises ont été rapidement amenées à se poser la question d'un risque d'introduction et de diffusion de la PPA en France. Il est en effet indispensable de comprendre comment elle se transmet pour expliquer sa diffusion, afin de mettre en place les mesures de gestion adéquates.

Lors de la première phase de diffusion du virus de la PPA dans le Caucase et en Russie, les foyers déclarés concernaient principalement des élevages de porcs dont la biosécurité⁴ était généralement faible, avec de rares événements d'infections accidentelles dans la population de sangliers. Après son introduction dans les pays de l'est de l'Union européenne, en 2014, la maladie s'est manifestée localement dans les populations de sangliers, indépendamment des foyers chez les porcs domestiques, avec une prévalence constante et faible. En Europe, outre les sangliers et un environnement contaminé par le virus de la PPA, l'Homme est considéré comme le principal responsable, à la fois de la transmission à longue distance et de l'introduction du virus dans les élevages de porcs domestiques. Le virus de la PPA est en effet particulièrement résistant dans l'environnement et peut-être transmis par l'Homme lors de mauvaises pratiques d'élevage ou d'une biosécurité défectueuse.

Cependant, certaines observations nous font nous interroger sur l'existence d'autres voies de transmission. En effet, le virus se maintient et continue de se diffuser au sein des populations de sangliers, et ce, malgré les mesures de gestion mises en place (mise en place de clôtures, instauration de zones blanches, mesures de biosécurité, ...). De plus, plusieurs foyers de PPA ont été déclarés, sans identification de la source de l'infection, dans des élevages de porcs présentant une biosécurité élevée (EFSA 2015, EFSA 2014, Olesen et al. 2018a), mais situés dans des zones où l'infection des sangliers était très présente. Ces phénomènes présentent une saisonnalité, avec une grande partie des cas observés de façon répétée en période estivale dans les pays Baltes, en Pologne et en Roumanie chez les porcs domestiques (Pautenius et al. 2018, Podgorski and Smietanka 2018). Bien que ce comportement saisonnier puisse être une conséquence de la dynamique des populations de sangliers, ou d'événements commerciaux, ceci alimente l'hypothèse selon laquelle des arthropodes à activité saisonnière et contaminés par le virus pourraient s'introduire dans un élevage porcin avec une protection défectueuse et transmettre le virus à des animaux sains.

Depuis le début de l'épizootie en Belgique, le comité d'experts spécialisé « Santé animale et bien-être animal » (CES SABA) a rendu plusieurs avis⁵ relatifs au risque d'introduction et de diffusion de la PPA en France dans le contexte susmentionné. À cette occasion, il s'est interrogé sur la présence éventuelle, notamment en France, d'arthropodes susceptibles de transmettre le virus responsable de la maladie, ce qui a donné lieu à une auto-saisine de l'Anses.

1.2 Objet de la saisine

1.2.1 Objectif

Les attentes du CES SABA portaient sur la réalisation d'un état des connaissances sur les arthropodes susceptibles de transmettre le virus de la PPA et l'évaluation de la probabilité de

⁴ La **biosécurité** désigne l'ensemble de mesures préventives et réglementaires visant à réduire les risques de diffusion et transmission de maladies infectieuses chez l'Homme, l'animal et le végétal.

⁵ Voir : <https://www.anses.fr/fr/search/site/peste%20porcine%20africaine?iso1=fr&iso2=en>

transmission du virus par ces arthropodes au sein des populations de sangliers, entre sangliers et porcs d'élevage, ou entre élevages de porcs (voir Annexe 1).

Ainsi, la présente expertise, en s'appuyant sur une recherche documentaire et une analyse de la littérature scientifique a pour but de répondre aux questions suivantes :

- 1) Quels sont les arthropodes susceptibles de participer à la transmission vectorielle du virus de la PPA en France métropolitaine ? Quelles sont leurs compétence et capacité vectorielles respectives vis-à-vis du virus de la PPA ?
- 2) Quelles autres voies de transmission pourraient impliquer des arthropodes, notamment dans le cas d'une persistance du virus de la PPA dans les carcasses de sangliers ?

1.2.2 Limites du champ d'expertise

L'expertise ne s'intéressera pas directement aux questions de santé animale ni au risque d'introduction et de diffusion de la PPA en France, qui sont déjà traitées par ailleurs dans le cadre des travaux du CES SABA.

Du fait des variations importantes de compétence et capacité vectorielles qui peuvent exister suivant le couple virus/espèce vectrice et la zone géographique considérée, les travaux de ce rapport ne s'appliquent qu'à l'Europe et à la souche virale appartenant au génotype 2 circulant actuellement et responsable de l'épizootie en cours. Aussi, en cas d'introduction d'une autre souche de virus en Europe, la révision de ce rapport sera nécessaire.

1.3 Modalités de traitement : moyens mis en œuvre et organisation

L'Anses a confié au groupe de travail « Vecteurs PPA » (GT « Vecteurs PPA »), rattaché au CES SABA, l'instruction de cette saisine.

La réalisation des travaux s'est principalement appuyée sur la synthèse et l'analyse critique des données publiées dans la littérature (articles scientifiques, rapports, etc.). Pour compléter ces données, les experts du groupe de travail ont également auditionné des experts extérieurs susceptibles d'apporter des informations et des données complémentaires utiles pour l'expertise (voir liste des personnes auditionnées dans le Tableau 1).

Les travaux d'expertise du groupe de travail ont été soumis à plusieurs reprises au CES SABA, les 02 juillet et 12 novembre 2019, ainsi qu'au GT « vecteurs » de l'Anses, les 04 juillet et 07 novembre 2019, tant sur les aspects méthodologiques que scientifiques. Le rapport produit par le groupe de travail tient compte des observations et éléments complémentaires transmis par les membres du CES SABA et du GT « Vecteurs ». Le rapport a également été relu par deux rapporteurs externes, avant sa validation par le groupe de travail.

Au final, ces travaux d'expertise, issus d'un collectif d'experts aux compétences complémentaires, ont été adoptés par le CES SABA le 07 janvier 2020.

L'expertise a été réalisée dans le respect de la norme NF X 50-110 « Qualité en expertise – prescriptions générales de compétence pour une expertise (mai 2003) » avec pour objectif de respecter les valeurs suivantes : compétence, indépendance, transparence et traçabilité.

1.4 Prévention des risques de conflits d'intérêts

L'Anses analyse les liens d'intérêts déclarés par les experts avant leur nomination et tout au long des travaux, afin d'éviter les risques de conflits d'intérêts au regard des points traités dans le cadre de l'expertise.

Les déclarations d'intérêts des experts sont publiées sur le site internet de l'agence (www.anses.fr).

2 Méthodologie de l'expertise

Pour répondre aux différentes questions de la saisine et estimer la probabilité de transmission du virus de la PPA par des arthropodes, les experts du GT :

- ont dressé une liste des arthropodes susceptibles de transmettre le virus de la PPA en France métropolitaine (§ 4) et des voies de transmission impliquant possiblement ces arthropodes. Outre la voie de transmission vectorielle (qui est abordée dans le chapitre 4 du présent rapport) par laquelle des arthropodes hématophages, nommés « **arthropodes vecteurs**⁶ », pourraient transmettre le virus à la faveur d'un repas de sang, les voies de transmission par contact et par ingestion ont également été envisagées. En effet, des arthropodes, que l'on nommera « **arthropodes transporteurs** » peuvent servir de véhicules passifs pour les agents pathogènes et permettre ainsi leur dissémination, par exemple par le biais d'une contamination de leurs pattes. Cette voie de transmission, par des transporteurs, ainsi que la voie de transmission par ingestion d'arthropodes sont abordées dans le chapitre 5 ;
- ont envisagé différents scénarios de diffusion du virus de la PPA au sein des populations de sangliers, entre sangliers et porcs d'élevage, ou entre élevages de porcs, qui sont décrits dans le § 2.1 ;
- ont réalisé une recherche bibliographique pour établir un état des connaissances sur les vecteurs envisagés par le GT « vecteurs PPA » et documenté les différents scénarios (§ 2.2). Des auditions d'experts (§ 2.3) sont venues compléter ces données ;
- ont réalisé une élicitation d'experts (§ 2.4), afin de classer les arthropodes vecteurs préalablement identifiés par les experts du GT.
- ont modélisé la transmission du virus de la PPA par transmission vectorielle (§ 2.5) pour l'arthropode considéré le plus probable suite à l'élicitation, sur la base de scénarios de diffusion du virus envisagés par le GT.

2.1 Les scénarios de diffusion du virus impliquant des arthropodes

Cinq scénarios de diffusion du virus de la PPA dans des populations de suidés envisagés par les experts du GT sont présentés ci-dessous et de manière schématique dans la Figure 3.

2.1.1 Scénario de diffusion au sein de la faune sauvage

De nombreuses espèces d'arthropodes sont présentes dans les environnements forestiers. Il est donc envisageable que des arthropodes (vecteurs ou transporteurs) associés aux sangliers, puissent se contaminer sur un animal infecté, et par la suite, infectent un autre animal de la même compagnie voire d'une autre compagnie.

2.1.2 Scénario de diffusion de la faune sauvage vers un élevage

Certains arthropodes peuvent voyager sur des distances allant jusqu'à plusieurs kilomètres ainsi, leurs distances de dispersion peuvent être suffisamment grandes pour permettre, en théorie, à des arthropodes vecteurs ou transporteurs de se contaminer sur un sanglier infecté ou une carcasse infectée et d'introduire le virus de la PPA dans un élevage. Ce type de scénario serait *a priori* plus

⁶ Un arthropode hématophage responsable de la transmission biologique ou mécanique active d'un agent pathogène.

envisageable pour des élevages situés dans un environnement boisé et où les porcs peuvent avoir accès à une zone de divagation extérieure.

2.1.3 Scénario de diffusion intra-élevage

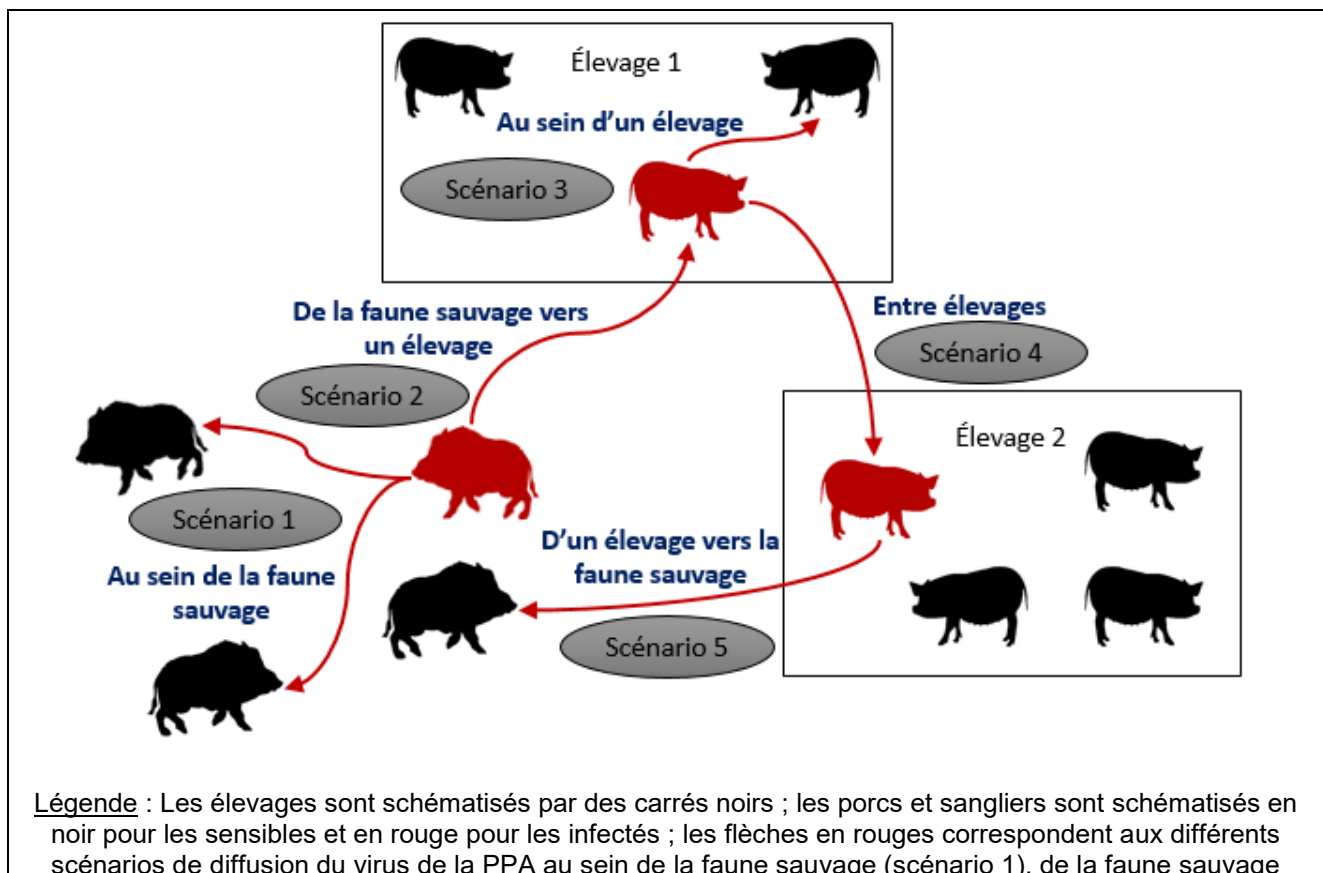
Quel que soit le niveau de biosécurité des élevages, une variété d'arthropodes peut être présente dans les élevages porcins⁷. Aussi, bien qu'il soit attendu que la voie de transmission du virus de la PPA par contact oro-nasal soit la plus fréquente dans un élevage après introduction du virus, les arthropodes vecteurs ou transporteurs pourraient contribuer à accélérer la diffusion du virus au sein de l'élevage, *a fortiori* dans les élevages ayant un parcours extérieur.

2.1.4 Scénario de diffusion inter-élevages

Comme évoqué ci-dessus (§ 2.1.2) certains arthropodes peuvent disperser sur plusieurs kilomètres. Il est donc envisageable que des arthropodes vecteurs ou transporteurs puissent introduire le virus de la PPA dans un élevage sain depuis un élevage contaminé.

2.1.5 Scénario de diffusion d'un élevage vers la faune sauvage

La diffusion du virus de la PPA depuis un élevage de porcs vers la faune sauvage semble également possible. Comme mentionné dans les cas des scénarios de diffusion inter-élevage et de la faune sauvage à l'élevage, et tenant compte des distances de dispersion de certains arthropodes, il est envisageable que des arthropodes (vecteurs ou transporteurs) puissent diffuser le virus de la PPA dans la faune sauvage depuis un élevage. Comme pour le scénario de diffusion de la faune sauvage à un élevage, c'est-à-dire la situation inverse, ce cas de diffusion serait *a priori* plus envisageable pour des élevages avec accès extérieurs situés dans un environnement forestier.



⁷ Les densités d'arthropodes peuvent varier en fonction du niveau de biosécurité des élevages.

vers un élevage (scénario 2), au sein d'un élevage (scénario 3), entre élevages (scénario 4) et d'un élevage à la faune sauvage (scénario 5).

Figure 3 : Représentation schématique des différents scénarios de diffusion du virus de la PPA envisagés par les experts du GT

2.2 Veille et recherche bibliographique

2.2.1 Objectifs des recherches bibliographiques

L'objectif des recherches bibliographiques était de réaliser une revue narrative de la biologie des vecteurs potentiels du virus de la PPA en France métropolitaine, ainsi que de l'« écosystème-cadavre » de sanglier.

L'expertise des entomologistes du GT « vecteurs PPA », experts des arthropodes traités dans ce présent rapport, a été mobilisée pour la rédaction des chapitres concernant la biologie et l'écologie des vecteurs. Des recherches bibliographiques ont été effectuées pour les sujets nécessitant une connaissance approfondie des dernières données, telle la compétence vectorielle des différents arthropodes. Les recherches bibliographiques ont été menées sur la base de données Scopus (www.scopus.com).

2.2.2 Choix des mots-clés et opérateurs booléens

Pour documenter le présent rapport, une série de recherches a été effectuée sur les bases de données avec des mots-clés et opérateurs booléens pertinents pour chacun des sujets abordés dans le rapport.

Pour les chapitres concernant la biologie et l'écologie des vecteurs, l'expertise s'est appuyée sur les éléments d'information qui ont pu être recueillis et analysés en s'appuyant sur des données bibliographiques identifiées par les experts du GT, notamment des données recueillies dans le livre « entomologie médicale et vétérinaire » de Gérard Duvallet (2017) et d'autres publications scientifiques et ouvrages sélectionnés sur avis d'experts. L'effort de recherche bibliographique a été mis sur les articles concernant la compétence des différents vecteurs étudiés pour le virus de la PPA. Pour ces parties, les mots-clés et opérateurs booléens utilisés au cours des différentes recherches bibliographiques ont été choisis en fonction des vecteurs (Annexe 2).

Le nombre d'études triées et examinées en vue de leur éligibilité est présenté sous forme d'un diagramme de flux PRISMA (Annexe 3).

En complément de la recherche bibliographique effectuée avec les mots-clés définis initialement, d'autres publications, dont des données issues de la littérature grise (telles que des rapports EFSA ou des manuscrits de thèse de doctorat d'Université) et des articles scientifiques ont été directement ajoutés au *corpus* bibliographique par les experts.

2.3 Personnes auditionnées

2.3.1 Objectif des auditions

Les auditions ont été réalisées afin d'obtenir des données et des informations complémentaires de celles issues de la littérature scientifique.

2.3.2 Préparation et déroulement des auditions

En amont des auditions, dans un but préparatoire, une liste de questions, rédigée par l'Anses et les experts du groupe de travail, a été envoyée aux experts auditionnés une semaine avant l'entretien.

Dans un souci de transparence et de traçabilité, les auditions ont fait l'objet de comptes rendus et, dans la mesure du possible, d'un enregistrement. De manière générale, les auditions se déroulaient en visioconférence, et duraient environ une heure. Après une présentation de la personne auditionnée et des experts du GT présents, la discussion suivait la trame du questionnaire envoyé.

2.3.3 Traitement et utilisation des informations obtenues

Les experts du groupe de travail ont réalisé un travail d'analyse du contenu de ces auditions. Ils en ont tiré les éléments d'information jugés importants, et les ont utilisés pour alimenter certaines parties du rapport. Cette restitution, qui appartient aux experts du groupe de travail, n'engage aucune des personnes auditionnées, bien qu'elle s'appuie évidemment sur les entretiens conduits.

2.3.4 Personnes auditionnées

La liste des personnes auditionnées par les experts du groupe de travail figure dans le Tableau 1.

2.4 Élicitation d'experts

Pour pallier au manque de données sur la compétence vectorielle des arthropodes considérés vis-à-vis du virus de la PPA, le GT a eu recours à une synthèse quantitative des connaissances d'experts *via* une élicitation. L'objectif de l'élicitation de connaissances d'experts était de permettre un ordonnancement (hiérarchisation) et un classement (regroupement) des arthropodes hématophages considérés dans l'élicitation sur la base de leur capacité vectorielle dans le contexte de la France métropolitaine. Cette dernière a consisté à recueillir l'opinion d'experts reconnus comme ayant des connaissances scientifiques et/ou des connaissances de terrain avérées dans le domaine des arthropodes hématophages considérés dans l'exercice de priorisation. La méthode et le déroulement de l'élicitation sont décrits dans l'Annexe 4 et les résultats de l'élicitation dans le § 4.3.

2.5 Modélisation

Pour faire suite à l'élicitation d'experts et à la hiérarchisation des différents arthropodes hématophages considérés dans ce rapport, les experts du GT ont, par modélisation, quantifié la probabilité de transmission du virus de la PPA pour l'arthropode considéré le plus probable.

Pour des contraintes de temps, seuls deux scénarios ont été retenus par les experts : un scénario de diffusion intra-élevage et un scénario de diffusion de la faune sauvage vers un élevage. Ainsi, en se plaçant dans ces scénarios et en considérant l'arthropode le plus probable, les experts du GT ont :

- **développé un modèle mécaniste⁸ de transmission du virus de la PPA entre porcs**, afin de quantifier la contribution relative de la transmission vectorielle mécanique du virus dans les élevages porcins par rapport à la transmission directe par contact entre porcs. Le développement et la paramétrisation du modèle sont présentés dans l'Annexe 5 et les résultats dans le § 4.4.1 ;

⁸ Modèle basé sur des processus formalisés sous forme d'équations mathématiques.

- **développé un modèle probabiliste quantitatif d'estimation du risque**, afin d'estimer le potentiel d'introduction du virus en élevage par voie vectorielle en provenance de groupes de sangliers infectés évoluant dans le périmètre direct de l'élevage. Le développement et la paramétrisation du modèle sont présentés dans l'Annexe 6 et les résultats dans le § 4.4.2.

Les trois autres scénarios décrits par les experts ont été documentés de manière qualitative dans le § 4.5.

2.6 Évaluation de la probabilité de transmission du virus de la PPA par des arthropodes

Les experts du GT se sont prononcés sur le niveau de probabilité de transmission du virus de la PPA par les différentes voies de transmission explorées impliquant des arthropodes, en utilisant les définitions des niveaux de risque proposés dans le Tableau 2 pondérés par les indices d'incertitudes décrits dans le Tableau 3.

Tableau 2 : Valeurs chiffrées utilisées pour chaque qualificatif de probabilité et correspondance avec les valeurs ordinales (Afssa 2008⁹)

Échelle ordinale	Qualitatifs	Borne inférieure	Valeur médiane	Borne supérieure	Ordre de grandeur
0	Nulle	0	0	0	0
1	Quasi-nulle	> 0	2,5 10 ⁻⁶	1,3 10 ⁻⁵	10 ⁻⁶
2	Minime	2,5 10 ⁻⁶	1,3 10 ⁻⁵	6,4 10 ⁻⁵	10 ⁻⁵
3	Extrêmement faible	1,3 10 ⁻⁵	6,4 10 ⁻⁵	3,2 10 ⁻⁴	6,7 10 ⁻⁵
4	Très faible	6,4 10 ⁻⁵	3,2 10 ⁻⁴	1,6 10 ⁻³	3,3 10 ⁻⁴
5	Faible	3,2 10 ⁻⁴	1,6 10 ⁻³	8 10 ⁻³	2 10 ⁻³
6	Peu élevée	1,6 10 ⁻³	8 10 ⁻³	4 10 ⁻²	10 ⁻²
7	Assez élevée	8 10 ⁻³	4 10 ⁻²	2,5 10 ⁻¹	4 10 ⁻²
8	Elevée	4 10 ⁻²	2,5 10 ⁻¹	1	0,2
9	Très élevée	0,25	1	1	1

⁹ <https://www.anses.fr/fr/system/files/SANT-Ra-MethodeRisque.pdf>

Tableau 3 : Modalités d'expression, de qualification et d'attribution des « indices d'incertitudes » de la notation

EXPRESSION DE L'INCERTITUDE		CRITERES D'ATTRIBUTION DES INDICES D'INCERTITUDE
INDICE	QUALIFICATION	
1	Faible	La note attribuée est fondée sur des résultats convergents d'études scientifiques ou sur un système de collecte de données de fiabilité reconnue
2	Moyen	La note attribuée est fondée sur un nombre limité d'études scientifiques ou sur un système de collecte de données de fiabilité limitée ET la présence de convergence entre auteurs et/ou experts.
3	Elevé	La note attribuée est fondée sur : - Un nombre limité d'étude scientifiques ou sur un système de collecte de données de fiabilité limitée ET l'absence de consensus entre auteurs et/ou experts ; - ou sur un avis individuel d'expert en l'absence d'études scientifiques ou de système de collecte de données.
4	Absence de données	Aucune note n'est attribuée du fait de l'absence totale de données et d'avis d'expert.

3 Éléments de connaissances scientifiques sur la transmission du virus de la PPA

3.1 Le virus de la PPA

3.1.1 Étiologie

Le virus de la PPA est un virus enveloppé à ADN double brin. Ce virus de grande taille (diamètre moyen de 200 nm) est le seul membre de la famille des *Asfarviridae* et du genre *Asfivirus*. Aucune communauté antigénique n'est connue avec d'autres virus et il est le seul arbovirus¹⁰ à ADN connu à ce jour (Penrith 2009), dont 24 génogroupes et de nombreux sous-types sont décrits (Quembo et al. 2018).

L'ensemble des génotypes existants est présent dans le berceau est-africain de la PPA, à partir duquel seuls les génotypes I et II ont diffusé en Afrique de l'Ouest et hors du continent africain (Gallardo, Nieto, et al. 2015, Mulumba-Mfumum et al. 2019).

Les souches qui sévissent au sein de l'Union Européenne depuis 2014, après avoir été introduites en Géorgie en 2007, appartiennent toutes au génotype II (Garigliany et al. 2019). Le génome des souches européennes séquencées à ce jour (2007-2019) reste relativement stable, avec moins de 100 substitutions nucléotidiques¹¹, par rapport à la souche initiale Georgia 2007/1 à l'échelle du génome complet (Mazur-Panasiuk, Wozniakowski, and Niemczuk 2019, Forth et al. 2019). Cependant, la virulence des isolats du virus de la PPA peut varier. Ainsi, dans certaines régions, et notamment, en Estonie ou Lettonie, des souches atténuées ont été isolées de sangliers ayant survécu à l'infection (Zani et al. 2018). Il n'existe pas de protection croisée suite à une infection, entre les génotypes qui ont été testés jusqu'à aujourd'hui (King et al. 2011).

3.1.2 Pathogénie et virémie chez les suidés¹²

Tous les membres de la famille des suidés sont sensibles à l'infection, cependant la maladie est observée principalement chez les porcs domestiques et les sangliers d'Eurasie. Les suidés sauvages d'Afrique tels que les phacochères, les potamochères et les hylochères sont généralement des porteurs asymptomatiques de la PPA et servent de réservoir au virus (Jori and Bastos 2009), alors que les membres de l'espèce *Sus scrofa* (porcs domestiques et sangliers) sont sensibles aux souches circulant actuellement en Europe (Blome et al. 2012, Gabriel et al. 2011).

Dans le contexte actuel de circulation de souches de virus de la PPA de génotype II, la proportion de formes aiguës de la maladie est très élevée. Ces souches étant hautement virulentes en Europe, la proportion de porcs asymptomatiques est très faible en raison de la durée de l'incubation courte (de trois à quatre jours), de l'excrétion virale concomitante à l'apparition des signes cliniques et du taux de létalité qui est très élevé, pouvant atteindre 100 %. La forme aiguë se traduit principalement par de fortes fièvres, une perte d'appétit, des hémorragies cutanées, des avortements, des saignements aux extrémités (nez, rectum), des vomissements et diarrhées ou encore, une respiration plus rapide.

¹⁰ Les virus transmis par les arthropodes sont appelés arbovirus (Arthropod-borne virus).

¹¹ Il y a le plus souvent des délétions importantes pour les souches atténuées.

¹² Voir l'avis de l'Anses 2018-SA-0237 qui présente des éléments de pathogénie chez les suidés très détaillés.

Des formes subaiguës et chroniques de la maladie existent également. Dans la forme subaiguë, les signes cliniques observables sont moins graves, avec un taux de mortalité moindre et la mort survient dans un délai plus long. Dans la forme chronique, peuvent être observés une fièvre intermittente, une perte de poids, des troubles respiratoires, des ulcères cutanés chroniques et des arthrites. Outre la souche du virus, la dose inoculée et la voie de transmission (voir paragraphe ci-dessous, dont des signes cliniques dépendent essentiellement, la sensibilité individuelle des suidés vis-à-vis du virus de la PPA (dépendant de facteurs tels que la race et la génétique individuelle) peut également influencer la manifestation de ces derniers (Pikalo et al. 2019). Il faut cependant noter que cette variabilité individuelle est observée qu'en présence de souches peu pathogènes, et ne concerne pas la souche circulant actuellement en Eurasie.

3.1.3 Dose infectieuse de virus de la PPA

En considérant la transmission par voie oro-nasale sous conditions expérimentales, les doses infectieuses ont été estimées pour des isolats viraux de virulence variable. Elles varient de 2 à 10^1 TCID₅₀¹³ pour des souches fortement virulentes à modérément virulentes (souches Tengani, L'60, DR-I, et Haiti-1 non hémadsorbante) et de 56 à 10^4 TCID₅₀ pour certaines souches modérément à faiblement virulentes (Brazil'78, Malta'78, Netherlands'86, Madrid '75, Haiti-1, DR-II, et BR-I) (Pan and Hess 1984, de Carvalho Ferreira et al. 2012). Ces estimations de doses infectieuses sont cependant liées à une voie d'infection oro-nasale et pourraient de ce fait être différentes pour une transmission du virus par un arthropode. Il faut cependant noter que l'inoculation par voie oro-nasale de la souche Georgia à 10^4 HAD₅₀¹⁴ de porcs induit une maladie identique à celle provoquée par inoculation intradermique ou intramusculaire expérimentale (données personnelles, Marie-Frédérique Le Potier, 2019).

En conditions expérimentales, les souches très virulentes, comme la souche Georgia 2007/1, vont induire très rapidement une perte d'appétit associée à une hyperthermie (deux à trois jours après l'infection) quand elles sont inoculées à des doses au-delà de 10^4 HAD₅₀/porc (Guinat et al. 2014, Pietschmann et al. 2015).

Toujours en conditions expérimentales, l'inoculation d'une dose plus faible par voie intramusculaire ou intradermique va entraîner un retard dans le démarrage de la maladie, un jour de retard pour une dose d'un log de moins, deux jours pour deux log, mais une fois la première hyperthermie enregistrée, le déroulement clinique est similaire à celui observé lors de l'inoculation à 10^4 HAD₅₀ (données personnelles, Marie-Frédérique Le Potier, 2019).

Bernard *et al.* (2016) ont montré qu'une inoculation intradermique dans l'oreille de 10^2 HAD₅₀ était suffisante pour induire l'infection chez le porc en présence ou en absence d'extraits de glandes salivaires de tiques *Ornithodoros* (Bernard et al. 2016).

Après infection expérimentale par inoculation intramusculaire avec les souches atténuées¹⁵ isolées à partir de sangliers en Estonie en 2015, Gallardo et al. (2018) rapportent des formes cliniques aiguës, subaiguës et chroniques, avec une virémie plus faible et intermittente et la survie de certains porcs.

¹³ [TCID₅₀] : Dose de virus qui, injectée dans une culture de tissu, peut détruire 50 % des cellules.

¹⁴ 50% *haemadsorbing dose* – dose hémadsorbante 50

¹⁵ Naturellement atténuées par délétion de parties du génome en général dans la zone des familles multigéniques.

Ces données concernent aussi bien le porc que le sanglier, qui sont tous deux de la même espèce (*Sus scrofa*) et présentent globalement la même sensibilité (qui peut varier en fonction de la génétique individuelle...) vis-à-vis du virus de la PPA (Gabriel et al. 2011, Pikalo et al. 2019, Sanchez-Cordon et al. 2019).

3.1.4 Excrétion du virus de la PPA

Dans son avis 2018-SA-0251 (Anses 2018), l'Anses indique que « *l'excrétion du virus de la PPA peut se faire par toutes les voies, notamment les fèces, les urines et les écoulements nasaux. Le sang constitue la matière la plus virulente, avec une virémie précoce et rapidement élevée (Guinat et al. 2014, Spickler 2015). Des titres élevés en virus de la PPA ont été trouvés dans le sang (de 10^6 à $10^{8,7}$ HAD₅₀/mL), titres très largement supérieurs aux doses minimales infectieuses, et donc susceptibles de contaminer un grand nombre de porcs, y compris par voie oro-nasale. Des titres plus faibles, avec détection intermittente, ont été trouvés dans les échantillons nasaux (de 10^2 à 10^4 HAD₅₀/mL) et rectaux (de 10 à 10^2 HAD₅₀/mL) (Davies et al. 2017, Gallardo et al. 2017, Guinat et al. 2014, Guinat et al. 2016 reprenant ses données de 2014 et celles d'autres études). (...) Une contamination environnementale massive est possible lors de saignements, par exemple lors d'autopsies, en cas de blessure lors de bagarres, via une diarrhée hémorragique (Spickler 2015).* ».

L'infectiosité est définie par la quantité de virus infectieux excrété par un animal infecté. Ainsi, plusieurs études ont montré que les quantités de virus de la PPA étaient largement supérieures dans le sang que dans les autres fluides (Vlasova et al. 2015, Guinat et al. 2014, de Carvalho Ferreira et al. 2012, Olesen et al. 2018, Schulz et al. 2019). De plus, concernant l'excrétion du virus par les fluides, les titres viraux sont plus élevés dans le liquide oro-nasal que dans le liquide conjonctival ou le liquide génital (Greig and Plowright 1970, Ekue, Wilkinson, and Wardley 1989). Concernant l'excrétion par la voie fécale les données varient, allant des périodes d'excrétion intermittente à faibles titres viraux (Ekue, Wilkinson, and Wardley 1989) à l'excrétion continue avec des titres viraux élevés dans les fèces pendant les phases aiguë et subaiguë (McVicar 1984).

Dans une étude menée pendant les phases subcliniques ou chroniques de la maladie, avec des souches de virus modérément à faiblement virulentes (Brazil'78, Malta'78 et Netherlands'86), la présence de virus infectieux dans les fèces a été observée chez 10 % des animaux trouvés positifs (par qPCR et isolement viral sur des prélèvements sanguins), *versus* 50-80 % des cas dans la phase aiguë de la PPA. Le niveau d'excrétion virale par les animaux présentant des formes chroniques est plus faible que celui des animaux en phase aiguë ; en revanche, la durée d'excrétion est plus longue lors d'infection chronique (de Carvalho Ferreira et al. 2012). En outre, durant la période d'incubation, l'excrétion virale est inférieure ou au plus égale à l'excrétion durant la phase symptomatique (de Carvalho Ferreira et al. 2013, de Carvalho Ferreira et al. 2012, Guinat et al. 2014).

3.2 Les voies de transmission du virus de la PPA

Il existe trois modes de transmission du virus de la PPA :

- **La transmission directe** : c'est le principal mode de transmission entre suidés, *via* la voie oro-nasale. Le virus peut en effet se multiplier dans les amygdales, mais il se réplique principalement dans les monocytes et macrophages, en particulier les macrophages alvéolaires qui semblent particulièrement permissifs (Blome, Gabriel, and Beer 2013). Par la suite, le virus de la PPA peut se retrouver dans tous les tissus et liquides organiques. La transmission directe a lieu lorsque des animaux infectés entrent en contact avec des animaux sensibles. Cette transmission peut se produire entre porcs, entre sangliers, et dans certaines conditions, entre porcs et sangliers.

Encadré 1 : Relations entre sangliers et porcs

Les sangliers et les porcs sont des animaux de la même espèce (*Sus scrofa*). Le porc domestique *Sus scrofa domesticus* étant une sous-espèce du sanglier sauvage, ils peuvent interagir dans la

nature et se reproduire entre eux en produisant des hybrides, favorisant la transmission d'un grand nombre d'agents pathogènes qui peuvent circuler entre populations d'individus sauvages et domestiques. Cependant, ces interactions ne se produisent pas de façon permanente et obéissent à des phénomènes d'ordre physiologique et comportemental spécifiques. D'une façon générale, les porcs et les sangliers ne sont pas en contact régulier, car les sangliers ont tendance à éviter les milieux anthropisés, bien que leurs apparitions près des habitations, voire en ville soient de plus en plus fréquentes. Les contacts entre porcs et sangliers dans les élevages porcins se produisent essentiellement quand les mâles solitaires recherchent des femelles pour se reproduire (Wu et al. 2012, Wyckoff et al. 2009). Cela se produit essentiellement pendant les mois d'automne, période qui fait coïncider la période des chaleurs des mâles avec l'œstrus des femelles (Jori et al. 2017). Ce sont alors plutôt les sangliers mâles solitaires qui se rapprochent des élevages que des compagnies entières. Au-delà de l'attrance de type sexuel, les compagnies de sangliers qui sont composées essentiellement par des femelles et mâles subadultes (Kaminski 2005), peuvent se rapprocher des élevages pour des raisons alimentaires, à certains moments de l'année où il existe une pénurie de ressources trophiques dans le milieu (Licoppe et al. 2018). Ces périodes sont néanmoins ponctuelles et coïncident avec les mois d'hiver en Europe Centrale et de l'Est et les mois d'été dans le bassin méditerranéen. En dehors de ces périodes, le rapprochement des sangliers à proximité des élevages porcins, même pour les élevages avec parcours extérieur, est plutôt exceptionnel et, s'il a lieu, se produit essentiellement pendant la nuit (Wu et al. 2012), afin d'éviter l'activité humaine (Skerve 2018). Les intrusions de sangliers sont proportionnellement plus importantes en proximité de forêt (Wu et al. 2012).

- **La transmission indirecte** : Le virus de la PPA étant très résistant, une transmission indirecte par différentes voies est possible par le biais d'objets contaminés, tels que des véhicules, du matériel, des chaussures, des vêtements. Le virus de la PPA peut également être introduit dans un troupeau par l'entremise de déchets de table contaminés par le virus et qui sont donnés aux porcs comme aliments. La transmission par aérosol est quant à elle limitée. Dans ce cadre, les risques de propagation du virus sont plutôt une conséquence des mauvaises pratiques humaines.
- **La transmission vectorielle** : certaines tiques molles du genre *Ornithodoros* ont un rôle vectoriel démontré et peuvent transmettre le virus au moment de la prise de leur repas de sang (la question de l'implication éventuelle d'autres arthropodes dans la transmission du virus de la PPA est explorée aux chapitres 4 et 5). Bien que la PPA soit une maladie impliquant principalement une transmission directe, la transmission vectorielle par les tiques molles semble être importante dans certaines zones géographiques et intervient dans deux des cycles épidémiologiques de la maladie (les cycles sylvatique et intermédiaire). Ce mode de transmission est décrit plus en détail dans le chapitre 4.

3.3 Les cycles épidémiologiques décrits

Jusqu'à récemment, les cycles épidémiologiques de la peste porcine africaine étaient décrits selon trois cycles indépendants impliquant les tiques molles du genre *Ornithodoros*, les suidés sauvages africains, les porcs domestiques et les produits alimentaires d'origine porcine. Il s'agissait des cycles sylvatique, intermédiaire et domestique (Costard et al. 2013, Mulumba-Mfumum et al. 2019). Depuis l'émergence de la PPA en Europe, il est apparu un quatrième cycle épidémiologique au sein du compartiment sauvage : le cycle sanglier – habitat (Chenais et al. 2018). Ces quatre cycles interagissent ensemble, comme illustré dans la Figure 4.

3.3.1 Le cycle sylvatique

Dans le cycle sylvatique, principalement observé en Afrique de l'est et en Afrique australe, le virus de la PPA circule entre les deux réservoirs naturels du virus, *i.e.* les suidés sauvages africains et les tiques molles. Plusieurs études ont montré que les suidés sauvages africains présentent une

résistance naturelle à l'infection par le virus (Jori and Bastos 2009, Jori et al. 2013). Selon Plowright et al. (1969), ce cycle sylvatique serait à l'origine du cycle intermédiaire par le biais des tiques faisant le lien entre milieu sauvage/suidés sauvages et zones d'élevage/porcs domestiques (Plowright, Parker, and Peirce 1969).

3.3.2 Le cycle intermédiaire

Dans le cycle intermédiaire, le virus circule principalement dans le compartiment domestique, avec les tiques du genre *Ornithodoros* servant de réservoir et permettant au virus de persister localement dans l'environnement (Wilkinson 1984). Le rôle des tiques *Ornithodoros* dans la transmission du virus de la PPA en Europe a été démontré pour la première fois en Espagne dans les années 1960 (Sanchez-Botija 1963). Ce cycle semble surtout avoir joué un rôle important dans la persistance du virus au cours de la période où il circulait dans la péninsule ibérique dans les années 1960 et 1970 (Boinas et al. 2011, Perez-Sanchez et al. 1994).

3.3.3 Le cycle domestique

Dans le cycle domestique, qui est le cycle qui concerne la majorité des foyers dans le monde, aucun des réservoirs naturels de la maladie, *i.e.* les tiques molles du genre *Ornithodoros* et les suidés sauvages africains, ne sont impliqués. Le virus se transmet directement entre porcs infectés et porcs sains ou par l'intermédiaire de produits alimentaires d'origine porcine dans lesquels le virus a persisté (Penrith 2009).

3.3.4 Le cycle sanglier – habitat

Les dynamiques épidémiologiques observées en Europe de l'est depuis l'introduction du virus en 2007 ne semblent pouvoir être expliquées par aucun des trois cycles historiques précédemment cités. Un quatrième cycle épidémiologique a été mis en évidence, impliquant les sangliers (*Sus scrofa*), leur habitat et leurs carcasses (Chenais et al. 2018). Ce cycle est caractérisé à la fois par une transmission directe entre sangliers et par une transmission indirecte via l'environnement et les carcasses contaminées. La contamination de l'environnement par les carcasses de sangliers

infectés représente une source potentielle de virus pour d'autres sangliers ou porcs sains. Les différentes voies de transmission alors possibles sont abordées plus en détails dans le chapitre 5.



Source : (Chenais et al. 2018)

Figure 4 : Les quatre cycles épidémiologiques de la PPA et leurs principaux agents : 1) cycle sylvatique, 2) cycle intermédiaire, 3) cycle domestique et 4) cycle sanglier – habitat

4 Transmission vectorielle (biologique et mécanique) du virus de la PPA

Un vecteur peut être défini comme un arthropode hématophage responsable de la transmission biologique ou mécanique active d'un agent pathogène (Rodhain and Perez 1985). Ce dernier peut être viral, bactérien ou parasitaire. La transmission vectorielle d'un agent pathogène implique donc que le vecteur prélève l'agent pathogène en question pendant son repas sanguin (ou une tentative de repas sanguin) et qu'il le retransmette à la faveur d'un nouveau repas sanguin (ou d'une nouvelle tentative) pris sur un nouvel hôte. Pour qu'il y ait transmission, l'agent pathogène doit donc impérativement rester infectieux dans le vecteur entre deux repas sanguins successifs (ou deux tentatives successives), voire deux stades dans le cas par exemple des tiques dures qui ne prennent qu'un seul repas sanguin par stade¹⁶. Le terme « actif » est essentiel dans la définition d'un vecteur, car il indique que ce dernier a un rôle actif dans le contact entre l'agent infectieux et l'hôte vertébré par la prise d'un repas de sang, à l'inverse des arthropodes transporteurs, qui sont abordés dans le chapitre 5.

Deux voies de transmission vectorielle active sont considérées dans le présent rapport suivant les définitions de Rodhain and Perez (1985) :

- La transmission biologique : elle implique la réalisation d'une phase du cycle évolutif de l'agent pathogène et/ou sa multiplication au sein du vecteur ;
- La transmission mécanique active : elle concerne le transfert de l'agent infectieux d'un hôte infecté à un hôte sain à la faveur de deux repas sanguins ou tentatives de repas sanguins successifs sans qu'il y ait évolution ou multiplication de l'agent dans le vecteur. La transmission a alors lieu par le biais d'une contamination des pièces buccales ou du contenu du jabot du vecteur, l'agent restant infectieux dans le sang résiduel présent dans ces organes. Dans la plupart des cas, la transmission se fait lorsque le repas sanguin est interrompu ; le vecteur initie son repas de sang sur un hôte infecté et ainsi contamine ses pièces buccales avec l'agent infectieux. Ce repas est généralement interrompu en raison des mécanismes de défense de l'hôte en réponse à la piqûre douloureuse (ex : taons, stomoxes). Le vecteur cherche ensuite à compléter son repas sanguin soit sur ce même hôte, soit sur un nouvel hôte, pouvant alors transmettre un agent infectieux.

Il est important de savoir que la mise en évidence de la compétence vectorielle d'un arthropode, c'est-à-dire de son aptitude à s'infecter, à maintenir, voire multiplier l'agent pathogène, puis à le transmettre, est une condition indispensable, mais non suffisante, pour qu'il soit considéré comme un vecteur de cet agent dans des conditions naturelles de terrain. Dans la nature, un certain nombre de paramètres extrinsèques vont en effet intervenir pour faire d'un arthropode hématophage le vecteur d'un agent pathogène. L'association de la compétence vectorielle et de ces facteurs extrinsèques définissent le niveau d'efficacité d'un vecteur à transmettre un agent pathogène dans une zone géographique donnée et à un temps donné, ce que l'on désigne sous le terme de « capacité vectorielle » du vecteur.

Parmi ces paramètres, l'abondance du vecteur est critique : un vecteur ayant une faible compétence vectorielle pour un agent pathogène, mais présent en forte densité pourra être responsable d'une endémie (ou enzootie), alors qu'un vecteur présentant une forte compétence vectorielle, mais présent en faible densité ne le pourra pas. De même, la dispersion du vecteur, active ou passive *via* ses hôtes, est très importante pour la dispersion des agents infectieux et donc d'une maladie. Les

¹⁶ Dans ce cas, on parle de transmission trans-stadiale qui peut aussi exister chez les tiques molles qui prennent plusieurs repas sanguins aux stades nymphe et adulte mais pour lesquelles l'agent pathogène peut aussi être transmis de façon trans-stadiale de la nymphe à l'adulte.

caractéristiques écologiques du vecteur en termes d'habitat et d'activité conditionnent la probabilité de contact entre le vecteur et l'hôte vertébré et donc la transmission de l'agent pathogène à cet hôte. Les préférences trophiques, représentant la préférence d'un arthropode hématophage à prendre son repas sanguin sur une ou plusieurs espèces d'hôtes vertébrés spécifiques, sont également essentielles pour déterminer la probabilité que l'hôte étudié soit piqué et infecté. Ainsi, par exemple, il peut arriver qu'un vecteur identifié expérimentalement ne joue aucun rôle dans la nature en raison de ses préférences trophiques et/ou écologiques qui ne l'amènent jamais en contact de l'hôte réservoir. La longévité du vecteur est aussi importante puisque, pour l'ensemble des arthropodes vecteurs biologiques, plus il est âgé, plus il a pris de repas sanguins et donc, plus sa probabilité d'être infecté est élevée. Enfin, la durée du développement de l'agent pathogène dans le vecteur (incubation extrinsèque), qui détermine le temps nécessaire pour que ce dernier passe du statut d'infecté à celui d'infectant, est aussi un paramètre essentiel pour une transmission vectorielle biologique à mettre en lien avec la fréquence des repas sanguins du vecteur.

En résumé :

- un arthropode peut être compétent pour un agent pathogène mais ne pas avoir la capacité de le transmettre efficacement dans la nature et ;
- un arthropode peut avoir la capacité de transmettre efficacement un agent pathogène dans un contexte donné mais pas dans un autre.

Dans le cas de la PPA, seules les tiques molles appartenant au genre *Ornithodoros* sont reconnues comme étant des vecteurs biologiques du virus. Pour les zones géographiques où les espèces de tiques concernées sont absentes, la question d'autres vecteurs arthropodes du virus de la PPA se pose, notamment pour expliquer une transmission entre faune sauvage et porcs domestiques en l'absence, *a priori*, d'un contact direct. Outre d'autres espèces de tiques molles, un certain nombre d'arthropodes hématophages pourraient se révéler être des vecteurs biologiques ou mécaniques actifs du virus.

Parmi tous les arthropodes potentiels, seuls ceux présents en France métropolitaine, pour lesquels suffisamment d'informations étaient disponibles concernant leur bio-écologie et leur rôle dans la transmission d'agents pathogènes (virus de la PPA ou autre) ont été retenus ici. Ainsi, sur l'avis des experts du GT « vecteurs PPA », neuf familles/genres d'arthropodes hématophages susceptibles d'être impliqués dans la transmission biologique ou mécanique de la PPA en France métropolitaine (voir Encadré 2) ont été abordés ici et hiérarchisés selon leur rôle vectoriel potentiel dans le chapitre suivant (§ 4.3).

Encadré 2 : les neuf familles/genres d'arthropodes hématophages retenus comme susceptibles d'être impliqués dans la transmission biologique ou mécanique de la PPA en France métropolitaine

- Tiques molles du genre *Ornithodoros* ;
- *Ceratopogonidae* (culicoïdes) ;
- *Culicidae* (moustiques des genres *Aedes*, *Culex* et *Anopheles*) ;
- *Ixodidae* (tiques dures des genres *Ixodes*, *Rhipicephalus*, *Haemaphysalis*, *Hyalomma* et *Dermacentor*) ;
- *Muscidae* (stomoxes) ;
- *Phlebotominae* (phlébotomes) ;
- *Phthiraptera* (poux) ;
- *Siphonaptera* (puces) ;
- *Tabanidae* (tabanidés).

D'autres arthropodes hématophages, présents en France métropolitaine, mais pour lesquels trop peu de données étaient disponibles dans la littérature pour permettre de les inclure dans la hiérarchisation, sont par ailleurs évoqués à la fin de ce chapitre.

4.1 Les tiques du genre *Ornithodoros*, vecteurs et réservoirs avérés du virus de la PPA

4.1.1 Éléments de bio-écologie

Les tiques du genre *Ornithodoros* (Guglielmone et al. 2010, Mans 2019) sont des tiques nidicoles, voire endophiles, c'est-à-dire qu'elles colonisent des microhabitats protégés du milieu extérieur tels que des nids d'oiseaux, des grottes, des anfractuosités dans des bâtiments ou encore des terriers de mammifères ou de reptiles. Leur spectre d'hôtes est large, et la sélection d'un hôte spécifique est plutôt due à leur spécificité d'habitat du fait de leur endophilie (Gray, Estrada-Peña, and Vial 2014). On les retrouve dans les régions méditerranéennes et subtropicales, leur microhabitat tamponnant toutefois des variations climatiques extrêmes¹⁷ (Dietrich, Gomez-Diaz, and McCoy 2011, Vial 2009).

En France métropolitaine, les tiques du genre *Ornithodoros* n'ont jamais été identifiées, à l'exception des tiques molles d'oiseaux marins qui appartiennent au genre *Ornithodoros* dans la classification proposée par Guglielmone et al. (2010) mais au genre *Carios* dans la classification actualisée publiée récemment par Mans et al. (2019).

Du moment qu'une population de tiques molles *Ornithodoros* est installée, elle est considérée comme relativement stable, pouvant atteindre une taille très importante et persister durant des années. A titre d'exemple, dans des villages d'Afrique de l'ouest, des mêmes populations d'*O. sonrai* ont été retrouvées dix ans après leur installation. En effet, de par leur biologie (endophilie, repas sanguin court et longévité extrême jusqu'à cinq à dix ans), il est peu probable qu'une population installée à un endroit disparaisse, sauf si son microhabitat est détruit (e.g. orages ou tempêtes détruisant les nids d'oiseaux marins) ou abandonné définitivement par ses hôtes (du fait de la surinfestation des nids par les tiques par exemple) (Sonenshine 1993). Ainsi, des populations « record » de 600 000 *Carios (Ornithodoros) denmarki* par mètre carré ou 250 000 *O. porcinus* par terrier de phacochère ont été rapportées, respectivement en Floride et en Afrique de l'est (Sonenshine 1993, Yunker 1975). Toutefois, la taille des populations peut énormément varier en fonction de la fréquentation des microhabitats par des hôtes vertébrés et donc des opportunités de gorgement sanguin offertes aux tiques. Ainsi, au Sénégal, *O. sonrai* a été retrouvé dans de nombreux villages du Siné Saloum, avec des tailles de population variant d'un seul individu à plusieurs centaines dans un même terrier de rongeurs.

4.1.2 Rôle des tiques du genre *Ornithodoros* dans l'épidémiologie de la PPA

Les tiques du genre *Ornithodoros* s'infectent lors de repas sanguins sur les jeunes animaux virémiques, notamment les phacochères en Afrique, et inoculent le virus à un autre individu lors d'un nouveau repas sanguin (Costard et al. 2009) à l'intérieur du terrier. Le repas sanguin est bref, entre 20 et 40 minutes environ sur un suidé. Une fois gorgées, les tiques se laissent retomber sur le sol et se déplacent peu. De ce fait, elles contribuent plus à la persistance du virus au sein d'un élevage ou d'une population sauvage, qu'à sa dissémination sur une longue distance.

Au sein des populations de tiques, le virus se maintient selon plusieurs voies de transmission : la voie trans-stadiale (du stade nymphal au stade adulte), la voie trans-ovarienne (de la femelle à sa descendance), et la voie sexuelle. Ainsi, le virus peut survivre dans une population de tiques durant plusieurs années, même en l'absence de contact avec des suidés (EFSA 2010).

¹⁷ Une carte de distribution des Ornithodores est présente dans la publication de Vial (2009), disponible en ligne à l'adresse URL :

<https://www.parasite-journal.org/articles/parasite/pdf/2009/03/parasite2009163p191.pdf>

La première identification du virus chez des vecteurs européens date des années 1960 en Espagne, où le virus a été retrouvé dans des tiques *O. erraticus* (Burrage 2013). Différentes tiques du genre *Ornithodoros* ont ensuite été décrites comme pouvant être infectées par le virus de la PPA. En Afrique de l'est et du sud, les tiques *O. moubata*, retrouvées aussi bien associées aux suidés sauvages que domestiques, sont considérées comme les principaux réservoirs du virus (Costard et al. 2013). Bien qu'aussi identifiées comme réservoirs du virus, *O. sonrai* que l'on retrouve en Afrique de l'ouest et du nord (Sénégal), et *O. porcinus* que l'on retrouve en Afrique de l'est et du sud ainsi qu'à Madagascar, semblent jouer un rôle plus limité dans la transmission du virus, du fait notamment de leur distribution géographique plus limitée (Ravaomanana et al. 2010, Vial et al. 2007).

Dans le Caucase où la maladie est devenue enzootique depuis son arrivée en 2007 en Géorgie, le rôle des tiques locales, telles qu'*O. asperus*, *O. tholozani* et *O. tartakovskyi*, dans la transmission du virus reste inconnu (Anses 2014).

En Europe, la tique *O. erraticus*, présente en Espagne et au Portugal a été reconnue responsable de la résurgence de foyers lors de la réintroduction de porcs dans des élevages après plusieurs années de vide sanitaire. Elle est ainsi fortement suspectée d'être à l'origine du dernier foyer portugais de 1999, soit cinq ans après l'éradication de la PPA de la péninsule ibérique (Boinas et al. 2011).

Des études réalisées en conditions de laboratoire, ont démontré que cinq autres espèces de tiques du genre *Ornithodoros* pouvaient transmettre le virus ; quatre d'entre elles sont présentes en Amérique du nord et centrale (*O. coriaceus*, *O. turicata*, *O. parkeri*, and *O. puertoricensis*), et la dernière est présente en Afrique (*O. savignyi*) (mais n'a jamais été retrouvée sur des suidés) (Costard et al. 2013, EFSA 2010).

4.1.3 Probabilité d'introduction des tiques *Ornithodoros* en France métropolitaine

Pour les tiques du genre *Ornithodoros sensu stricto*, un modèle d'habitats favorables a été développé récemment par Vial et al. (2018) en Eurasie. Celui-ci ne recense aucune zone favorable à leur installation en France métropolitaine, si ce n'est l'extrême sud du littoral méditerranéen (Golfe du Lion). Il n'existe par ailleurs aucune donnée validant leur présence en France métropolitaine mais aucune étude récente n'a été réalisée. Pour les tiques d'oiseaux marins, seule l'espèce *Carios (Ornithodoros) maritimus* est présente sur les côtes de la Manche, de l'Atlantique et de la mer Méditerranée (Dietrich, Gomez-Diaz, and McCoy 2011), mais il n'existe pas de modèle prédictif pour cette espèce.

Pour ce qui est du risque potentiel d'extension de la répartition géographique des tiques du genre *Ornithodoros sensu stricto* en France métropolitaine, aucune prédiction n'a pour l'instant été réalisée. Toutefois, si l'on regarde les paramètres intégrés dans le modèle d'habitats favorables des tiques du genre *Ornithodoros* d'Eurasie (Vial et al. 2018), ils concernent principalement : la température qui doit être suffisamment élevée (supérieure à 10°C) pendant une période suffisamment longue dans l'année (trois à cinq mois) pour permettre la réalisation du cycle de développement, et la pluviométrie qui doit être assez faible, sans pour autant créer des périodes de sécheresse intense. On peut ainsi penser qu'avec les changements climatiques actuels, une remontée vers le nord de ces espèces méditerranéennes et subtropicales serait à prévoir.

Pourtant, de manière générale, c'est l'inverse qui est observé. Les derniers relevés de terrain disponibles pour certaines de ces espèces de tiques molles du genre *Ornithodoros* rapportent plutôt une réduction de leur aire de distribution et ce, quelle que soit la zone du monde examinée (*O. porcinus* à Madagascar, *O. verrucosus* en Ukraine, *O. erraticus* dans la péninsule ibérique, *O. sonrai* en Afrique de l'ouest) (Boinas et al. 2014, Ravaomanana et al. 2011, Trape et al. 2013, Wilson, Ribeiro, and Boinas 2013, Vial 2005, Filatov 2016).

Plusieurs raisons pourraient expliquer cette réduction :

- **Leur biologie très particulière** (endophilie et nécessité de repas sanguins courts à tous les stades de développement). De ce fait, ces tiques sont très inféodées à leur microhabitat et directement aux hôtes qu'elles y trouvent à l'intérieur ou dans les environs pour se nourrir. Il est ainsi supposé que ces tiques sont très sédentaires et très consanguines, et possèderaient donc de faibles pouvoirs d'extension et d'adaptation. Peu d'études génétiques ont permis de le prouver clairement, si ce n'est le génotypage de l'espèce *O. sonrai* en Afrique de l'ouest montrant des divergences génétiques laissant même entrevoir des processus de spéciation en cours (Trape et al. 2013, Vial et al. 2006).
- **L'action de l'Homme**. Beaucoup des microhabitats des tiques du genre *Ornithodoros* semblent disparaître progressivement ou être modifiés sous l'action de l'Homme suite à l'aménagement du territoire rural, la modernisation des bâtiments, l'utilisation de pesticides et d'insecticides, etc., ce qui diminue les chances de colonisation par ces tiques.
- **Les changements climatiques**. Bien que les microhabitats soient supposés tamponner les variations climatiques extérieures, il semblerait que les changements climatiques y soient néanmoins ressentis et pourraient entraîner des changements de distribution de ces espèces. Ainsi, *O. sonrai* se voit restreint à la bordure océanique de l'Afrique de l'ouest alors qu'il la colonisait entièrement il y a encore un siècle, du fait de l'assèchement du climat avec la disparition des petites pluies d'hiver qui permettaient de maintenir une humidité suffisante durant la saison sèche (Vial 2005).

En résumé, à la lumière de l'ensemble de ces éléments, **la probabilité d'introduction et d'extension de tiques molles du genre *Ornithodoros sensu stricto* en France métropolitaine est considérée comme quasi-nulle (1 sur une échelle de 0 à 9) avec une incertitude moyenne** par les experts du GT.

4.1.4 Probabilité de contact avec les suidés

Les tiques molles du genre *Ornithodoros* sélectionnent des hôtes qui se trouvent dans leur microhabitat et qui leur sont adaptés (Vial 2009, Gray 2014). Ainsi, la grande majorité des espèces se gorgent préférentiellement sur de petits vertébrés sauvages, tels que des rongeurs, des reptiles, des oiseaux, ou des chauves-souris pour le genre *Carios* (ex-*Ornithodoros*). Cependant, biologiquement parlant, les tiques molles du genre *Ornithodoros* sont plutôt opportunistes et donc capables de piquer d'autres vertébrés que ceux qu'elles trouvent dans leur microhabitat. Ainsi, de l'ADN de porcs, d'humains, de bovins, d'ovins, de rongeurs et de volailles a pu être retrouvé dans des *O. erraticus* (Palma et al. 2013). De l'ADN du virus de la PPA a aussi pu être détecté dans des *O. sonrai* prouvant la capacité de cette tique à piquer des porcs, en plus de l'Homme et des rongeurs connus pour être ses hôtes classiques (Vial et al. 2007). Ainsi, si l'hôte cible vient aux abords du microhabitat de la tique, au moment où elle est active, le contact et la piqûre seraient possibles.

Les *Ornithodores* sont endophiles ; elles se nichent principalement dans les terriers, bien que certaines particularités soient observées. Ainsi, dans la péninsule ibérique, la tique *O. erraticus* colonise exclusivement les anfractuosités de vieilles maisons en torchis, d'où sa présence dans les porcheries traditionnelles (Boinas et al. 2014). On la retrouve également, bien que très rarement, dans des terriers de lapins aux abords de ces porcheries (Oleaga-Perez, Perez-Sanchez, and Encinas-Grandes 1990).

Dans le cas de la péninsule ibérique, les porcheries traditionnelles infestées par *O. erraticus* semblent pour la plupart ne plus être utilisées pour l'élevage porcin, tout au moins celles ayant été touchées par de précédents foyers et résurgences de PPA dans les années 1960 et 1990, et attribués à la présence de tiques infectées (Oleaga-Perez, Perez-Sanchez, and Encinas-Grandes 1990, Perez-Sanchez et al. 1994). En revanche, ces porcheries abandonnées pourraient être visitées par des sangliers.

Pour les autres tiques molles du genre *Ornithodoros sensu stricto* parasitant quasi exclusivement des rongeurs et autres petits vertébrés de terriers, la probabilité de contact avec des porcs ou des

sangliers est faible. L'absence de construction de terriers par les sangliers rend la probabilité de contact entre les tiques et les sangliers encore plus faible, à moins que ces derniers viennent fouiner et se poser aux abords des terriers, de nuit, lorsque les tiques deviennent actives et sont amenées à sortir de leur terrier. Aucune donnée bibliographique ne permet pour l'instant de valider ce scénario. De plus, aucun sanglier n'a, à ce jour, été trouvé infesté par des *Ornithodoros* en Europe. Pour ce qui est des tiques molles d'oiseaux marins, ces dernières sont tellement inféodées à leurs nids qu'une spécificité d'hôtes stricte peut être considérée chez ces tiques (Dupraz et al. 2016). La probabilité de contact avec des suidés est ainsi considérée par les experts du GT comme extrêmement faible.

En résumé, les experts du GT considèrent que la probabilité de contact entre suidés et *Ornithodoros* en France métropolitaine est quasi-nulle à très faible (1 à 3 sur une échelle de 0 à 9), avec une incertitude moyenne.

4.1.5 Compétence vectorielle des tiques du genre *Ornithodoros* pour le virus de la PPA

À la connaissance des experts du GT, à ce jour, seules des espèces du genre *Ornithodoros sensu stricto* ont été testées pour la transmission du virus de la PPA et aucune donnée n'existe pour les tiques d'oiseaux marins du genre *Carios (ex-Ornithodoros)*. Toutefois, il ne semble pas y avoir d'intérêt à évaluer la présence du virus chez ces dernières, puisque la probabilité de contact de ces tiques avec des sangliers ou des porcs est considérée comme extrêmement faible.

De manière générale, la revue bibliographique et la méta-analyse des articles de référence en compétence vectorielle des tiques molles *Ornithodoros* pour le virus PPA (33 articles en 50 ans) montrent des effets « souche virale » et « espèce de tique » sur la réussite d'infection des tiques et la multiplication virale dans les tiques (Bernard et al. 2016). Aucune donnée dans la littérature ne permettant de caractériser les facteurs de la compétence vectorielle, il est impossible de prédire l'effet combiné de la souche virale et de l'espèce de tique sur la transmission (effet du génotype, adaptation locale entre un virus et son(s) hôte(s)...). Il est à noter également que les protocoles expérimentaux mis en œuvre dans les études identifiées sont très hétérogènes (mode d'infection des tiques, dose infectieuse dans le repas sanguin des tiques, stade de développement des tiques infectées, tiques de terrain ou de laboratoire...), avec un effet prépondérant sur les résultats de compétence vectorielle, rendant ainsi très difficiles les comparaisons entre associations tique-virus. Chaque association tique-virus est donc à considérer individuellement. Ainsi, il n'est pas possible de prédire la compétence vectorielle d'une espèce de tique donnée pour la souche Georgia2007/1 circulant actuellement en Europe continentale sans l'avoir testée. Concernant la compétence vectorielle des *Ornithodoros* européennes pour les souches virales diffusant actuellement en Europe, peu d'études sont disponibles mais des travaux sont actuellement en cours.

Une étude de Diaz et al. (2012) a montré la compétence d'*O. erraticus* du Portugal à multiplier et maintenir au moins pendant trois mois la souche Georgia2007/1. Toutefois, cette expérimentation a été réalisée par gorgement artificiel des tiques à l'aide de sang mélangé à une culture virale et après prétraitement aux antibiotiques ; ces conditions, peu naturelles, pourraient biaiser les résultats d'infection des tiques. Une étude menée récemment par l'Anses et le CIRAD a testé la compétence de cette association tique-virus (*O. erraticus* – Georgia2007/1), ainsi que celle d'autres associations dont *O. erraticus* avec la souche OURT88/1 isolée cette fois chez *O. erraticus* au Portugal en 1988, et *O. verrucosus* d'Ukraine avec la souche Ukr12/Zapo isolée de porc, circulant actuellement en Ukraine et très proche de Georgia2007/1 (Pereira de Oliveira et al. 2019). Les résultats suggèrent qu'aucune de ces deux espèces de tiques européennes ne transmet les souches virales testées, et ce même en augmentant la dose infectante (augmentation du nombre de tiques, réalisation de plusieurs challenges de piqûres de tiques) ou en faisant varier la durée entre l'infection des tiques et l'événement de transmission. Toutefois, l'injection d'un broyat de tiques supposées infectées à des porcs sains, à deux ou à huit mois après l'infection des tiques, entraîne systématiquement le déclenchement de la maladie dans les deux à trois jours, prouvant ainsi que le virus présent dans les tiques reste infectieux (Pereira de Oliveira et al. 2019).

Les résultats des différentes études présentées ci-dessus suggèrent qu'il existe des effets « souche virale » et « espèce de tique » sur la capacité vectorielle et que **les tiques du genre *Ornithodoros* présentes en Europe ne sont pas capables de transmettre par piqûre les souches virales y circulant actuellement**. Toutefois, le fait que ces dernières maintiennent du virus infectieux pendant plusieurs mois soulève la question d'un potentiel rôle d'autres voies de transmission telles que l'ingestion de tiques par des porcs ou des sangliers, qu'il conviendrait de tester (cf. § 5.3 sur la contamination par ingestion).

En résumé, à la lumière des informations présentées ci-dessus concernant :

- la probabilité d'introduction de la tique *Ornithodoros* en France métropolitaine ;
- la probabilité de contact avec des suidés ;
- les études portant sur la compétence vectorielle ;

la probabilité de transmission vectorielle du virus de la PPA par des tiques molles du genre *Ornithodoros sensu stricto* en France métropolitaine est considérée comme quasi-nulle (1 sur une échelle de 0 à 9), avec une incertitude moyenne.

4.2 Autres arthropodes envisagés comme vecteurs biologiques ou mécaniques du virus de la PPA

4.2.1 Les Ceratopogonidae

La famille des *Ceratopogonidae*, bien qu'étant la famille de diptères hématophages la plus grande, reste néanmoins la moins connue. A l'exception de quelques espèces de *Leptoconops*, dont la distribution est essentiellement tropicale ou subtropicale, les espèces de *Ceratopogonidae* d'intérêts en santé humaine et vétérinaire, appartiennent toutes au genre *Culicoides*. Par conséquent seuls ces derniers seront considérés dans ce rapport.

4.2.1.1 Éléments de bio-écologie

Les moucherons du genre *Culicoides*, de petits diptères d'une taille allant de 1 à 4 mm de longueur, sont cosmopolites, et on les retrouve des tropiques à la toundra, du niveau de la mer jusqu'à près de 4 000 m d'altitude. Ainsi, ils sont présents sur tous les continents sauf en Antarctique, en Nouvelle-Zélande, en Islande et à Hawaï. Le genre *Culicoides* présente une grande diversité avec 1 254 espèces décrites à travers le monde, dont plus de 300 en région paléarctique et près de 70 espèces en France métropolitaine, parmi lesquelles environ 96 % sont hématophages.

La densité des populations de culicoïdes adultes varie en fonction des espèces et des saisons. Sous nos latitudes, la période d'activité varie d'une espèce à l'autre ; certaines espèces très présentes dans les élevages de ruminants, comme *C. obsoletus* et *C. scoticus*, sont actives de mi-avril à début novembre (Rieb 1982) tandis que d'autres comme *C. impunctatus* sont actives de mai à septembre (Service 1971). De façon générale, on peut observer deux générations par an, une première au printemps et une seconde en été (Rieb 1982). Ces espèces deviennent surtout abondantes vers la fin de l'été et le début de l'automne. En effet, leur activité est significative entre 13°C et 35°C (Braverman and Chechik 1996), même si ces limites varient en fonction des espèces. Pour *C. obsoletus* par exemple, Losson et al. (2007) ont constaté des vols à des températures minimales situées entre 6°C et 12°C dans des étables au cours de l'hiver 2006-2007. Les adultes ont une espérance de vie relativement faible, de l'ordre de 10 à 20 jours, mais à basse température (entre 6 à 12°C) ils peuvent survivre jusqu'à trois mois.

De nature crépusculaire à nocturne, la plupart des espèces de culicoïdes piquent en général le matin à l'aube ou le soir et sont au repos au niveau de la végétation durant la journée (Perie et al. 2005). Certains facteurs, tels que la présence d'animaux ou la proximité d'un cours d'eau influencent leur abondance. Zimmer et al. (2008) suggèrent que les culicoïdes peuvent être beaucoup plus abondants à l'intérieur qu'à l'extérieur lorsque les animaux sont présents dans l'étable. De manière générale, les adultes se rencontrent principalement aux environs immédiats des élevages de bétail, essentiellement à proximité de substrats humides ou d'eaux stagnantes. En effet, ils ne s'éloignent guère de façon active de l'endroit où ils sont nés (Mellor, Boorman, and Baylis 2000). Ainsi, dans la plupart des cas, les déplacements des culicoïdes par vol actif n'excèdent pas un kilomètre (Perie et al. 2005). Toutefois, une dispersion passive par les vents et courants d'air chauds et humides peut avoir lieu et, dans ce cas, celle-ci est nettement plus importante, notamment au-dessus de la mer. Dans ces conditions, pour des vents allant de 10 à 40 km/h et des températures situées entre 12°C et 35°C, les distances parcourues peuvent s'étendre de quelques kilomètres jusqu'à 700 kilomètres (Sellers 1996).

Pour la majorité des espèces de culicoïdes, seules les femelles adultes sont hématophages et prennent un repas sanguin d'environ 0,1 µL de sang (Perie et al. 2005) tous les trois à quatre jours (Birley and Boorman 1982).

De nombreuses espèces de culicoïdes sont ornithophiles, d'autres espèces d'intérêt vétérinaire ou médical ont des préférences trophiques marquées pour les mammifères, piquant aussi bien les mammifères sauvages que domestiques (Blackwell, Mellor, and Mordue 1994, Linden et al. 2010). Une étude menée par Zimmer et al. (2014) en Belgique a permis de mettre en évidence la présence de culicoïdes au niveau des bâtiments d'élevage porcin, où leur présence semble liée à la ventilation et à l'ouverture des bâtiments.

4.2.1.2 Rôle vecteur des Culicoides

4.2.1.2.1 *Transmission vectorielle d'agents pathogènes*

Les culicoïdes peuvent transmettre divers agents pathogènes à leurs hôtes *via* leurs piqûres. Ils peuvent surtout transmettre des parasites d'importance vétérinaire et humaine, tels que des parasites sanguins ou des filaires (*Onchocerca* sp. chez les chevaux ; *Mansonella* sp. chez l'Homme) (Mellor, Boorman, and Baylis 2000), ainsi que de nombreux virus.

À ce jour, plus de 50 virus appartenant à la famille des *Bunyaviridae*, *Reoviridae*, et *Rhabdoviridae* ont été isolés de différentes espèces de culicoïdes. Parmi ces virus, certains ont un intérêt majeur en santé animale dans le monde entier, tels que le virus de la peste équine africaine (AHS), le virus de la fièvre catarrhale ovine (*Reoviridae*), et le virus de Schmollenberg (*Bunyaviridae*) (Rasmussen et al. 2012).

Les culicoïdes peuvent également transmettre mécaniquement des agents infectieux viraux, tel que démontré expérimentalement pour le virus de la Fièvre de la Vallée du Rift (virus à ARN) (Hoch, Gargan, and Bailey 1985). Une modélisation de la transmission mécanique du virus de la dermatose nodulaire contagieuse (Lumpy Skin Disease, virus à ADN) tend par ailleurs à montrer que les culicoïdes ont en revanche une probabilité très faible de transmettre ce virus (Gubbins 2019).

4.2.1.2.2 *Transmission vectorielle du virus de la PPA*

À la connaissance du GT, aucune étude ne s'est intéressée à la possible transmission vectorielle du virus de la PPA par les culicoïdes et aucune donnée n'est donc disponible sur ce sujet à ce jour.

4.2.2 Les Culicidae

Avec plus de 3 500 espèces différentes réparties en plusieurs sous-familles et multiples genres, les *Culicidae*, appelés communément moustiques, constituent une large famille de l'ordre des Diptères.

4.2.2.1 Éléments de bio-écologie

En France métropolitaine, 65 espèces de moustiques sont décrites, et elles appartiennent essentiellement aux genres *Aedes* sp., *Culex* sp., et *Anopheles* sp.. Bien qu'ils présentent des traits de vie variables en fonction des genres, leur saisonnalité est pour tous déterminée par deux facteurs principaux : la chaleur et l'humidité.

Parmi les *Aedes*, on retrouve des espèces paléarctiques comme *Ae. caspius*, notamment en Camargue et des espèces invasives comme *Ae. albopictus* qui, à partir du sud de la France, s'étend vers le nord du pays. Les *Aedes* sont diurnes et exophiles. La dispersion des *Aedes* ruraux comme *Ae. caspius* est importante ; en général de plusieurs kilomètres autour du gîte larvaire. Leur dispersion passive par le vent peut être encore plus importante et les amener à de très longues distances de leur gîte larvaire. *Ae. albopictus* a une dispersion active plus limitée, notamment en zone urbaine, inférieure à un kilomètre, mais la dispersion passive à l'aide des moyens de transport humains (voitures, trains) est plus importante (Eritja et al. 2017) lui permettant de coloniser rapidement les territoires où il a été introduit.

Dans le genre *Culex*, *Culex pipiens* est l'espèce prédominante en France. Les *Culex*, piquent plutôt la nuit et se dispersent peu autour des gîtes larvaires (jusqu'à 2-3 km).

Concernant les *Anopheles*, on les retrouve sur l'ensemble du territoire français et majoritairement dans les régions de marais et de rizières. Les Anophèles se dispersent sur quelques kilomètres et piquent essentiellement en début et fin de nuit.

Les femelles doivent se nourrir de sang pour permettre le développement des œufs. Si ces dernières ne sont pas dérangées, la réalisation d'un repas de sang complet peut ne prendre que quelques minutes. Le volume de sang ingéré varie d'une espèce à l'autre : de 4 à 5 µL pour *Aedes aegypti* à 10 µL pour *Culex quinquefasciatus* (Russell, Otranto, and Wall 2013). Par ailleurs, si une femelle est interrompue pendant son repas, elle peut par la suite piquer plusieurs fois sur une période de quelques heures afin de terminer son repas sanguin. Lorsqu'elles sont entièrement gorgées, les femelles s'abritent pour permettre le développement des œufs et ensuite la ponte. Ce processus prend en moyenne deux à quatre jours et ce cycle d'alimentation/ponte peut ensuite être répété plusieurs fois au cours de la vie du moustique, permettant ainsi la transmission biologique des agents pathogènes (Russell, Otranto, and Wall 2013). La durée de vie des moustiques adultes est généralement de deux à trois semaines, mais dépend fortement des conditions environnementales. Les femelles *Culex pipiens*, par exemple, peuvent survivre deux à trois mois dans des conditions favorables (Andreadis, Dimotsiou, and Savopoulou-Soultani 2014).

Outre la longévité, un autre facteur déterminant fortement la transmission potentielle d'agents pathogènes est la préférence trophique des moustiques. De nombreux moustiques sont connus pour se nourrir de sang d'oiseaux ou d'humains, mais des analyses de repas sanguins ont montré que de nombreux autres mammifères peuvent également leur servir d'hôtes (Martinez-de la Puente et al. 2016).

Il existe cependant peu de données sur les moustiques à même de piquer les suidés. Parmi les espèces endémiques en Europe, quelques publications ayant analysé l'origine des repas sanguins mentionnent *Culex pipiens* (Martinez-de la Puente et al. 2016) et *Aedes vexans* (Börstler et al. 2016) comme pouvant se nourrir sur les porcs domestiques ou les sangliers, et sont mentionnés dans la revue de Brugman *et al.* (2018), tout comme *Anopheles maculipennis* s.l., *Anopheles claviger*, et *Coquillettidia richiardii* vecteurs du virus Bataï. Parmi les moustiques exotiques, *Culex tritaeniorhynchus*, principal vecteur de l'encéphalite japonaise en Asie est connu pour piquer les porcs (Pearce et al. 2018), mais aucune donnée ne laisse supposer sa possible introduction en France métropolitaine.

4.2.2.2 Rôle vecteur des Culicidae

4.2.2.2.1 *Transmission vectorielle d'agents pathogènes*

Il a été suggéré que les moustiques transmettent mécaniquement certains virus (myxome, dermatose nodulaire contagieuse) et bactéries (*Francisella tularensis*) lors de repas interrompus et d'une contamination des pièces buccales, mais ils sont surtout connus comme étant des vecteurs biologiques importants de multiples virus, protozoaires et nématodes (Clements 2012).

4.2.2.2.2 *Transmission vectorielle du virus de la PPA*

Très peu d'informations sont disponibles quant au rôle potentiel des moustiques dans la transmission de la PPA.

Une publication identifiée par les experts du GT fait référence à une possible transmission du virus de la PPA par des moustiques et concerne un chapitre d'ouvrage publié par Plowright *et al.* en 1994. Ce dernier mentionne des expérimentations visant à tester la compétence vectorielle avec des *Anopheles* sp. et des taons, mais sans succès (Plowright, Thomson, and Nesor 1994).

Une étude récente menée en Estonie dans un élevage infecté a recherché le virus de la PPA dans des insectes (mouches et moustiques) collectés sur le site (Herm *et al.* 2019). De très faibles doses d'ADN viral ont été détectées par qPCR (avec des valeurs de Ct¹⁸ élevées ; Ct = 36,98) dans un des deux échantillons de moustiques testés (les genres ne sont pas précisés dans la publication), mais sans réussite d'isolement du virus. Ce dernier résultat, qui ne reflète potentiellement que le fait que les moustiques se soient gorgés sur un animal virémique, ne permet pas de conclure sur le possible rôle des moustiques dans la transmission du virus de la PPA.

Aucune étude publiée concernant une possible transmission biologique ou mécanique du virus de la PPA par des moustiques n'a pu être identifiée.

4.2.3 **Les Ixodidae**

La famille des *Ixodidae* regroupe les tiques dures et compte 14 genres comprenant plus de 700 espèces.

4.2.3.1 Éléments de bio-écologie¹⁹

En France, une quarantaine d'espèces de tiques différentes sont recensées (Pérez-Eid 2007). Parmi celles-ci, les principales espèces d'importance pour les tiques dures appartiennent aux genres *Ixodes*, *Dermacentor* et *Rhipicephalus*. Ces espèces présentent des préférences trophiques plus ou moins marquées et seule *Ixodes ricinus* est réellement ubiquiste. Les espèces de tiques dures susceptibles de se nourrir sur les suidés regroupent *I. ricinus*, *D. marginatus*, *R. bursa*, *R. pusillus*, *R. turanicus*, *Haemaphysalis punctata*, *Haemaphysalis concinna*, *Haemaphysalis inermis*, *Hyalomma marginatum* et *Hyalomma lusitanicum* dans le sud de la France, et plus occasionnellement, *D. reticulatus* et *Pholeoixodes hexagonus*.

¹⁸ Le Ct correspond au point seuil pour lequel le signal de fluorescence est significativement supérieur au bruit de fond, c'est-à-dire au nombre de cycles minimal pour lequel l'ADN amplifié est détectable. Plus la quantité d'ADN initiale est faible, plus le Ct est élevé.

¹⁹ Les éléments présentés dans ce paragraphe sont pour la plupart tirés du chapitre sur la biologie des tiques de l'ouvrage *Tiques et maladies à tiques* (McCoy, K. D., & Boulanger, N. (Eds.) 2015. *Tiques et maladies à tiques : Biologie, écologie évolutive, épidémiologie*. IRD Éditions.

Concernant la densité et la répartition de ces espèces, des cartes de risque sont éditées et régulièrement réactualisées dans le cadre du projet fleatickrisk²⁰ pour les espèces *I. ricinus* et *D. reticulatus*. Des cartes de répartition, révisées annuellement sont aussi éditées par l'ECDC²¹ pour *I. ricinus*, *R. bursa*, *H. marginatum* et *D. reticulatus*.

I. ricinus est la tique la plus abondante en Europe et celle qui y présente la plus large répartition géographique. Exophile à tous ses stades, *I. ricinus* vit dans des écosystèmes boisés qu'ils soient ruraux, péri-urbains (forêts mixtes : feuillus-conifères) voire urbains, mais se rencontre aussi dans les pâtures et parfois même les jardins lorsque ceux-ci sont visités par la faune sauvage. Sa répartition géographique est en pleine évolution du fait des changements environnementaux : elle est moins abondante au sud de l'Europe mais elle remonte vers les pays scandinaves.

Dermacentor reticulatus et *D. marginatus* sont, après *I. ricinus*, les espèces les plus représentées en France métropolitaine. Larves et nymphes sont endophiles. *Dermacentor reticulatus* vit dans des écosystèmes plus ou moins humides comme des prairies et des forêts et peut être retrouvée en zone périurbaine. Plus thermophile, *D. marginatus* est très largement répandue autour du bassin méditerranéen. On la retrouve dans des espaces plutôt ouverts mais possiblement aussi en forêt au bord des chemins ou dans les clairières.

Les autres espèces de tiques mentionnées ci-dessus comme pouvant possiblement se gorger sur les suidés sont faiblement abondantes sur le territoire français. Les espèces *R. bursa*, *R. pusillus*, *R. turanicus*, *H. punctata*, *H. marginatum* et *H. lusitanicum* sont présentes sur le pourtour méditerranéen alors que *H. concinna* se retrouve dans les zones de climat tempéré frais et humide, notamment en forêt, et *H. inermis* en climat tempéré moyen dans les deux tiers sud de la France. Enfin, *P. hexagonus* présente une répartition large en Europe, du sud de la Scandinavie au sud de l'Espagne.

En France métropolitaine, les tiques dures présentent en général des pics d'activité au printemps et à l'automne.

Suivant les espèces, certaines tiques sont passives dans la recherche de leur hôte et chassent « à l'affût » sur la végétation en attente du passage d'un hôte potentiel (comme *I. ricinus* par exemple), tandis que d'autres sont actives et se déplacent (comme *H. marginatum* par exemple).

Dépourvues d'ailes, les tiques ne se dispersent pas par elles-mêmes sur de grandes distances. Néanmoins elles peuvent être transportées passivement par leur hôte, sauvage ou domestique, lors de la réalisation du repas sanguin qui dure plusieurs jours. Si l'hôte considéré est un oiseau migrateur, les distances parcourues sont alors considérables (plusieurs milliers de kilomètres). Quelles que soient la famille et l'espèce, le cycle de développement d'une tique dure se déroule toujours en quatre stades : œuf, larve, nymphe, adulte (mâle ou femelle). Contrairement aux tiques molles, les tiques dures ne prennent qu'un seul repas de sang par stade pour ensuite passer au stade suivant, ou pondre puis mourir pour la femelle adulte. Par ailleurs, les auteurs s'accordent à penser qu'il n'existe pas de repas interrompus dus à un détachement volontaire de la tique (Pérez-Eid 2007). Des repas partiels qui seront terminés sur un hôte différent peuvent néanmoins et exceptionnellement exister lors d'un déparasitage ou de la mort de l'hôte²².

Au stade adulte, les mâles de la famille des *Ixodidae* (dont *Ixodes* sp.) ne prennent pas de repas sanguin, tandis que, chez les *Amblyommatidae* (dont *Dermacentor* sp., *Rhipicephalus* sp., *Haemaphysalis* sp. et *Hyalomma* sp.), les mâles peuvent prendre un repas très réduit. Il a été observé que certains mâles (comme *D. reticulatus*) pouvaient piquer leur hôte à plusieurs endroits

²⁰ http://www.fleatickrisk.com/fr/maps?parasite=Ixodes_ricinus

²¹ <https://ecdc.europa.eu/en/disease-vectors/surveillance-and-disease-data/tick-maps>

²² Ce phénomène n'a, à la connaissance du GT, été clairement décrit que chez des *Haemaphysalis* spp., vecteur du virus hémorragique de la forêt de Kyasanur en Asie, qui peuvent quitter leur hôtes singes lorsque ceux-ci meurent de l'infection virale puis finir leur repas sur d'autres singes en retransmettant ainsi le virus (Mourya et al, 2013).

successifs jusqu'à avoir ingéré assez de sang pour féconder une femelle sur ce même hôte (Bartosik et al., 2019). Il n'existe néanmoins pas de données sur le fait qu'une tique dure mâle pourrait changer d'hôte pour prendre plusieurs repas de sang successifs. La durée des repas de sang des tiques dures varie en fonction de l'espèce, mais ils sont toujours volumineux et longs au regard des autres arthropodes hématophages. Au cours d'un seul repas, qui peut durer jusqu'à 10-12 jours, certaines femelles sont capables d'absorber jusqu'à 100 fois leur poids en sang. À titre d'exemple, on estime que la tique *Ixodes ricinus* femelle absorbe environ 1 mL de sang, bien que ce volume reste difficile à évaluer, les tiques concentrant leur repas de sang au fur et à mesure de sa prise pour évacuer eau et substances ioniques en excès. Il est à noter que les tiques sont des hématophages stricts, c'est à dire qu'elles se nourrissent uniquement de sang. La durée de ces repas sanguins varie en fonction du stade concerné et dure, en moyenne, environ 3-5 jours pour les larves, 3-8 jours pour les nymphes et 6-12 jours pour les adultes femelles.

À quelques rares exceptions près, les espèces appartenant aux genres *Ixodes*, *Dermacentor*, *Haemaphysalis* et *Rhipicephalus* sont triphasiques, c'est-à-dire qu'elles vont se gorger sur un hôte différent à chaque stade pour ensuite se laisser tomber au sol pour la mue ou la ponte. En revanche, bien que la majorité des espèces du genre *Hyalomma* soient aussi triphasiques, *H. marginatum* possède un cycle diphasique, larves et nymphes se gorgeant sur le même hôte.

Le repas de sang et détachement de l'hôte est suivi d'une phase dite « libre » qui peut durer des mois, voire des années et est très variable en fonction des conditions environnementales rencontrées par la tique. S'il fait trop chaud, trop froid ou trop sec, ou qu'aucun hôte potentiel ne passe à proximité, la tique peut se mettre à l'abri dans un endroit protégé dans un état de vie ralentie, ou diapause. En général, dans de bonnes conditions, et suivant les espèces, les cycles de vie dans la nature peuvent aller jusqu'à trois ans (moins dans le cas de cycles monophasiques ou diphasiques). Pour les espèces triphasiques un tel cycle correspond donc à la prise d'un à deux repas sanguins par an.

4.2.3.2 Rôle vecteur des Ixodidae

4.2.3.2.1 *Transmission vectorielle d'agents pathogènes*

Si les moustiques sont considérés comme les vecteurs les plus importants en santé publique, les tiques sont quant à elles reconnues comme les premiers vecteurs d'agents pathogènes aux animaux en médecine vétérinaire (Dantas-Torres, Chomel, and Otranto 2012). Elles sont en effet capables de transmettre une très grande variété d'agents pathogènes incluant des virus, des parasites et des bactéries.

4.2.3.2.2 *Transmission vectorielle du virus de la PPA*

Des infections expérimentales en laboratoire ont montré que le virus de la PPA ne se répliquait pas chez *I. ricinus* ni chez *D. reticulatus*, écartant l'hypothèse d'une potentielle transmission biologique par ces deux espèces de tiques. Cette compétence vectorielle potentielle a également été investiguée chez des tiques des genres *Rhipicephalus* (*Rhipicephalus simus*, *Rhipicephalus bursa*), *Amblyomma* (*A. variegatum*, *A. americanum*, *A. cajennense*) et *Hyalomma* (espèces non précisées) : soit par infection expérimentale, soit par le biais de la détection du virus dans des tiques collectées sur le terrain (Sanchez Botija 1963, Kovalenko, Sidorov, and Burba 1967, Plowright, Thomson, and Naser 1994, Grocock, Hess, and Gladney 1980).

Cependant, aucune des tiques collectées sur le terrain ne s'est révélée positive pour le virus. Suite à des infections expérimentales, bien que le virus ait persisté pendant cinq à six semaines chez *R. simus*, et quatre à sept jours chez les *Amblyomma* sp. testés, aucune de ces tiques n'a pu retransmettre le virus à des porcs sensibles.

Une revue récente portant sur le risque de transmission du virus *via* les tiques dans les pays baltes conclut aussi à la non implication des tiques dures européennes dans cette transmission (Frant, Wozniakowski, and Pejsak 2017). De même, une revue de 2018 sur le risque d'introduction de la PPA aux États-Unis ne mentionne absolument pas les tiques dures comme vecteurs potentiels

(Brown and Bevins 2018). En revanche, une revue sur les vecteurs envisageables mentionne que, bien que la littérature suggère que ce ne sont pas des vecteurs biologiques, il serait cependant nécessaire d'évaluer la compétence vectorielle des espèces associées aux suidés aux Etats-Unis (Golnar et al. 2019).

Par ailleurs, pour la quasi-totalité des espèces mentionnées ci-dessus comme pouvant se nourrir sur des suidés en France métropolitaine, seuls les stades adultes sont concernés, les stades larvaires et nymphaux se gorgeant en général sur des petits mammifères. Ainsi, seuls les stades adultes seraient à envisager pour une transmission biologique potentielle du virus. Si cette transmission intervient, elle nécessite le passage du virus par voie trans-ovarienne d'une génération à l'autre, puis par voie trans-stadiale de la larve à la nymphe puis de la nymphe à l'adulte de la génération suivante.

Concernant la transmission mécanique du virus, étant donné que les tiques dures ne prennent qu'un seul repas par stade, elles ne peuvent pas, *a priori*, représenter des vecteurs mécaniques pour la PPA ; les temps de diapauses comportementales (lorsque les conditions de vie sont défavorables) ou développementales (métamorphose, ovogénèse et embryogénèse) entre chaque stade pouvant aller jusqu'à plusieurs mois. Bien que les cycles biologiques des tiques dures rendent peu probable un rôle de vecteur mécanique pour le virus, une contamination par ingestion de tiques infectées reste sans doute possible, le virus ayant été détecté plusieurs jours après infection expérimentale chez certaines espèces de tiques (Plowright, Thomson, and Nesor 1994). Il est à noter que, les tiques dures prenant des repas de sang très longs (jusqu'à dix jours par exemple pour les femelles d'*I. ricinus*), elles peuvent dans ce contexte être transportées, de même que le virus en cas d'infection, sur de longues distances par le biais de leurs hôtes pendant la durée de ces repas.

En résumé, il existe peu de données dans la littérature sur la possibilité d'une transmission du virus de la PPA par des tiques dures. Les rares publications sont anciennes mais montrent toutes une absence de transmission biologique du virus par les espèces analysées.

4.2.4 Les *Muscidae*

Parmi les diptères de la famille des *Muscidae*, la tribu des *Stomoxyini*, regroupe les mouches hématophages. Cette tribu comprend 10 genres (Zumpt, 1973) dont les plus importants sont *Stomoxys*, *Haematobosca* et *Haematobia*. Pour ces deux derniers, peu de données sont disponibles dans la littérature, mais ils sont cependant présentés à la fin de ce chapitre (4.2.9).

Le genre *Stomoxys* compte 18 espèces (Zumpt 1973) parmi lesquelles *Stomoxys calcitrans*²³ est la seule à être anthropophile et cosmopolite. Cette dernière est la seule espèce présente en France métropolitaine et donc la seule à être envisagée dans ce présent rapport²⁴.

4.2.4.1 Éléments de bio-écologie

Les populations de *S. calcitrans* montrent une activité saisonnière dépendante des températures extérieures. Dès que la température extérieure dépasse 10 à 11°C, les mouches sont actives (Lysyk 1998). On observe ainsi un pic d'abondance à la fin du printemps-début de l'été, une diminution du nombre pendant l'été, puis un second pic, plus important, à l'automne (Taylor, Berkebile, and Scholl 2007, Rouet 2009). En milieu tempéré, les stomoxes ont une activité unimodale, avec un pic d'activité en début d'après-midi, au moment de la prise de leurs repas sanguin (Berry and Campbell 1985). Les adultes vivent en moyenne entre deux à quatre semaines (Gilles 2005). Ils peuvent passer l'hiver à l'intérieur des bâtiments dans des sites d'élevage chauffés et maintenir ainsi une

²³ *Stomoxys calcitrans* est plus connu sous le nom de mouche des étables (*stable fly* en anglais), mais également de mouche charbonneuse, en raison de son rôle dans la transmission du charbon (Smith et al., 1987).

²⁴ Le terme « stomoxe » dans ce présent rapport fera exclusivement référence à *S. calcitrans*.

activité reproductrice tout au long de l'année, avec toutefois des densités plus élevées entre mai et novembre (Rouet, 2009).

La présence de *S. calcitrans* dépend essentiellement des activités d'élevage car elle a besoin de matière organique végétale en décomposition et de déjections animales telles que le fumier pour pondre.

Ces mouches sont considérées comme des nuisances majeures dans les élevages de bovins et de chevaux, mais on les rencontre aussi dans les élevages de porcs, de volailles ou de lapins.

L'élevage porcin « classique », c'est-à-dire sur caillebotis, avec un haut degré de confinement semble plus difficilement accessible pour *S. calcitrans* et aussi plus faiblement attractif par le manque de végétaux dans le lisier et le type de stockage de ces matières organiques. La présence de stomoxes semble donc être plus probable dans les élevages sur paille ou en plein air, où la réalisation de leur cycle de développement est facilitée. En effet, une étude danoise rapporte l'augmentation de la nuisance par *S. calcitrans* dans les élevages porcins utilisant de la paille comme litière (Skovgard and Nachman 2004). En Norvège, les unités d'élevage porcin sur paille ou copeaux de bois qui sont nettoyées quotidiennement ou vidées toutes les 6 à 12 semaines présentent un nombre important de mouches (piqueuses et non piqueuses) (Birkemoe et al., 2009).

L'activité des stomoxes est diurne et dépend de la température. Lorsque la température augmente une activité bimodale peut être observée, avec un pic d'activité le matin et le soir. En Europe tempérée, l'activité se remarquera principalement en début d'après-midi. Les stomoxes passent la quasi-totalité de leur temps posés sur des supports tels que les murs des étables et ne parasitent les animaux et l'Homme que le temps du repas qui peut durer entre deux et 30 minutes en fonction de la température.

Les deux sexes sont hématophages, le repas sanguin est nécessaire à la reproduction et à la longévité des adultes (Moobola and Cupp 1978). Les stomoxes prennent des repas fréquents, ainsi la durée entre les repas peut varier de quatre heures à quatre jours (Salem, 2012). Le premier repas peut avoir lieu dans les heures qui suivent l'émergence de l'imago (Skidmore 1985). De manière générale, ils prennent un à deux repas par jour, qui peuvent être fractionnés en cinq à 20 tentatives de repas interrompus, en fonction de la réactivité de l'hôte, la piqûre étant douloureuse, et de la densité des autres insectes. Ainsi, ils peuvent ingérer un volume de sang compris entre 7 et 15 μL (Salem, 2012). Si la nourriture est insuffisante ou les animaux trop peu nombreux, elles peuvent parcourir de grandes distances, allant jusqu'à cinq km, pour trouver de nouveaux hôtes et des conditions plus favorables (Hogsette, Ruff, and Jones 1987).

4.2.4.2 Rôle vecteur de *Stomoxys calcitrans*

4.2.4.2.1 *Transmission vectorielle d'agents pathogènes*

Les stomoxes sont vecteurs d'un nombre important d'agents pathogènes qui peuvent être transmis aussi bien biologiquement que mécaniquement.

Ainsi, les stomoxes sont les vecteurs biologiques, d'*Habronema microstoma*, un nématode des pays tropicaux et des régions méridionales responsable chez le cheval de l'habronérose gastrique.

Ils sont également impliqués dans la transmission mécanique de nombreux agents pathogènes (Baldacchino et al. 2013). La transmission mécanique d'agents pathogènes quant à elle, se fait soit par le sang résiduel présent sur les pièces buccales, soit par la régurgitation du contenu du jabot et se produit en cas d'interruption du repas sanguin (Foil et Hogsette, 1994; Baldacchino et al., 2013; Duvallat et al., 2017).

Ainsi, lorsque le stomoxe, avec des pièces buccales souillées par du sang infecté, injecte de la salive avant d'aspirer le sang lors d'un repas sanguin ultérieur, il peut inoculer le reste de sang infecté resté dans sa trompe piqueuse. Le volume de sang résiduel dans les pièces buccales du stomoxe a été évalué entre 0,03 et 0,10 nL (Scoles et al. 2005, Scoles, Miller, and Foil 2008).

Il a également été observé que les stomoxes pouvaient conserver du sang dans leur jabot pendant 24 heures ou plus (Coronado et al., 2004, Baldacchino, 2013), avant d'être partiellement régurgité ou que la digestion se mette en place dans l'intestin. Le jabot est un organe de stockage, dépourvu

d'enzymes digestives, il offre ainsi un environnement neutre et favorable aux agents pathogènes susceptibles d'être régurgités lors du repas de sang suivant. Le volume de sang stocké dans le jabot et pouvant de ce fait être régurgité est estimé à 2µL [Audition de Marc Desquesnes]. Ainsi, la régurgitation d'une quantité relativement élevée du repas de sang ingéré précédemment pourrait être un moyen important de transmettre de fortes doses d'agents pathogènes. Le phénomène de régurgitation ne semble cependant pas être physiologique chez les stomoxes et n'aurait donc pas lieu à chaque repas sanguin [Audition de Marc Desquesnes].

Bien que les études concernant le rôle mécanique des stomoxes dans la transmission d'agents pathogènes, soient peu nombreuses, cette modalité de transmission pourrait avoir un impact épidémiologique considérable puisqu'elle permettrait une transmission d'agents pathogènes à la fois au sein d'un troupeau, mais aussi entre troupeaux. Ainsi, leur rôle de vecteurs mécaniques a été démontré pour des helminthes, des protozoaires, des bactéries et également de nombreux virus. Par exemple, *S. calcitrans*, est un vecteur du virus de l'anémie infectieuse équine (Foil et al. 1983), mais également d'autres virus tels que les virus de la leucose bovine (Buxton, Hinkle, and Schultz 1985), de la fièvre de la vallée du Rift (Hoch, Gargan, and Bailey 1985), et potentiellement de la PPA (Mellor, Kitching, and Wilkinson 1987).

4.2.4.2.2 Transmission vectorielle du virus de la PPA

Aucune donnée sur une possible transmission biologique de la PPA par les stomoxes n'a été identifiée par les experts du GT. Cependant, dès la fin des années 1980, il a été démontré que les stomoxes étaient capables de transmettre mécaniquement le virus de la PPA (Mellor, Kitching, and Wilkinson 1987). Lors de cette étude, le virus de la PPA a été transmis à des porcs sensibles par des *S. calcitrans* infectés une heure et vingt-quatre heures auparavant (titre 10^3 à $10^{5.5}$ HAD₅₀/mouche) et le virus a survécu chez ces mouches pendant au moins deux jours sans perte apparente de virulence (Mellor, Kitching, and Wilkinson 1987)

Une autre étude a pu également mettre en évidence la présence d'ADN viral du virus de la PPA sur les pièces buccales de ces mouches durant au moins 12h, et au niveau de la tête et du corps jusqu'à trois jours après infection par gorgement *in vitro*. Du virus infectieux a de plus été retrouvé dans le corps de la mouche à 3 et 12h après gorgement *in vitro* (Olesen et al., 2018a).

La persistance de titres élevés de virus dans des mouches d'étables pendant des périodes allant jusqu'à deux jours suggère fortement que la transmission pourrait être possible pendant au moins cette durée (Baldacchino et al., 2013).

En résumé, aucune donnée sur une possible transmission biologique n'a été identifiée dans la littérature mais la transmission mécanique du virus de la PPA par des stomoxes est possible et a été démontrée dans une étude expérimentale.

4.2.5 Les Phlebotominae

Les phlébotomes sont des insectes de petite taille (2 à 5 mm) appartenant à l'ordre des diptères nématocères et à famille des *Psychodidae*.

4.2.5.1 Éléments de bio-écologie

Les phlébotomes comptent environ 900 espèces à travers le monde. Leur distribution géographique englobe toutes les régions intertropicales. Ainsi, deux genres de phlébotomes sont présents en Europe, les genres *Phlebotomus* et *Sergentomyia*. En France métropolitaine, leur aire de répartition se situe au sud de la Loire, avec une densité de population très forte dans la région méditerranéenne. Leur aire de distribution s'accroît toutefois en Europe avec l'influence des changements environnementaux et climatiques (Fischer et al. 2011, Naucke et al. 2008). En France métropolitaine les populations s'étendent ainsi vers le nord, comme illustré par des captures de phlébotomes ayant

été faites en région parisienne, dans la Marne, et les Ardennes belges (Duvallet, Fontenille, and Robert 2017).

Le vol des phlébotomes est en général de courte portée, ils avancent par bonds dans une série de vols courts entrecoupés de phases de repos. Ainsi, leur dispersion active ne s'étend pas au-delà d'un kilomètre de leurs gîtes larvaires/de repos (Abonnenc 1972, Bouchery 2007). Très fragiles, lors de temps de pluie et/ou de vent (supérieur à 1 m/s), les adultes ne sortent généralement pas de leur gîte de repos.

Sous nos latitudes, on les retrouve de mai à octobre et on compte en moyenne une à trois générations par an. La durée de vie moyenne des adultes est comprise entre deux semaines et deux mois.

Seules les femelles sont hématophages et elles sont actives au crépuscule et la nuit (avec un pic d'activité entre 22h et minuit), à condition que la température soit suffisamment élevée (à partir de 19 à 20°C). Une femelle se nourrit plusieurs fois au cours de sa vie, et on estime l'intervalle entre chaque repas de l'ordre de 3 à 5 jours. Le repas dure entre 30 secondes et 5 minutes. La notion de repas interrompu n'est pas directement documentée chez les phlébotomes (absence de données dans la littérature). Plusieurs études rapportent la présence de sang provenant de différentes espèces dans l'appareil digestif de femelles phlébotomes traduisant un comportement opportuniste de ces dernières, plus qu'une préférence trophique pour un hôte donné (Bongiorno et al. 2003, Rossi et al. 2008). Ainsi il semblerait qu'une femelle, si elle est dérangée au cours de son repas sanguin, puisse le compléter sur un hôte différent (Bongiorno et al. 2003, Colonge 2011).

Bien que la majorité des espèces soit exophile, certaines espèces peuvent être attirées par la lumière de faible intensité et donc rentrer dans les habitations ou les abris des animaux (chenil, étable...). Durant la journée, les phlébotomes se cachent généralement dans des endroits sombres et humides tel que des anfractuosités des murs, des troncs d'arbres ou encore des terriers (Killick-Kendrick 1999).

Les phlébotomes femelles sont plutôt opportunistes et peuvent se nourrir sur de nombreux vertébrés homéothermes. Différentes études de préférence d'hôtes, pour certaines espèces de phlébotomes, n'ont pas permis de déceler une préférence entre les hôtes suivant : humain, cheval, bovin, porc, chien, lapin, cochon d'Inde, hamster (Harre et al. 2001, Muniz et al. 2006). Diverses études, conduites notamment en Amérique du Sud et en Asie, rapportent que le porc semble faire partie des hôtes préférentiels de certaines espèces de phlébotomes (Baum et al. 2015, Bravo-Barriga et al. 2016, Fonteles et al. 2018, Rigg et al. 2019). Une étude conduite en Chine rapporte des taux de gorgement élevés de phlébotomes sur porcs et émet l'hypothèse que la terre enrichie en matières organiques dans les enclos à porcs pourrait représenter un substrat favorable au développement larvaire des phlébotomes (Chen et al. 2016). Cependant, il est à noter que l'ensemble de ces travaux ne concerne que des espèces exotiques absentes d'Europe.

4.2.5.2 Rôle vecteur des Phlebotominae

4.2.5.2.1 *Transmission vectorielle d'agents pathogènes*

Les phlébotomes sont surtout connus pour transmettre les leishmanies à l'Homme et aux animaux. Cependant depuis quelques années, leur rôle apparaît croissant dans la transmission d'arbovirus. Les virus transmis à l'Homme par les phlébotomes appartiennent aux genres : *Phlebovirus* (*Bunyaviridae*), *Orbivirus* (*Reoviridae*) et *Vesiculovirus* (*Rhabdoviridae*). Les phlébotomes s'infectent au cours du repas sanguin ou bien par voie trans-ovarienne. Ainsi, ces virus peuvent être isolés aussi bien des mâles que des femelles. Les virus du genre *Phlebovirus* sont responsables chez l'Homme de syndromes méningés ou « fièvre à phlébotomes » ou « fièvre à papatasi ». Les vesiculovirus sont responsables en Amérique d'épizooties de stomatites vésiculeuses touchant les bovins, le porc et le cheval. Les principaux vecteurs de ces vesiculovirus appartiennent à des genres qui ne sont pas présents en Europe.

4.2.5.2.2 Transmission vectorielle du virus de la PPA

Il n'est pas fait mention dans la littérature de possibilité de transmission du virus de la PPA par les phlébotomes.

4.2.6 Les Phthiraptera

L'ordre des Phthiraptères, qui regroupe l'ensemble des insectes classiquement désignés sous le nom de poux, compte plus de 4 000 espèces et regroupées en deux sous-ordres : les poux piqueurs hématophages (Anoploures) et les poux broyeurs (Mallophages). Ces ectoparasites permanents et obligatoires présentent une spécificité d'hôte stricte et sont donc liés à une seule espèce d'hôte. Ainsi, *Haematopinus suis*, appartenant à la famille des *Haematopinidae* et au sous-genre des Anoploures, est le seul pou infestant les suidés (Kettle 1984).

4.2.6.1 Éléments de bio-écologie

Géographiquement, le pou de porc est présent partout où les porcs sont élevés, mais il est plus courant dans les climats plus froids de l'hémisphère Nord (Wooten-Saadi et al. 1987). *H. suis* n'est, de ce fait, pas rare dans les élevages porcins en Europe. Sa prévalence dépend du type d'élevage et de son degré de confinement, sans variation saisonnière marquée. Ils ont une phototaxie négative et recherchent une chaleur douce ; la lumière directe et la chaleur solaire ou artificielle leur est néfaste (Rodhain and Pérez, 1985).

Les Anoploures se déplacent peu et très lentement sur leur hôte, vraisemblablement pour trouver des zones où la température cutanée est proche de celle qu'ils préfèrent (29-30°C). La transmission d'un hôte à un autre a lieu par contact direct et étroit, mais spontanément, ils n'ont guère tendance à quitter leur hôte (Raoult and Roux 1999).

Chez les poux anoploures, tel *H. suis*, tous les stades (trois stades larvaires et un stade adulte) et les deux sexes sont hématophages. Ces insectes doivent effectuer des repas de sang d'environ 0,1 µL (Deplazes et al. 2016) à intervalles rapprochés, voire toutes les heures. Ils prennent généralement 10 à 15 minutes pour être complètement gorgés (Lavoipierre 1967), et peuvent ingurgiter jusqu'à trois fois leur propre volume. En l'absence de repas sanguin, ils ne survivent pas plus de 48 h.

Tout le cycle (de l'œuf à l'adulte) se réalise sur l'animal, sans passage par le milieu extérieur. La femelle commence à pondre dans les 24h suivant l'accouplement, qui a précédé ou succédé le repas sanguin. Les œufs (ou « lentes ») sont déposés individuellement sur les poils. Dans des conditions optimales, les femelles pondent trois à six œufs par jour. Le cycle complet de développement prend de 3 à 4 semaines. Les adultes vivent environ un mois et il peut y avoir 6 à 12 générations par an (Wooten-Saadi et al., 1987). Les poux adultes ne survivent que quelques heures en dehors de leur hôte.

4.2.6.2 Rôle vecteur des poux

4.2.6.2.1 *Transmission vectorielle d'agents pathogènes*

Les poux peuvent transmettre de nombreux agents pathogènes. Chez le porc, *H. suis* peut-être vecteur de différents agents pathogènes, tels que le virus de la variole porcine ou *Mycoplasma suis*, responsable de l'épérythrozoonose, ainsi que le virus du choléra du porc (ou peste porcine classique) (Doster 1995, Wall 2007).

Malgré la faible mobilité des poux, le passage d'un animal à l'autre est possible. Il a lieu lors de contacts étroits, par exemple lors du coït, de la lactation (de la mère aux petits), de l'accès à la mangeoire, ou en cas de partage de matériel ou de densité importante. Ainsi, l'introduction d'un animal infesté dans un lot peut être suivie de l'infestation de tous les animaux du même lot en quelques jours (Wooten-Saadi et al., 1987).

4.2.6.2.2 Transmission vectorielle du virus de la PPA

Dans la littérature, un seul article (en espagnol) fait mention du rôle potentiel des poux dans la transmission du virus de la PPA. Sanchez-Botija et al. (1966) ont infecté un porc sain en déposant sur sa peau 50 poux vivants préalablement collectés sur un porc ayant succombé à la maladie. Après avoir développé une leucopénie, l'animal est mort 42 jours après l'infestation par les poux. Les signes cliniques observés dans les 48h précédant la mort de l'animal correspondaient à une inappétence et à une hyperthermie à 42°C.

Cette étude, datant des années 60, semble indiquer que le pou serait capable de transmettre le virus de la PPA. Cependant, l'expérimentation n'a été réalisée que sur un seul animal et mériterait d'être répliquée avec davantage d'animaux et de contrôles.

En résumé, il existe très peu de données dans la littérature sur la possibilité d'une transmission du virus de la PPA par les poux. L'unique publication identifiée est ancienne mais suggère une possible transmission par les poux *H. suis*. Toutefois, ces résultats, en attendant d'être confirmés, doivent être interprétés avec précaution.

4.2.7 Les Siphonaptera

Les puces appartiennent à l'ordre des Siphonaptères, qui compte environ 2 500 espèces et sous-espèces. Ce sont des insectes aptères de petite taille (de 0,5 à 8 mm) et cosmopolites.

4.2.7.1 Éléments de bio-écologie

En France métropolitaine, la répartition des puces est homogène. Les puces évoluent dans des milieux chauds et humides, bien que les larves fuient la lumière et l'ensoleillement direct. Ces dernières sont également très sensibles à la dessiccation, mais résistent bien au froid. La présence et l'abondance de ces ectoparasites dans un milieu donné peuvent être saisonnières, leur nombre augmentant considérablement au cours des mois chauds de l'été (Metzger and Rust 1997).

Le cycle de développement des puces (de l'œuf à la puppe) se déroule dans l'environnement (litière), à proximité immédiate de l'hôte. Dans la puppe, les pré-adultes peuvent rester en dormance au moins six mois, leur éclosion étant déclenchée par des stimuli tels que des trépidations et des dégagements de dioxyde de carbone (CO₂), traduisant la présence d'hôtes à proximité.

Sous nos latitudes, les espèces de puces les plus souvent retrouvées sur les suidés²⁵ appartiennent à la famille des Pulicidae : *Ctenocephalides felis* (communément appelé « la puce du chat ») et *Pulex irritans* (appelée également « la puce de l'Homme ») (Sanchez, Ezquiaga, and Ruiz 2018).

Ctenocephalides felis est une puce très sédentaire au stade adulte qui n'a pas tendance à quitter son hôte. Les transferts de puces entre individus existent, mais sont décrits dans des conditions particulières, notamment chez des chats vivant en collectivité (Beugnet, Fourie, and Chalvet-Monfray 2012). *Ctenocephalides felis* pourra quitter l'hôte lors de la baisse de température corporelle, lors d'anesthésie ou de la mort de l'individu par exemple. Les puces de chat sont également répandues dans des élevages de ruminants en situation confinée.

Pulex irritans a pour réservoir naturel les canidés sauvages, mais les puces de cette espèce sont de plus en plus retrouvées en élevage ovin et caprin et ont également été décrites chez les porcs

²⁵ La puce *Tunga penetrans*, est retrouvée fréquemment sur les porcs, mais n'est pas considérée ici, du fait de sa répartition géographique et de son absence en Europe (présente en Afrique sub-saharienne et Amérique tropicale).

(Privora et al. 1972). La biologie de cette espèce est moins connue. Ainsi, il semblerait que les adultes soient moins sédentaires que ceux de *C. felis* et ne soient présents sur l'hôte qu'au moment du repas sanguin (travaux non publiés, E. Bouhsira). Le transport humain (*via* les habits) d'adultes *P. irritans* a également été décrit (Christodoulopoulos and Theodoropoulos 2003).

En raison de leur faible spécificité d'hôtes, *C. felis* et *P. irritans* peuvent infester différents individus partageant le même milieu.

Chez les puces, les mâles et les femelles sont hémaphages, piquant des homéothermes, principalement des mammifères, et parfois des oiseaux (Moulinier 2002). Le rythme des repas sanguins varie, selon les espèces, de quatre par jour pour les espèces vivant sur l'hôte, à un repas tous les trois à quatre jours pour celles qui sont inféodées à un terrier ou un nid. Elles peuvent procéder à de multiples essais de piqûres avant de se gorger de sang pour choisir l'endroit le plus favorable à leur repas (Marvy 1989). Le repas sanguin dure entre deux et dix minutes (Rothschild 1975). Le volume de sang absorbé est d'environ 1,5 µL chez la femelle et d'environ 1 µL chez le mâle, mais il semble se nourrir plus souvent (Moulinier 2002).

Les puces adultes de *C. felis* ne vivent pas plus de trois à quatre semaines dans le pelage de leur hôte, du fait des réactions de défense de ce dernier (Yao, Ngoran, and Franc 2006). La longévité moyenne de *P. irritans* n'est quant à elle pas bien connue.

4.2.7.2 Rôle vecteur des puces

4.2.7.2.1 *Transmission vectorielle d'agents pathogènes*

Les puces peuvent transmettre de nombreux agents pathogènes tels que des parasites (cestode, filaire), des bactéries et des virus, selon différentes modalités : par la piqûre, par les fèces, par régurgitation ou bien lorsque l'hôte va ingérer la puce infectée.

Les puces des carnivores domestiques sont responsables de la transmission d'agents pathogènes zoonotiques tels que *Bartonella henselae*, agent de la maladie des griffes du chat, et de différentes rickettsies, tels que *Rickettsia felis*, agent de la rickettsiose boutonneuse à puce. *Xenopsylla cheopis*, ou puce du rat, est le vecteur de *Yersinia pestis*, agent de la peste. On peut également citer *Spilopsyllus cuniculi*, puce du lapin, responsable de la transmission du virus de la myxomatose, appartenant à la famille des Poxvirus (Leporipoxvirus), qui est transmis par transmission mécanique.

4.2.7.2.2 *Transmission vectorielle du virus de la PPA*

Aucune mention n'est faite dans la littérature sur le potentiel rôle vectoriel des puces pour le virus de la PPA.

4.2.8 **Les Tabanidae**

Les *Tabanidae* constituent une famille d'insectes diptères renfermant diverses espèces de taons. On compte plus de 4 000 espèces de tabanidés dans le monde dont plus de 200 espèces en Europe. Ces insectes de relativement grande taille (6 à 30 mm) présentent une grande diversité morphologique et biologique.

4.2.8.1 Éléments de bio-écologie

En France métropolitaine, 83 espèces sont présentes et réparties au sein de sept genres : les genres *Silvius*, *Nemorius*, *Chrysops*, *Hybomitra*, *Atylotus*, *Tabanus* et *Haematopota* (Chvála, Lyneborg, and Moucha 1972, Pernot-Visentin and Beaucournu-Saguez 1974).

Les taons sont exophiles et ruraux. Il existe un large spectre de milieux favorables au développement larvaire en fonction des espèces de tabanidés ; les larves de taons pouvant se développer dans la

vase, la végétation des marais et des étangs, en bordure de ruisseaux, sous les rochers des ruisseaux ou sous la litière d'une forêt (Mullen and Durden 2002).

Les adultes ont une durée de vie comprise entre deux et quatre semaines (Chvála, Lyneborg, and Moucha 1972). En Europe, les adultes sont actifs entre fin mai et août-septembre avec un pic d'activité en juin-juillet selon les espèces. Il est à noter que des changements météorologiques saisonniers et la diversité des espèces peuvent augmenter l'abondance des vecteurs et étendre la période de transmission saisonnière (De Liberato et al. 2019, Krcmar 2005).

Seules les femelles sont hématophages, elles sont opportunistes et se nourrissent principalement de sang de grands mammifères (Wilson and Richards 1969, Magnarelli and Anderson 1980). Du fait de leurs gîtes larvaires, très variés et indépendants du bétail, les animaux sauvages constituent, tout comme les animaux d'élevages ou domestiques, des hôtes de choix. Quelques espèces apparaissent inféodées à certains animaux comme par exemple en Australie où certaines espèces semblent spécifiquement attirées par les suidés (Muzari et al. 2010). Cette spécificité n'a pas été décrite en Europe mais très peu d'études similaires ont été réalisées à ce jour.

Les femelles ont un vol puissant et lors de la recherche active d'un hôte, elles peuvent prospecter sur plusieurs kilomètres, en fonction de la disponibilité en hôtes (Mullen and Durden 2002). Les données dans la littérature restent rares mais la dispersion des taons semble être liée à leur état physiologique. Ainsi, des taons marqués ont pu être recapturés à plus de six kilomètres du site de lâcher (Sheppard and Wilson 1976). Des études qui se sont intéressées à la capacité de dispersion des femelles de *Tabanus abactor* suggèrent que les taons se dispersent par une série de vols courts et qu'ils peuvent rester ou revenir sur le site de leur précédent repas de sang. Par ailleurs, Konstantinov (1993) estime le vol quotidien moyen d'un *Hybomitra* sp., à environ un kilomètre, avec un maximum de deux kilomètres. Dans le cadre de l'étude de la propagation éventuelle du virus de l'anémie infectieuse équine, Lempereur et al. (2018) ont pu observer un vol d'une distance maximale de 100 et 200 mètres lorsque que les *Haematopota* spp. étaient respectivement partiellement ou totalement gorgés. Barros and Foil (2007) ont démontré au Brésil qu'après l'interruption de leur repas, 40 % des taons revenaient sur le cheval d'origine alors que le pourcentage de taons partiellement gorgés passant d'un cheval à l'autre était de 11 % pour une distance de cinq mètres, 4,6 % pour une distance de 25 mètres entre les chevaux. Aucun transfert (0 %) n'était observé à une distance de 50 mètres.

Ainsi, les taons semblent susceptibles de parcourir de longues distances, mais en cas de disponibilité d'hôtes à proximité, ils ne se dispersent probablement pas beaucoup. Dans le cas où un taon a préalablement initié son repas sanguin sur un hôte, en raison de son caractère "harcelant", il aura tendance à revenir sur ce même hôte afin de terminer son repas. Ainsi, le transfert d'un hôte à l'autre sera principalement déterminé par la distance qui les sépare.

Les tabanidés se nourrissent généralement la journée, à l'exception de *T. paradoxus* considéré comme la seule espèce nocturne en Europe (Chvála, Lyneborg, and Moucha 1972, Chvala 1979). Les femelles de taons possèdent le plus souvent un seul pic d'activité dans la journée, généralement vers midi, mais certaines espèces peuvent être plus actives en début ou en fin d'après-midi, voire en début de soirée (Chvala 1979, McElligott and Galloway 1991, Oliveira, Ferreira, and Rafael 2007). Cependant, leur activité est très dépendante des conditions climatiques, et les espèces de taons répondent différemment aux fluctuations météorologiques (Van Hennekeler et al. 2011).

La taille du repas sanguin peut varier de 20 µL pour les espèces les plus petites à 600 µL pour les plus grosses (Hollander and Wright 1980).

4.2.8.2 Rôle vecteur des Tabanidae

4.2.8.2.1 *Transmission vectorielle d'agents pathogènes*

Chez les taons, l'intervalle entre les repas sanguins est long, entre cinq à sept jours, ce qui est une durée supérieure à la survie de la plupart des agents pathogènes (Foil and Hogsette, 1994). Néanmoins, les tabanides sont connus pour être les vecteurs biologiques de filaires, dont la

principale est *Loa loa*²⁶ et de *Trypanosoma theileri* (un parasite cosmopolite du bétail) qui peut aussi être transmis mécaniquement (Bose et al. 1987, Cross, Smith, and Redman 1971). Les *Tabanidae* sont cependant principalement connus pour être des vecteurs mécaniques d'agents pathogènes (Krinsky 1976). Ainsi, la transmission mécanique a été documentée pour des virus tels que le virus de l'anémie infectieuse équine, des bactéries, comme *Anaplasma marginale* ou encore des protozoaires.

4.2.8.2 Transmission vectorielle du virus de la PPA

Aucune donnée de la littérature ne permet de statuer sur le rôle des *Tabanidae* dans la transmission ou la propagation du virus de la PPA bien que celui-ci ait été évoqué à plusieurs reprises (Olesen et al. 2018b, EFSA 2018, Olesen et al. 2018). À l'heure actuelle, aucun insectarium n'a réussi à recréer le cycle des tabanidés en conditions artificielles et il n'existe à notre connaissance aucun élevage artificiel de tabanidés. Cela explique en partie l'absence de démonstration expérimentale de la compétence vectorielle des tabanidés vis-à-vis du virus de la PPA.

4.2.9 Autres arthropodes hématophages présents en France métropolitaine

Selon l'avis des experts du GT, les principales espèces pouvant être impliquées dans la transmission du virus de la PPA ont été traitées ci-dessus. Les experts du GT ont tout de même choisi de mentionner ici d'autres arthropodes hématophages également présents en France métropolitaine, bien qu'*a priori* (très peu de données sur leur biologie dans la littérature) ils ne présentent pas de préférence trophique pour les suidés.

Des espèces comme *Haematobosca stimulans* ou *Haematobosca atripalpis*, présentes en France métropolitaine mais pour lesquelles très peu d'éléments de leur biologie sont actuellement connus, pourraient peut-être jouer un rôle dans la transmission du virus pour les suidés sauvages. *Haematobosca stimulans* est une mouche cosmopolite de petite taille qui préfère les basses températures (8-22°C). Sous nos latitudes, elle sera donc plus présente au printemps et en automne. Elle est principalement associée aux bovins, rarement aux chevaux et à notre connaissance n'a pas été décrite chez le porc (Zumpt, 1973). Les adultes sont actifs surtout la journée durant laquelle ils se retrouvent sur l'hôte alors qu'ils passeront la nuit sur la végétation. La transmission mécanique entre animaux est peu probable en raison du caractère sédentaire et de la petite taille de ces mouches (Duvallet et al., 2017). Leur compétence vectorielle relative à la PPA n'a pas été évaluée.

D'autres espèces telles que *Haematobia irritans irritans* peuvent également être notifiées. Cette mouche piqueuse joue un rôle important pour les bovins en Europe et *Haematobia irritans exigua* est connue en Asie du Sud-Est notamment pour se gorger sur les suidés. *H. irritans*, cosmopolite en Europe, est appelée aussi « mouche des cornes ». Cette mouche de petite taille est sédentaire et reste en quasi permanence sur le dos des animaux où elle peut jouir de leur température et humidité. La ponte se fera directement dans les bouses fraîches émises, ce qui explique la sédentarité de ces mouches. Elles sont actives surtout la nuit et de nombreux repas (20 à 30 repas par jour) sont nécessaires pour permettre la production d'œufs. *H. irritans* a de grandes possibilités de transmission d'agents pathogènes par la fréquence potentiellement élevée de ses repas. La

²⁶ Agent de la loase humaine dans les forêts tropicales d'Afrique.

transmission mécanique de virus tel que le virus de la leucose enzootique bovine a été validée expérimentalement (Panei et al. 2019). La compétence vectorielle relative à la PPA n'a pas été évaluée. Cependant une transmission du virus entre animaux est rendue peu favorable dans la nature par le caractère sédentaire sur le même animal et la petite taille de cette mouche, limitant notamment la quantité de sang potentiellement résiduelle sur les pièces buccales (Duvallat et al., 2017).

4.3 Hiérarchisation du rôle relatif des arthropodes hématophages susceptibles d'être impliqués dans la transmission du virus de la PPA en France métropolitaine

Devant l'absence ou le peu de données concernant le risque relatif que des arthropodes hématophages présents en France métropolitaine puissent représenter des vecteurs potentiels du virus de la PPA, le GT « vecteurs PPA » a mis en œuvre un exercice de hiérarchisation. Comme énoncé dans le § 2.4, la méthode et le déroulement de l'élicitation d'opinion d'experts sont décrits dans l'Annexe 4.

L'objectif de ce travail était de hiérarchiser le rôle relatif de neuf familles/genres d'arthropodes hématophages (Encadré 2²⁷; présentés dans le § 4.2) susceptibles d'être impliqués dans la transmission du virus de la PPA aux porcs domestiques et aux sangliers en France métropolitaine en prenant en compte dix critères (Encadré 3).

Encadré 3 : Les critères à prendre en compte pour estimer la probabilité d'être vecteur du virus de la PPA en France métropolitaine :

- Compétence vectorielle ;
- Abondance vectorielle actuelle ;
- Taux de piqûre (nombre de repas par unité de temps) ;
- Préférences trophiques pour les suidés ;
- Probabilité de contact de l'arthropode hématophage avec des suidés sauvages.
- Probabilité de contact de l'arthropode hématophage avec des porcs domestiques
- Capacité de dispersion de l'arthropode (domaine vital de l'arthropode) ;
- Survie de l'arthropode (sa longévité) ;
- Abondance vectorielle à venir²⁸ (tendance temporelle) ;
- Répartition vectorielle à venir²⁹ (tendance spatiale).

4.3.1 Taux de réponse et compétences mobilisées par les experts

Parmi les 27 experts sollicités, 14 ont répondu favorablement, soit un taux de réponse de 52 % (Annexe 9). La Figure 5 représente un nuage de mots correspondant aux connaissances mobilisées dans le cadre de cette élicitation d'experts. Elle a été constituée sur la base des trois mots-clés caractérisant chaque expert élicité.

²⁷ Pour rappel : culicoïdes ; Moustiques (genres *Aedes*, *Culex* et *Anopheles*) ; Phlébotomes ; Poux (*Haematopinus suis*) ; Puces (*Ctenocephalides felis* et *Pulex irritans* ; Stomoxes (*Stomoxys calcitrans*) ; Tabanidés ; Tiques dures (genres *Ixodes*, *Rhipicephalus*, *Haemaphysalis*, *Hyalomma* et *Dermacentor*) ; Tiques molles du genre *Ornithodoros* (*O. erraticus*, *O. moubata*, *O. verrucosus*).

²⁸ Ce critère visait à savoir si une tendance à l'augmentation ou la diminution de l'abondance vectorielle était attendue en France métropolitaine dans les prochaines années.

²⁹ Ce critère visait à savoir si une tendance à coloniser un espace plus étendu ou restreint était attendue en France métropolitaine dans les prochaines années.

L'absence ou le peu de connaissances sur les différences de compétence vectorielle pour le virus de la PPA entre les différents arthropodes a des répercussions sur les résultats de cet exercice de priorisation.

Le fait que « la compétence vectorielle », qui est un facteur extrêmement important ait reçu approximativement le même score pour tous les arthropodes fait que les vecteurs potentiels ont été hiérarchisés uniquement sur la base de facteurs extrinsèques à même de favoriser une potentielle propagation de la PPA. Ceux classés comme les plus importants, parmi ces facteurs sont par ordre décroissant : l'abondance, le taux de piqûre, les préférences trophiques pour les suidés et la probabilité de contact de l'arthropode hématophage avec son hôte (porc domestique et/ou sanglier).

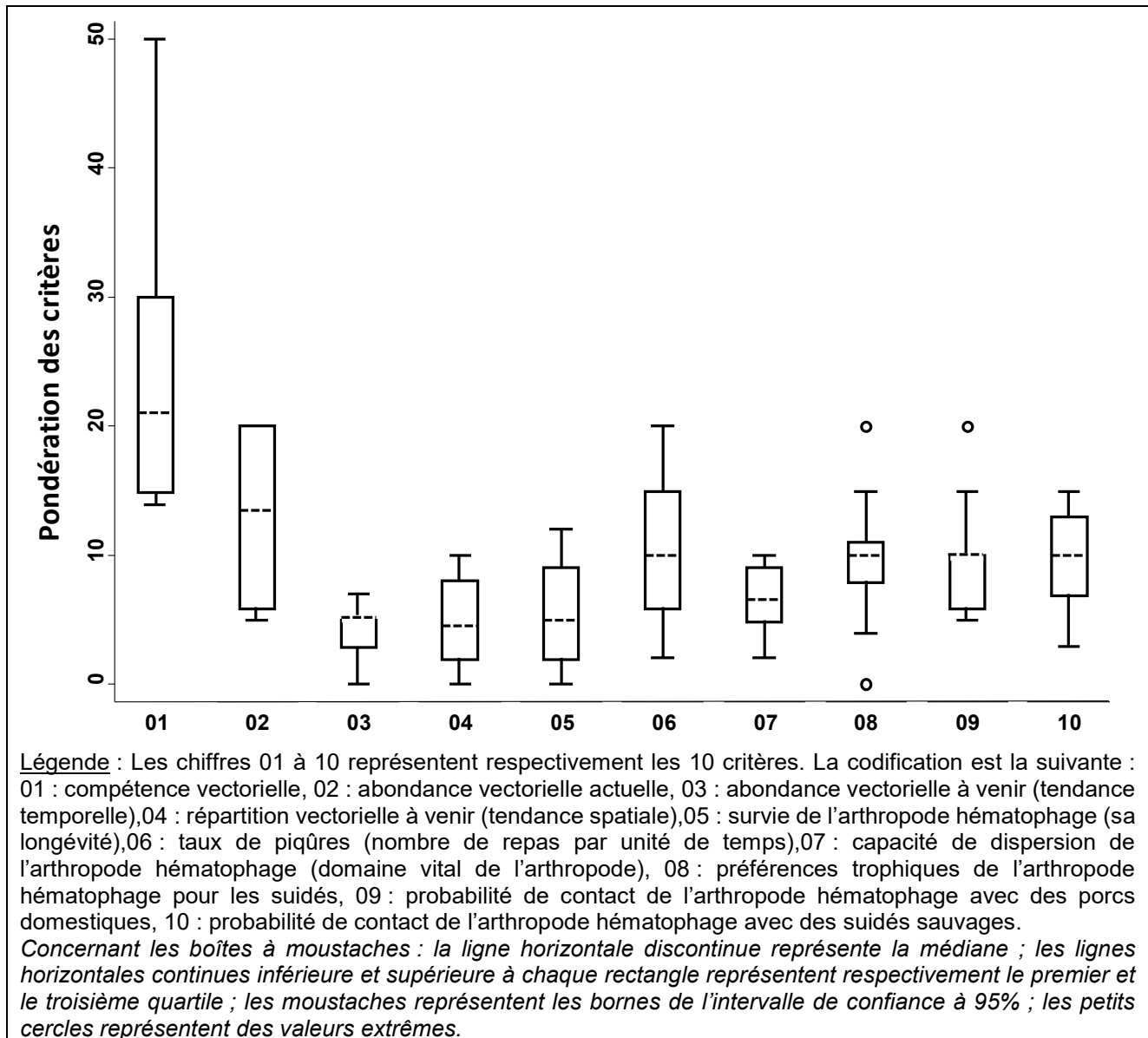
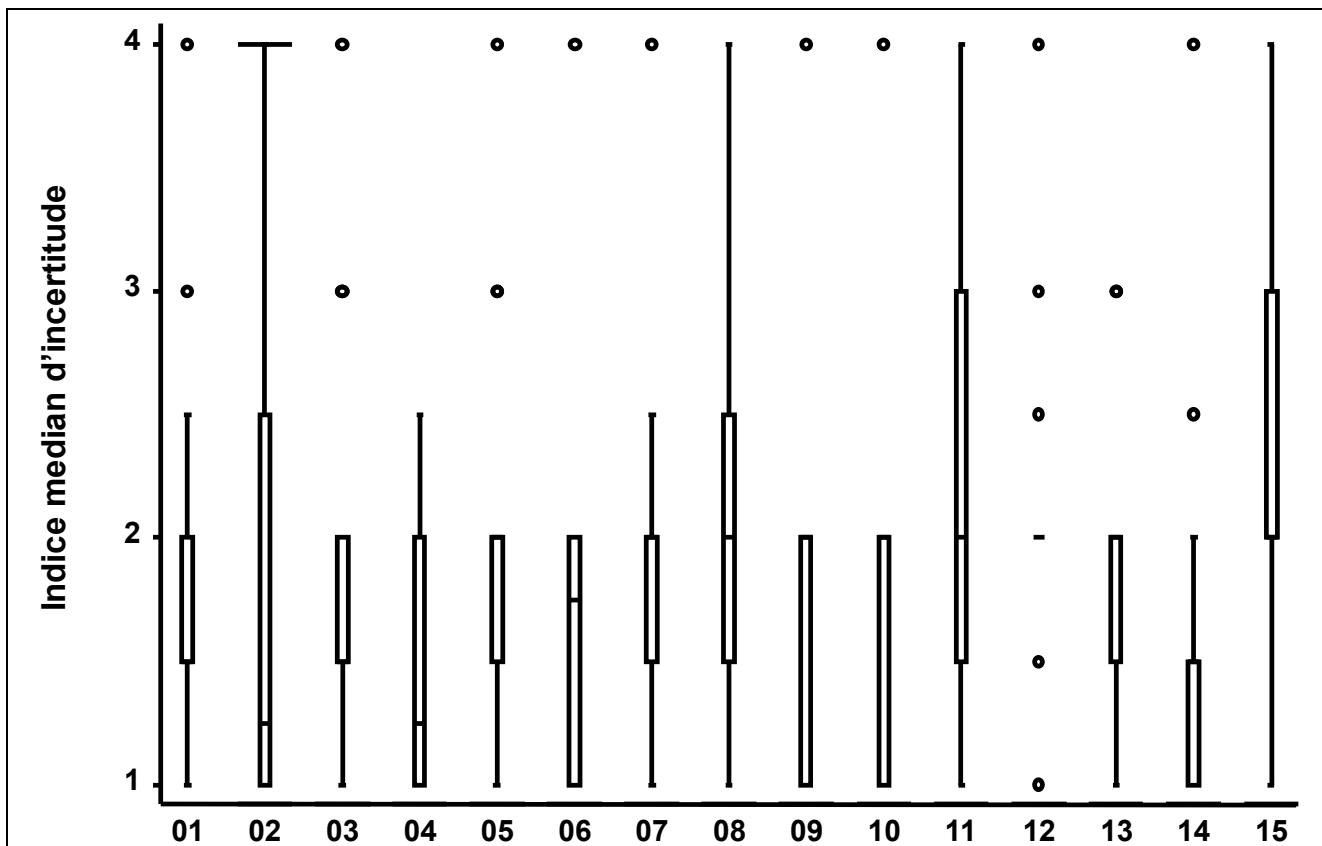


Figure 6 : Pondération des critères intervenant dans la capacité vectorielle donnée par les experts élicités

4.3.3 Indices médians d'incertitude sur la notation des critères

Un indice médian d'incertitude (ii) associé aux différentes notes des critères de la capacité vectorielle pour chaque famille/genre d'arthropodes hématophages a été calculé. La figure 7 agrège et présente ces résultats sous forme de « boîtes à moustaches ».



Légende : Les chiffres 1 à 4 sur l'axe des ordonnées représentent respectivement les indices médian d'incertitude ; 1 : faible ; 2 : moyen ; 3 : élevée ; 4 : absence de donnée. Les détails sont présentés dans le Tableau 11. Sur l'axe des abscisses, les chiffres 01 à 15 représentent respectivement les 15 familles/genres d'arthropodes hématophages considérés. La codification est la suivante :

- 01 : *O. erraticus*,
- 02 : *O. moubata*,
- 03 : *O. verrucosus*,
- 04 : stomoxes (*Stomoxys calcitrans*),
- 05 : tabanidés,
- 06 : tiques du genre *Ixodes*,
- 07 : tiques du genre *Rhipicephalus*,
- 08 : tiques du genre *Haemaphysalis*,
- 09 : tiques du genre *Hyalomma*,
- 10 : tiques du genre *Dermacentor*,
- 11 : culicoïdes,
- 12 : phlébotomes,
- 13 : moustiques (*Aedes*, *Culex*, *Anopheles*),
- 14 : poux (*Haematopinus suis*),
- 15 : puces (*Ctenocephalides felis*, *Pulex irritans*).

Concernant les boîtes à moustaches : la ligne horizontale discontinue représente la médiane ; les lignes horizontales continues inférieure et supérieure à chaque rectangle représentent respectivement le premier et le troisième quartile ; les moustaches représentent les bornes de l'intervalle de confiance à 95% ; les petits cercles représentent des valeurs extrêmes.

Figure 7: Indice médian d'incertitude pour les critères de la capacité vectorielle des arthropodes hématophages considérés

Globalement, l'indice médian d'incertitude est, le plus souvent, de l'ordre de 2 (indice moyen) excepté pour les culicoïdes et les puces (*Ctenocephalides felis*, *Pulex irritans*), pour lesquels il est globalement de 3 (indice élevé).

4.3.3.1 Ordonnement³⁰ des arthropodes hématophages

Pour chaque expert et pour chaque arthropode hématophage, une note pondérée globale des 10 critères a été calculée. Cette somme tient compte des notes et de la pondération des critères de chaque expert (Annexe 10). La Figure 8 agrège et présente ces résultats sous forme de « boîtes à moustaches ».

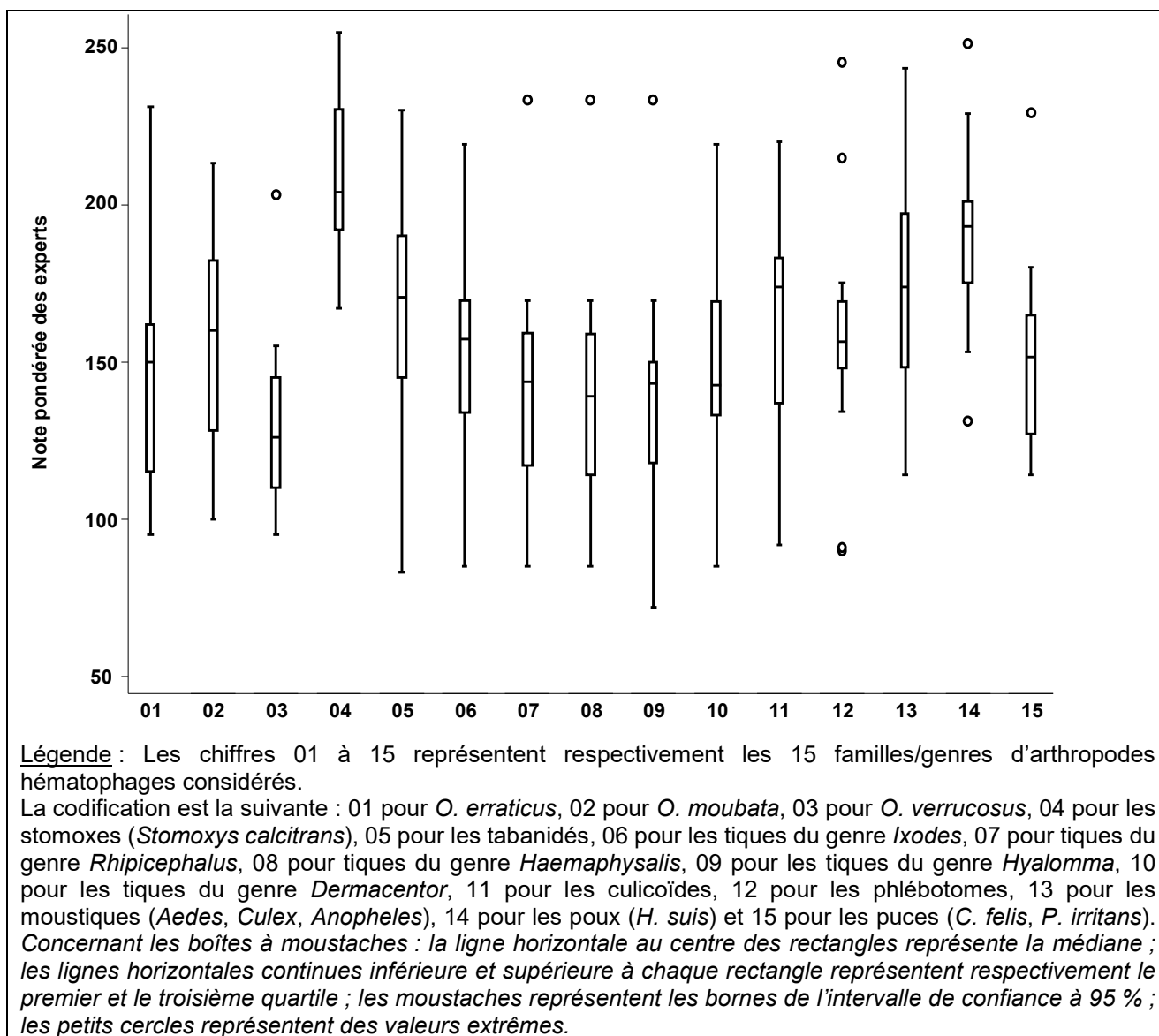


Figure 8 : Note globale pondérée permettant d'ordonner les 15 familles/genres d'arthropodes hématophages considérés

³⁰ Ordonnement : agencement méthodique.

D'après le test non-paramétrique de Kruskal-Wallis³¹ (State SE 14.2 ; StataCorp, College Station, Texas, USA), les médianes des notes pondérées des experts pour les différents genres/familles d'arthropodes hématophages ne sont pas égales ($\chi^2_{(14 \text{ degrés de liberté} ; \alpha = 0,05)} = 59,935 ; p = 0,0001$). Les trois familles/genres d'arthropodes hématophages ayant obtenu les notes médianes les plus importantes sont les stomoxes (*Stomoxys calcitrans*), les poux (*Haematopinus suis*) et les moustiques (*Aedes*, *Culex*, *Anopheles*).

4.3.3.2 Discussion des résultats de l'élicitation

Ainsi, d'après l'élicitation d'experts, les stomoxes, les poux et les moustiques sont les familles/genres apparaissant comme les arthropodes les plus favorables à la transmission du virus de la PPA en France métropolitaine.

Quelques données expérimentales mettent en évidence le rôle des stomoxes en tant que vecteurs mécaniques du virus de la PPA. Les moustiques et les poux sont, quant à eux, parmi les vecteurs les plus abondants et connus pour être capables de se nourrir sur des suidés. Concernant *Haematopinus suis*, il semble pouvoir transmettre le virus de la PPA en conditions expérimentales (Sanchez Botija and Badiola 1966). Toutefois, il est peu mobile et nécessite un contact étroit entre suidés (ex. coït, densité animale très importante) pour passer d'un animal à un autre et transmettre le virus. Leur rôle dans la transmission du virus de la PPA en conditions réelles est donc probablement mineur. Concernant les moustiques, Hameed *et al.* (2019) ont montré que des moustiques des genres *Aedes*, *Anopheles* et *Culex* pouvaient se gorger sur des porcs. Dans le cadre d'une étude pilote, Herm *et al.* (2019) ont par ailleurs identifié des séquences d'ADN du virus de la PPA dans des échantillons de moustiques collectés dans un élevage estonien dans lequel les porcs étaient contaminés par le virus. Cependant, ces résultats ne permettent pas de conclure à un rôle des moustiques dans la transmission de celui-ci. Des études complémentaires sur le sujet sont nécessaires.

Selon les experts du GT, les culicoïdes et les tabanidés, bien qu'ayant obtenus une note médiane de moindre importance dans l'exercice d'ordonnancement, méritent également une certaine attention.

Les culicoïdes sont classés en quatrième position de l'élicitation. Il a été démontré qu'ils pouvaient se nourrir sur des porcs (Bartsch *et al.* 2009) mais également qu'ils étaient présents dans des élevages porcins (Zimmer *et al.* 2014, Oke, Oke, and Adejinmi 2017, Kirkeby *et al.* 2013). Aussi, dans l'hypothèse où les culicoïdes seraient des vecteurs compétents pour le virus de la PPA, c'est principalement leur abondance élevée qui contribuerait à leur capacité vectorielle. Même si le virus de la PPA était capable de se répliquer et d'être disséminé dans seulement un pourcentage limité d'une population de culicoïdes (faible compétence vectorielle), leur abondance élevée pourrait permettre à un nombre suffisant de culicoïdes d'être infectés et de transmettre la maladie. Toutefois, il convient de considérer que les volumes de sang prélevés par un seul individu sont très faibles, faisant qu'un repas sanguin sur un hôte avec une faible virémie pourrait ne pas entraîner l'ingestion d'une dose de virus suffisante pour démarrer une réplication et une dissémination du virus dans le vecteur. Par ailleurs, étant responsables d'infestations massives, les culicoïdes pourraient jouer un rôle dans la transmission mécanique du virus de la PPA. Étant donné leur rôle avéré dans la transmission du virus de la fièvre catarrhale ovine ou encore du virus de Schmallenberg, des études seraient nécessaires pour investiguer leur possible rôle dans la transmission du virus de la PPA.

³¹ C'est un test non-paramétrique qui s'intéresse aux médianes des notes pondérées attribuées par les experts pour chacun des genres/familles d'arthropodes hématophages. L'hypothèse nulle est : toutes les médianes des notes pondérées pour les différents genres/familles d'arthropodes hématophages sont les mêmes et il s'agit d'une seule et même population.

Les tabanidés, quant à eux, n'arrivent qu'en cinquième position du classement suite à l'élicitation. Cependant, leur rôle potentiel dans la transmission du virus de la PPA est soulevé par plusieurs auteurs (Costard et al. 2013, Olesen et al. 2018a). En effet, ce sont des vecteurs d'importance en santé animale, qui transmettent de nombreux agents pathogènes, dont des virus (comme évoqué dans le § 4.2.8.2). Ils sont largement présents dans les environnements forestiers et peuvent se nourrir sur des suidés. En raison de l'existence de nombreux repas interrompus et de leurs larges pièces buccales, où des volumes de sang résiduels peuvent être relativement importants après un repas sanguin, une transmission vectorielle mécanique est envisageable. Cependant, l'intervalle de temps entre deux repas sanguins (entre cinq et sept jours), plus long que chez les stomoxes (entre quatre heures et quatre jours) peut être suffisant pour que les pièces buccales aient été nettoyées de tout sang résiduel. Ainsi, des études complémentaires sont nécessaires pour investiguer leur rôle potentiel dans la transmission du virus de la PPA chez les suidés.

4.4 Modélisation de la transmission du virus de la PPA par des stomoxes

Suite à l'exercice de priorisation, il apparaît que les stomoxes sont perçus comme étant associés au risque le plus élevé de représenter des vecteurs potentiels du virus de la PPA. Comme indiqué dans le § 2.5, le GT a ainsi choisi dans ce rapport d'envisager par modélisation deux scénarios de diffusion du virus de la PPA par le biais de ces arthropodes.

Dans un premier temps, les experts du GT ont étudié la contribution des stomoxes à la transmission du virus dans **un scénario de diffusion du virus en intra-élevage** en développant un modèle mécaniste de transmission du virus entre porcs (voir Annexe 5 pour le développement et la paramétrisation du modèle, un résumé du développement est présenté dans l'Encadré 4 ci-dessous). Dans un second temps, le GT s'est intéressé à la possibilité d'introduction du virus en élevage par les stomoxes en se plaçant dans **un scénario de diffusion du virus de la faune sauvage à un élevage**. Pour cela, un modèle probabiliste quantitatif d'estimation du risque a été développé (voir Annexe 6 pour le développement et la paramétrisation du modèle).

4.4.1 Quantification de l'importance relative de la transmission vectorielle mécanique de la PPA au sein d'un élevage de porcs

Encadré 4 : Modèle mécaniste de transmission du virus entre porcs

Le modèle mécaniste de transmission du virus entre porcs (développé en Annexe 5) comprend une voie de transmission par contact direct (voie la plus commune) et une voie de transmission par l'intermédiaire des stomoxes jouant le rôle de vecteurs mécaniques afin de faire une comparaison des importances relatives des deux voies. Il a été appliqué à un contexte d'élevage ayant un parcours extérieur. Le modèle considère un élevage comprenant une population de 200 porcs, quel que soit leur âge (les porcs peuvent passer successivement par trois états : susceptible (S_c), infecté (E_c) et infectieux (I_c)) et une population de stomoxes présents dans l'élevage (les stomoxes passent par deux états : sain (S_v) et infectant (I_v)).

4.4.1.1 Transmission par contact direct entre porcs

En considérant uniquement la transmission directe, donc sans transmission vectorielle et en tenant compte de l'incertitude sur la valeur des paramètres de transmission directe, les dynamiques épidémiques moyennes du virus de la PPA dans un élevage de 200 porcs peuvent être représentées par la Figure 9. De manière générale, le nombre moyen de porcs infectieux augmente progressivement pendant une vingtaine de jours avant d'augmenter plus rapidement et d'atteindre un pic épidémique entre 43 et 59 jours post-introduction (intervalle inter-quartile, médiane = 49). Le

nombre moyen de porcs morts atteint 10 % de la taille de l'élevage (20 porcs) au bout d'une durée allant de 28,6 à 36,9 jours (IQQ, médiane = 31,6). Ce schéma est tout à fait compatible avec les observations de terrain qui mettent en avant le caractère non-explosif d'un épisode de PPA dans les premières semaines (Boklund et al. 2018).

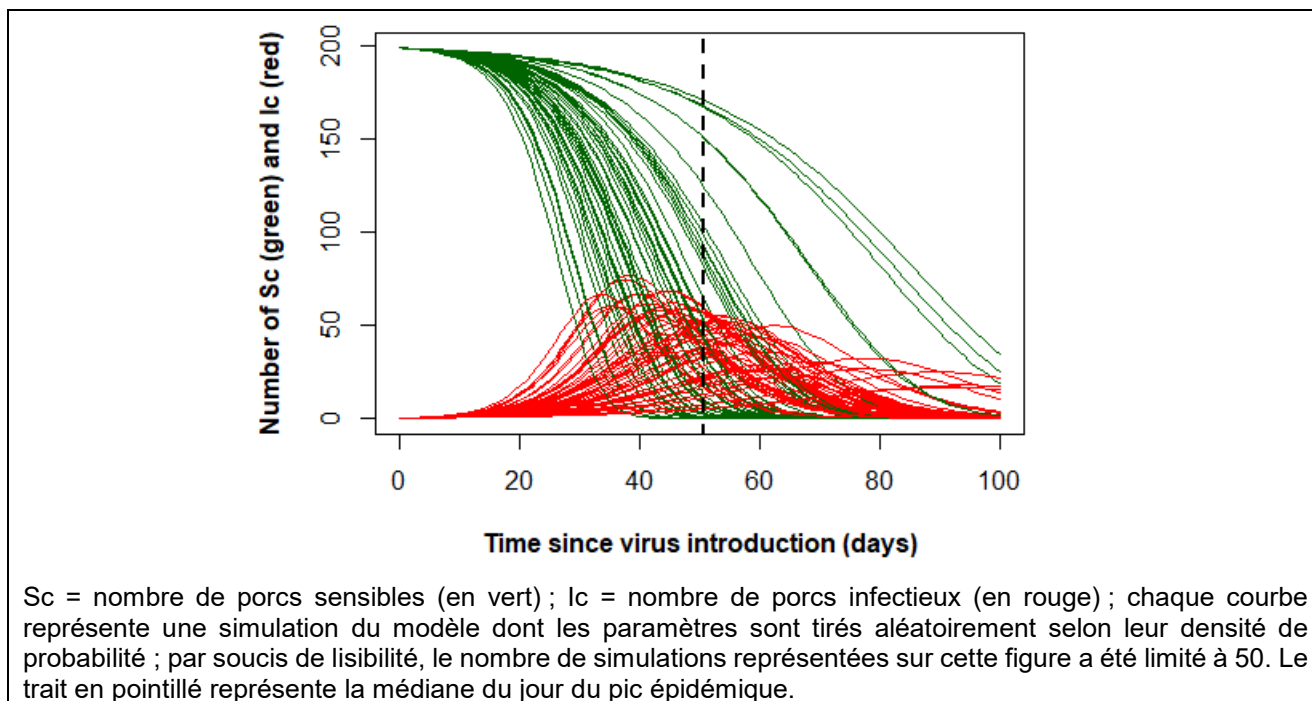


Figure 9 : Simulations de la dynamique épidémique moyenne attendue du virus de la PPA en élevage de porc en ne prenant en compte qu'un mode de transmission par contact direct entre porcs

4.4.1.2 Transmission vectorielle mécanique par les stomoxes

Les résultats des simulations étant sensibles au ratio stomoxes/porc, une discussion sur le choix et la définition de ce ratio est présentée ci-dessous dans l'Encadré 5.

Encadré 5 : Infestation en élevage et définition des ratios stomoxes/porc

Infestation en élevage

Dans la littérature, concernant les élevages porcins, une seule publication identifiée par les experts rapporte une densité de stomoxes de trois à sept stomoxes par porc dans des nurseries porcines confinées (Moon, Jacobson, and Cornelius 1987).

Dans des cas d'infestations sévères en élevage bovin, dans des régions tropicales où les conditions climatiques sont optimales pour le développement des stomoxes, des « hyper abondances » sont rapportées. Ainsi, dans des élevages bovins réunionnais des abondances de stomoxes avec plusieurs millions de mouches par élevage et plusieurs milliers de piqûres par animal et par jour ont été rapportées (Bouyer et al. 2011).

Facteurs influençant l'abondance des stomoxes en élevage

De manière générale, les principales espèces attractives pour les stomoxes sont les chevaux, les ânes, puis les bovins. Il est vraisemblable que la présence de ces espèces animales à proximité d'un élevage porcin peut influencer l'abondance des stomoxes.

La conduite d'élevage peut également influencer le nombre de stomoxes dans un élevage. Le lisier et les fumiers possèdent un pouvoir attractif sur les stomoxes et participent à leur prolifération dans un élevage. Le mode de gestion des effluents est donc essentiel pour expliquer l'abondance de

stomoxes au sein des élevages (Gilles 2005, Pannequin 2009). Ainsi, les fèces pures ou le fumier exposé aux intempéries ne sont pas propices à la ponte des stomoxes (Bouyer et al. 2011). De même, un lisier homogène et liquide n'est pas propice à leur présence, alors qu'un fumier ou un lisier où des croûtes auraient tendance à se former (notamment dans les élevages d'engraissement sur caillebotis) sont plus favorables au développement des stomoxes.

Définition des ratios

Différents scénarios de niveau d'infestation de l'élevage par les stomoxes ont été considérés, en faisant varier les ratios stomoxes/porc de 5 à 100 (5, 10 ; 20, 50 et 100).

Il est important de souligner que ces ratios ne correspondent pas au nombre moyen de stomoxes présents sur un porc à un moment donné, mais bien au nombre moyen de stomoxes par porc présents au sein de l'élevage (rapporté à la taille de l'élevage) et disponibles pour la transmission. Cet effectif combine donc les stomoxes présents sur les porcs et ceux présents dans l'environnement direct des porcs.

La valeur du ratio de 5 choisie correspond aux chiffres avancés dans la seule publication identifiée rapportant des densités de stomoxes en élevage de porcs. La valeur maximale du ratio, 100, est considérée comme un niveau d'infestation très élevé dans des élevages de bovins ou de chevaux.

Dans le scénario de référence, avec une dose infectante à 10 HAD₅₀, une probabilité de régurgitation par les stomoxes de 0,05 et un volume de sang régurgité de 40 nL ont été considérés.

Les résultats suggèrent que, avec une abondance faible à modérée, donc présentant un ratio stomoxes/porc inférieur à 20, les stomoxes pourraient jouer un rôle mineur dans la diffusion du virus de la PPA dans un élevage ayant un parcours extérieur avec moins de 7 % des événements d'infection qui pourraient être dus à la transmission vectorielle mécanique. Cette implication ne modifierait quasiment pas la dynamique épizootique du virus au sein de l'élevage, avec une avancée du pic épizootique vraisemblablement inférieure à quatre jours (Tableau 4).

Tableau 4 : Résultat des simulations relatives à l'évaluation de l'importance potentielle d'une transmission vectorielle mécanique par des stomoxes dans des élevages avec parcours extérieurs pour différents scénarios de densité de stomoxes. Ces résultats ont été calculés sur la base de 500 simulations par scénario.

Ratio stomoxes/porc	Raccourcissement du temps pour atteindre une mortalité cumulée = 10 % par rapport à une situation sans stomoxes (intervalle inter-quartile)	Raccourcissement du temps au pic épidémique par rapport à une situation sans stomoxes (intervalle inter-quartile)	Contribution relative aux événements d'infection (intervalle inter-quartile)	Expression qualitative de la contribution relative aux événements d'infection
5	0,4 jours (0,3 – 0,6)	0,6 jours (0,4 – 1,1)	1,3% (1,0 – 1,7)	Peu élevée
10	0,7 jours (0,5 – 1,1)	1,3 jours (0,8 – 2,1)	2,5% (1,9 – 3,2)	Peu élevée
20	1,4 jours (1,0 – 2,2)	2,5 jours (1,6 – 4,0)	5,2% (4,1 – 6,6)	Assez élevée
50	3,1 jours (2,2 – 4,9)	5,7 jours (3,8 – 9,3)	11,7% (9,4 – 14,8)	Assez élevée
100	5,7 (4,2 – 8,3)	10,3 jours (7,3 – 15,5)	21,9% (17,7 – 26,6)	Élevée

Pour des densités de stomoxes plus élevées (ratio stomoxes/porc \geq 50), leur contribution serait plus importante. Ainsi, avec une abondance élevée de 100 stomoxes par porc, le temps pour atteindre une mortalité cumulée de 10 % ainsi que le pic épizootique pourraient respectivement survenir de 4,2 à 8,3 jours et de 7,3 à 15,5 jours (IQQ, médiane = 10,3 jours) plus tôt qu'en l'absence de transmission vectorielle mécanique par les stomoxes. Dans ces mêmes conditions d'abondance

élevée de stomoxes, la part relative de la transmission vectorielle mécanique a été estimée entre 17,7 % et 26,6 % (IIQ, médiane à 21,9 %) du nombre total d'évènements d'infection, les autres infections survenant selon un mode de transmission par contact direct (Tableau 4). La Figure 10 illustre ces différences de dynamique épidémiologique entre une situation sans stomoxe (transmission directe uniquement) et une situation où des stomoxes sont présents à raison de 50 stomoxes par porc.

Il semble donc que la transmission vectorielle mécanique par les stomoxes pourrait jouer un rôle modéré dans la diffusion du virus de la PPA entre porcs dans les élevages ayant un parcours extérieur, notamment dans des contextes d'infestation importante de l'élevage par les stomoxes.

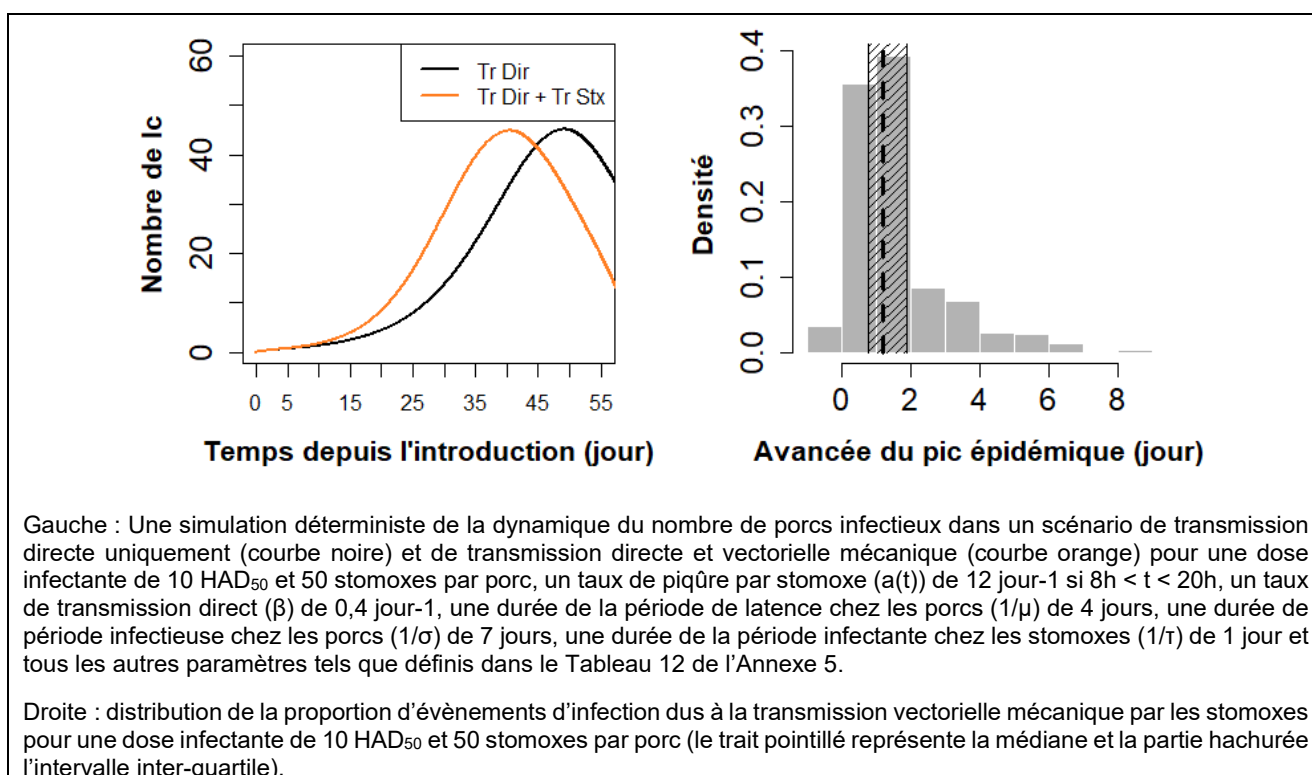


Figure 10 : Simulations de la dynamique épidémiologique attendue du virus de la PPA en élevage de porc, prenant en compte des modes d'infection par contact direct et par transmission vectorielle mécanique par les stomoxes, dans des élevages où les conditions sont favorables au développement des stomoxes

4.4.1.3 Analyse de sensibilité

L'analyse de sensibilité montre que ces résultats sont très sensibles à la valeur de la dose infectante, ainsi qu'au volume de sang régurgité par les stomoxes. Ces deux paramètres interviennent dans la probabilité qu'un porc s'infecte s'il est piqué par un stomoxe infectant. Ainsi, si la dose infectante est augmentée à 20 HAD₅₀ (*i.e.* multipliée par 2 par rapport au scénario de référence présenté ci-dessus), la probabilité que le sang ingéré dans le jabot d'un stomoxe comprenne au moins une dose infectante (b_2) devient inférieure à 10^{-8} et la transmission vectorielle mécanique ne contribue aux évènements d'infection qu'à raison de moins de 0,1 %, même pour des ratios stomoxes/porc de 100. De la même manière, si le volume régurgité par un stomoxe est de 20 nL (*i.e.* divisé par 2 par rapport au scénario de référence présenté ci-dessus), la transmission vectorielle mécanique par les stomoxes devient négligeable.

En revanche, s'il s'avérait que la dose infectante pouvait descendre à 1 HAD₅₀, la transmission vectorielle mécanique pourrait jouer un rôle extrêmement important dans la diffusion du virus de la PPA entre porcs d'un élevage avec un parcours extérieur. Ainsi, même pour un ratio stomoxes/porc de 5, la transmission vectorielle mécanique par les stomoxes pourrait contribuer à hauteur de 61 % (IQQ : 54 – 67) aux événements d'infection et avancer le jour où la mortalité cumulée atteint 10 % de 15,1 jours (IQQ : 11,8 – 19,3) par rapport à un contexte sans stomoxe.

Les résultats présentés dans le Tableau 4 sont aussi sensibles, mais dans une bien moindre mesure, à la probabilité de régurgitation des stomoxes. Ainsi, pour un ratio stomoxes/porc de 50, lorsque cette probabilité de régurgitation est diminuée à 0,01 (*i.e.* divisée par 5 par rapport au scénario de référence présenté ci-dessus), la contribution de la transmission vectorielle mécanique diminue à 2,6 % (IQQ : 2,0 – 3,3).

Enfin, les experts ont également fait varier **la taille de l'élevage** de 200 à 500 et 1 000 individus et ont validé que la contribution relative aux événements d'infection ne varie pas en fonction du nombre de porcs présents dans l'élevage.

Il ressort de cette analyse de sensibilité que la valeur de la dose infectante ainsi que, dans une moindre mesure, le volume de sang régurgité sont des paramètres clés pour apprécier de manière précise la contribution potentielle des stomoxes dans la transmission mécanique du virus de la PPA.

4.4.1.4 Conclusion sur l'importance relative de la transmission vectorielle mécanique par les stomoxes du virus de la PPA dans les élevages de porc

De ce modèle mécaniste de la transmission du virus de la PPA en élevage ayant un parcours extérieur il ressort que, en fonction du niveau d'infestation de l'élevage par les stomoxes, la contribution de la transmission vectorielle mécanique pourrait varier de moins de 2 % (pour un ratio stomoxes/porc de 5) à plus de 17 % (pour un ratio stomoxes/porc de 100). Dans des conditions d'infestation élevée (ratio stomoxes/porc = 100), les stomoxes pourraient même affecter la dynamique épizootique du virus avec le jour où la mortalité cumulée atteint 10 % survenant de 4,2 à 8,3 jours (IQQ, médiane à 5,7 jours) plus tôt qu'en l'absence de transmission vectorielle mécanique par les stomoxes.

Cependant, il ressort de l'analyse de sensibilité que la dose infectante et le volume de sang régurgité influencent très fortement ces résultats. En effet, même pour des changements modérés de la valeur de ces deux paramètres, la contribution relative de la transmission vectorielle mécanique tend rapidement vers 0 ou vers 1. Le modèle est relativement plus robuste à des changements de la valeur des autres paramètres.

En résumé, **la probabilité de diffusion du virus de la PPA par des stomoxes au sein d'un élevage ayant un parcours extérieur a été estimée comme étant peu élevée à assez élevée (correspondant à un niveau de 6 à 7 sur une échelle de 0 à 9), en fonction du niveau d'infestation.** Cette estimation comporte un niveau d'incertitude élevé, en raison notamment de l'absence de données pour quantifier certains paramètres sensibles comme la dose infectante et le volume de sang régurgité.

La principale conséquence de cette transmission mécanique est l'accélération de la diffusion intra-élevage, pouvant raccourcir fortement la durée entre l'infection et la survenue du pic épizootique. Cette conséquence pourrait impacter de manière importante l'infectiosité des élevages et donc la probabilité de diffusion du virus en dehors de l'élevage, notamment dans le cas où la déclaration ne serait pas réalisée dans un délai suffisamment court.

4.4.2 Estimation de la probabilité d'introduction en élevage du virus de la PPA par l'intermédiaire des stomoxes

Le développement du modèle probabiliste appliqué à un scénario de diffusion du virus de la faune sauvage à un élevage est développé en Annexe 6. Ce dernier est basé sur une chaîne événementielle, considérée comme la plus vraisemblable par le GT, et qui se présente comme suit : un sanglier mâle solitaire, excréteur du virus de la PPA, évolue dans l'environnement direct d'un élevage avec un parcours extérieur pendant la durée de sa période infectieuse considérée égale à sept jours ; il se fait piquer par un stomoxe de l'élevage évoluant temporairement dans l'environnement direct de l'élevage ; le stomoxe se contamine ; le stomoxe se fait interrompre dans son repas sanguin et revient dans l'élevage pour finir son repas ; le virus est injecté à un porc de l'élevage.

4.4.2.1 Estimation de la probabilité d'introduction en élevage par les stomoxes

La probabilité moyenne qu'au moins un stomoxe présent dans un élevage avec un parcours extérieur infecte au moins un porc de l'élevage avec le virus de la PPA quand un sanglier infecté par le virus de la PPA évolue dans l'environnement direct de l'élevage pendant la durée de sa période infectieuse (considérée égale à sept jours) a été estimée pour différents scénarios de prévalence chez les sangliers et de niveau d'infestation de l'élevage par les stomoxes (voir Annexe 6). Le Tableau 5 représente le 95^{ème} percentile de la distribution de cette probabilité, c'est-à-dire la probabilité pour laquelle nous sommes sûrs à 95 % que la probabilité réelle (inconnue) est inférieure. Lorsque la prévalence de la PPA chez les sangliers est faible (scénario à 1 %), la probabilité d'introduction attendue est inférieure à 0,2 %. La probabilité la plus élevée est observée pour la situation où la prévalence est élevée chez les sangliers (scénario à 10 %) et le taux d'infestation de l'élevage par les stomoxes est extrêmement élevé (100 stomoxes par porc). Cependant, même pour ces scénarios, la probabilité d'introduction en élevage par l'intermédiaire des stomoxes reste vraisemblablement inférieure à 2,2 % (sur la durée de la période infectieuse considérée comme égale à sept jours). Il est à noter que ce résultat a été obtenu en considérant que si un stomoxe sort de l'élevage, il se nourrit sur un sanglier avec une probabilité de 1 (probabilité P4, telle que décrite en Annexe 6), ce qui représente une surestimation de cette probabilité du fait du caractère opportuniste des stomoxes qui pourraient se nourrir sur tout autre animal sauvage ou domestique présent.

Tableau 5 : 95^{ème} percentile de la probabilité moyenne que le virus de la PPA soit introduit dans un élevage avec un parcours extérieur de 200 porcs par l'intermédiaire des stomoxes de l'élevage, quand un sanglier infecté par le virus de la PPA évolue dans l'environnement direct de l'élevage pendant la durée de sa période infectieuse (considérée égale à 7 jours), pour différents scénarios de prévalence chez les sangliers (1 %, 5 % et 10 %) et de niveau d'infestation de l'élevage par les stomoxes (5, 10, 20, 50 et 100 stomoxes par porc)

		95 ^{ème} percentile de la probabilité moyenne d'introduction (IQQ)		
		Prévalence chez les sangliers (P2) = 0,01	Prévalence chez les sangliers (P2) = 0,05	Prévalence chez les sangliers (P2) = 0,1
Niveau d'infestation de l'élevage par les stomoxes (en nombre de stomoxes par porc)	5	<0,1 %	<0,1 %	0,2 %
	10	<0,1 %	0,1 %	0,3 %
	20	<0,1 %	0,3 %	0,6 %
	50	0,1 %	0,7 %	1,3 %
	100	0,2 %	1,1 %	2,2 %

Légende : Les cellules dont le 95^{ème} percentile des probabilités d'introduction associées est inférieur à 0,1 %, compris entre 0,1 % et 1 % ou supérieur à 1 % sont respectivement colorées en orange très clair, clair et foncé.

4.4.2.2 Analyse de sensibilité

Pour interpréter de manière éclairée les résultats de cette étude, il est très important de prendre en compte les résultats de l'analyse de sensibilité ci-après.

De la même manière que dans la partie précédente, le GT a fait varier la **dose infectante** en lui donnant les valeurs 1, 20 et 100 HAD₅₀, et le **volume de sang régurgité** en lui donnant les valeurs 20 et 10 nL. Ces deux paramètres interviennent dans le calcul de la valeur de la probabilité qu'un cochon s'infecte s'il est piqué par un stomoxe infectant (probabilité P7, telle que décrite en Annexe 6). De manière attendue, lorsque la dose infectante est augmentée ou que le volume de sang régurgité est diminué, le risque d'introduction du virus de la PPA en élevage par l'intermédiaire des stomoxes diminue. En revanche, pour un scénario de dose infectante à 1 HAD₅₀, la probabilité moyenne d'introduction du virus dans l'élevage par l'intermédiaire des stomoxes se résume à la probabilité qu'un sanglier infecté soit situé à proximité de stomoxes de l'élevage, quelle que soit la densité d'infestation de l'élevage. En effet, pour des doses infectantes si faibles, il est extrêmement vraisemblable (probabilité > 99 %) qu'au moins un stomoxe infecte un porc de l'élevage si un sanglier infecté est piqué par un stomoxe présent à proximité de l'élevage.

Pour une dose infectante abaissée à 1 HAD₅₀, une prévalence chez les sangliers de 10 % et un niveau d'infestation massif à 100 stomoxes/porc, la probabilité moyenne que le virus de la PPA soit introduit en élevage par les stomoxes passe de 2,2 % (voir Tableau 5) à 3,2 %. **Dans ce scénario, les résultats semblent peu sensibles aux valeurs de la dose infectante et du volume de sang régurgité.**

Dans le cadre de cette analyse de sensibilité, les experts du GT ont aussi fait varier de 0,05 à 0,1 et 0,2 la **proportion moyenne de repas sanguins réalisés hors de l'élevage** (probabilité P7, telle que décrite en Annexe 6). Ces résultats sont consignés dans le Tableau 6. De la même manière que dans le paragraphe précédent, les résultats montrent qu'une augmentation de la proportion

moyenne de repas sanguins réalisés hors de l'élevage à 0,1 et 0,2 **ne modifie pas significativement le résultat de l'étude.**

Tableau 6 : 95^{ème} percentile de la probabilité moyenne que le virus de la PPA soit introduit dans un élevage ayant un parcours extérieur de 200 porcs par l'intermédiaire des stomoxes de l'élevage, quand un sanglier infecté par le virus de la PPA évolue dans l'environnement direct de l'élevage pendant la durée de sa période infectieuse (considérée égale à 7 jours), pour différentes valeurs de proportions de repas sanguins réalisés hors de l'élevage (0,05 ; 0,1 ; 0,2) pour les différents scénarios de niveau d'infestation de l'élevage par les stomoxes (5, 10, 20, 50 et 100 stomoxes par porc) et une prévalence chez les sangliers de 5 %.

		Probabilité moyenne d'introduction (IQQ) pour une prévalence chez les sangliers (P2) de 0,05		
		Proportion de repas sanguins réalisés hors de l'élevage (P3) = 0,05	Proportion de repas sanguins réalisés hors de l'élevage (P3) = 0,1	Proportion de repas sanguins réalisés hors de l'élevage (P3) = 0,2
Niveau d'infestation de l'élevage par les stomoxes (en nombre de stomoxes par porc)	5	<0,1 %	0,2 %	0,3 %
	10	0,1 %	0,3 %	0,6 %
	20	0,3 %	0,6 %	1,0 %
	50	0,7 %	1,1 %	1,5 %
	100	1,1 %	1,5 %	1,9 %

Légende : Les cellules dont le 95^{ème} percentile des probabilités d'introduction associées est inférieur à 0,1%, compris entre 0,1% et 1% ou supérieur à 1% sont respectivement coloriées en orange très clair, clair et foncé.

4.4.2.3 Conclusion sur la probabilité d'introduction en élevage du virus de la PPA par l'intermédiaire des stomoxes

De ce modèle probabiliste, il ressort que la probabilité moyenne d'introduction du virus par les stomoxes en élevage dans le scénario étudié reste très vraisemblablement inférieure à 2,2 %, même pour des niveaux d'infestation de l'élevage extrêmement élevés.

En résumé, **la probabilité d'introduction du virus de la PPA en élevage par des stomoxes qui se seraient gorgés sur des sangliers infectés évoluant dans l'environnement direct de l'élevage a donc été considéré comme extrêmement faible à faible (3 à 5 sur une échelle de 0 à 9) avec un niveau d'incertitude modéré.**

4.5 Analyses qualitatives complémentaires de la probabilité de transmission du virus de la PPA selon les scénarios envisagés par le GT

4.5.1 Probabilité de transmission du virus de la PPA entre élevages

Plusieurs cas de figure pouvant conduire à une transmission du virus entre élevages ont été identifiés par les experts, notamment :

- Élevages situés dans des zones à forte densité porcine :

Dans le cas d'élevages situés dans des zones à forte densité porcine, il est envisageable que des arthropodes vecteurs contaminés puissent transmettre le virus de la PPA d'un élevage contaminé à un élevage sain. Par exemple, Pitkin et al. (2009) ont montré que des mouches domestiques (*Musca domestica*) ont transporté le virus SDRP³² d'un élevage à un autre sur une distance de 120 m (Pitkin et al. 2009).

Étant donné que les stomoxes, qui sont vraisemblablement les vecteurs les plus susceptibles de transmettre le virus de la PPA en France métropolitaine (cf. § 4.3), sont attachés à l'élevage dans lequel ils vivent, les experts du GT considèrent que **la probabilité de transmission du virus de la PPA d'un élevage à un autre par l'intermédiaire d'arthropodes vecteurs contaminés est minime à faible (2 à 5 sur une échelle de 0 à 9)** (avec néanmoins une incertitude élevée car basée uniquement sur un avis d'experts).

- Vide sanitaire après dépeuplement³³ d'un élevage porcin infecté par le virus de la PPA :

Dans le cas d'un foyer de PPA, une forte proportion d'animaux sont susceptibles d'être virémiques. Un nombre important d'arthropodes hématophages peuvent être présents et se contaminer. Lors du vide sanitaire, ces arthropodes piqueurs se retrouvent sans hôte à proximité et en l'absence de désinsectisation, avant ou immédiatement après dépeuplement d'un élevage porcin (selon les conditions d'utilisation du produit), pourraient se déplacer vers d'autres élevages aux alentours et introduire le virus dans un nouvel élevage. Dans le contexte d'une forte densité d'élevages porcins autour du foyer la probabilité de diffusion du virus de la PPA est importante.

Les experts du GT considèrent que, dans une zone de forte densité d'élevages porcins, en l'absence de désinsectisation avant ou immédiatement après le dépeuplement d'un élevage porcin, **la probabilité de diffusion du virus par l'intermédiaire des arthropodes présents est assez élevée à élevée (7 à 8 sur une échelle de 0 à 9)** (avec une incertitude élevée car basée uniquement sur un avis d'experts).

- Transports d'animaux vivants :

Lors du transport d'animaux vivants, des arthropodes hématophages infectés peuvent aussi être transportés par des véhicules. Ces transports d'animaux peuvent avoir lieu lors d'échanges entre sites d'élevage, trajets vers l'abattoir, et également dans le cas d'importations illégales d'animaux. Dans ce dernier cas, bien que, par nature, il y ait très peu d'informations disponibles sur de possibles mouvements illégaux d'animaux vivants (bovins, porcs, petits ruminants, chevaux, faune sauvage), les experts estiment que ces mouvements, s'ils existent, sont de faible ampleur en France

³² Virus SDRP : Virus du Syndrome Dysgénésique et Respiratoire Porcin.

³³ La mise à mort d'animaux pour des motifs de santé publique, de santé animale, ou de bien-être animal ou des motifs liés à l'environnement, sous le contrôle de l'autorité compétente (Règlement n°1099/2009 du conseil du 24 septembre 2009 sur la protection des animaux au moment de leur mise à mort).

métropolitaine. Concernant le transport légal d'animaux, l'Anses a rendu un avis en 2016, dans lequel le risque d'introduction de la DNC³⁴ en France métropolitaine par le biais de vecteurs a été investigué (saisine 2016-SA-0120). Les experts avaient alors conclu que le risque d'introduction par le transport routier des vecteurs de la DNC à longue distance se limitait au risque d'introduction par les stomoxes et ont estimé ce risque. Aussi, la probabilité d'apparition d'un premier foyer de DNC en France métropolitaine suite à l'introduction de stomoxes infectants transportés avec des bovins destinés à l'élevage avait été estimée d'extrêmement faible à faible (probabilité entre 0,002 % et 0,44 %, avec un intervalle de confiance de 95 %) pour une année, estimation basée sur la situation épidémiologique de janvier 2017, la réglementation européenne existante à la même date et les données des échanges sur l'année 2016³⁵. Considérant les données de ce rapport, leur mise en perspective par rapport à la problématique de la PPA et au transport de suidés, les experts estiment que le risque le plus probable de transmission par transport de vecteurs associés à des animaux vivants est également lié aux stomoxes.

Les experts considèrent que **la probabilité de transmission du virus par transport d'arthropodes hématophages associés au transport de bétail par l'intermédiaire des arthropodes présents est quasi-nulle à extrêmement faible (1 à 3 sur une échelle de 0 à 9)** (avec une incertitude élevée).

Dans tous les cas, ces trois scénarios de diffusion dépendent très largement des conditions de biosécurité et de la densité d'élevages dans la zone considérée. Étant donné l'absence de données sur ces questions, les conclusions se basent sur des avis d'experts et sont entachées d'incertitudes importantes. Chacun de ces scénarios doit faire l'objet de mesures de gestion spécifiques (dépeuplement d'un élevage contaminé, transport de bétail...) (cf. recommandations au § 1).

4.5.2 Probabilité de transmission du virus de la PPA au sein de la faune sauvage

Il existe peu de données qui documentent le contact naturel de sangliers avec des arthropodes. Les rares références disponibles se limitent aux ectoparasites et concernent les tiques dures des genres *Amblyomma*, *Hyalomma*, *Dermacentor*, *Rhipicephalus* et *Ixodes* ((de la Fuente et al. 2004, Grech-Angelini et al. 2016), les poux de l'espèce *Haematopinus suis* (Girisgin et al. 2009) et les puces de l'espèce *Pulex irritans* (Doby et al. 1994). Des auteurs lituaniens (Petrasiusas, Bernotiene, and Turcinaviciene 2018) ont récemment documenté la présence de *Stomoxys calcitrans* et plusieurs espèces de taons (*Haematopota* spp., *Chrysops* spp., *Hybomitra* spp.) dans des zones forestières fréquentées par les sangliers en proximité d'élevages porcins en période estivale (juillet-août).

Cependant, si une saisonnalité des cas de PPA a été observée chez les porcs domestiques, les données disponibles dans la littérature n'ont pas permis de faire le même constat chez les sangliers. Il est par ailleurs probable que les animaux infectés par le virus, donc virémiques et affaiblis, puissent se faire piquer plus efficacement par des arthropodes hématophages tels que des taons ou des stomoxes moins dérangés et interrompus pendant leur repas (réflexes de défense diminués). Ces derniers pourraient alors ingurgiter des volumes importants de sang avec du virus qu'ils pourraient transmettre facilement à d'autres animaux se trouvant à proximité des animaux malades.

Ainsi, au sein d'une même compagnie de sangliers, composée en moyenne d'une dizaine d'individus, il est envisageable que ces arthropodes hématophages puissent faciliter la transmission du virus entre individus.

³⁴ Dermatose Nodulaire Contagieuse.

³⁵ Voir le rapport d'expertise pour plus d'information : <https://www.anses.fr/fr/system/files/SABA2016SA0120Ra.pdf>

En revanche, il est beaucoup moins probable qu'un arthropode hématophage puisse jouer le rôle de vecteur du virus entre deux individus de deux compagnies distinctes, vivant éloignées de plusieurs centaines de mètres de distance l'une de l'autre. En effet, les compagnies de sangliers différentes ont *a priori* des domaines de vie distincts et évitent de partager le même espace au même moment. De plus, les tabanidés et mouches piqueuses étant opportunistes sur le plan alimentaire, la disponibilité d'autres hôtes domestiques ou sauvages que les sangliers induit un effet de dilution.

En résumé, les experts du GT considèrent **la probabilité de transmission au sein d'une compagnie comme faible à assez élevée (5 à 7 sur une échelle de 0 à 9), et la probabilité de transmission entre compagnies comme très faible à faible (4 à 5 sur une échelle de 0 à 9), avec une incertitude élevée**, les données de la littérature étant très éparées sur le sujet.

4.5.3 Probabilité de transmission du virus de la PPA de l'élevage à la faune sauvage

Les experts ont identifié plusieurs cas de figure pouvant conduire à une transmission du virus d'un élevage à la faune sauvage, notamment :

- **Élevages situés à proximité ou dans des zones forestières :**

- Ce scénario renvoie dans une certaine mesure au scénario de diffusion du virus de la faune sauvage à un élevage exploré dans le § 4.4.2. Concernant la probabilité de transmission de l'élevage à la faune sauvage, les stomoxes ont une probabilité élevée de s'infecter dans un élevage dans lequel le virus circule ; en dehors de l'élevage, il existe un effet de dilution, les stomoxes ont donc une probabilité plus faible de piquer un sanglier et donc de transmettre le virus.

En l'absence de données quantitatives, **les experts considèrent la probabilité de transmission du virus de la PPA d'un élevage vers la faune sauvage d'un ordre de grandeur similaire au scénario de diffusion de la faune sauvage à un élevage de porcs, soit une probabilité d'extrêmement faible à faible (3 à 5 sur une échelle de 0 à 9) avec une incertitude élevée.**

- **Vide sanitaire après un dépeuplement d'un élevage porcin infecté par le virus de la PPA :**

Comme évoqué dans le § 4.5.1, lors d'un vide sanitaire et en l'absence de désinsectisation, avant ou immédiatement après le dépeuplement de l'élevage infecté (selon les conditions d'utilisation du produit) un nombre important d'arthropodes hématophages pourraient sortir de l'élevage et transmettre le virus à des sangliers présents dans l'environnement de l'élevage. Du fait de l'effet de dilution et du taux de contact en forêt, le stomoxe aura toutefois une probabilité plus faible de piquer un sanglier et donc de transmettre le virus.

Les experts du GT considèrent que, en l'absence de désinsectisation avant ou immédiatement après le dépeuplement d'un élevage porcin, **la probabilité de diffusion du virus d'un élevage à la faune sauvage après un vide sanitaire par l'intermédiaire des arthropodes présents est faible à assez élevée (5 à 7 sur une échelle de 0 à 9) (avec une incertitude élevée car celle-ci est basée uniquement sur un avis d'experts et est dépendante des contextes qui peuvent accentuer l'effet de dilution).**

4.6 Conclusion sur la probabilité de transmission du virus de la PPA par voie vectorielle biologique et mécanique

Seules les tiques molles du genre *Ornithodoros* sont actuellement considérées comme des vecteurs biologiques avérés du virus de la PPA. Ainsi, sachant que :

- ces tiques ne sont, à notre connaissance, pas présentes en France métropolitaine, ni en Belgique ;

- la probabilité d'introduction et d'extension en France métropolitaine est considérée comme quasi-nulle par le GT ;

- la probabilité de contact entre les suidés et les Ornithodores, si elles étaient présentes, est considérée de quasi-nulle à très faible par le GT ;

la probabilité de transmission vectorielle biologique en France métropolitaine est considérée quasi-nulle (1 sur une échelle de 0 à 9) avec une incertitude faible.

Concernant la compétence vectorielle d'autres arthropodes vecteurs, vis-à-vis du virus de la PPA, les informations disponibles dans la littérature sont rares. Le peu d'études identifiées restent anciennes et de nouvelles études devraient être menées afin de confirmer l'absence supposée de transmission vectorielle biologique par ces arthropodes. L'ensemble des paramètres pouvant influencer la probabilité d'être un vecteur potentiel du virus de la PPA sont résumés en Annexe 7.

Les experts ont réalisé une classification des arthropodes envisagés permettant des regroupements d'arthropodes hématophages les plus homogènes possibles suite à l'élicitation d'experts. L'exercice de classification et ses résultats sont présentés dans l'Annexe 8. Selon les résultats de cette classification les poux *H. suis* et les moustiques ont été regroupés dans le même groupe que les stomoxes et seraient donc les arthropodes hématophages dont la compétence vectorielle est à évaluer en priorité.

Compte tenu des éléments présentés dans le présent rapport, la transmission mécanique est la voie de transmission vectorielle la plus envisageable. Suite à l'élicitation d'opinion d'experts, les stomoxes ont été considérés comme les vecteurs les plus propices à la transmission du virus de la PPA. Les modèles développés ci-dessus appliqués au cas d'élevages ayant un parcours extérieur, montrent que les stomoxes pourraient jouer un rôle dans la diffusion du virus. Cette probabilité a été qualifiée de peu élevée à assez élevée au sein d'un élevage, et d'extrêmement faible à faible pour la probabilité de transmission de la faune sauvage vers un élevage. De manière générale, l'incertitude liée à l'absence de certaines données, telles que la dose infectante et le volume de sang régurgité influencent très largement les résultats obtenus.

Il est à noter que, dans les élevages porcins en bâtiment sur caillebotis ou sur litière, qui représentent plus de 95 % de la production porcine française, la transmission du virus de la PPA par des stomoxes serait possible mais sa probabilité d'occurrence vraisemblablement plus faible. En effet, ces élevages, malgré des mesures de biosécurité ne sont pas totalement protégés d'intrusion d'arthropodes.

Pour qu'un vecteur soit considéré comme un bon vecteur mécanique, il doit avoir les caractéristiques suivantes : il doit être mobile, donc ne pas rester inféodé à un hôte, il doit être fréquemment interrompu lors de son repas de sang, et avoir des pièces buccales larges (afin d'avoir une quantité de sang résiduel maximale).

À ce titre, comme évoqué précédemment, il serait intéressant de considérer la part jouée par les tabanidés. Ces derniers pourraient en effet être considérés comme de bons vecteurs mécaniques, principalement en raison du volume important de sang résiduel qui peut être présent sur leurs pièces buccales, des grandes distances qu'ils sont capables de parcourir, du fait qu'ils réalisent de nombreux repas interrompus, conséquence de leurs piqûres douloureuses, et qu'ils sont donc susceptibles de transmettre le virus plus facilement car ils vont s'alimenter sur plusieurs hôtes.

5 Rôle potentiel des arthropodes dans la transmission du virus de la PPA à des suidés sauvages ou domestiques par d'autres voies de contamination

Après s'être intéressé au rôle des arthropodes dans la transmission vectorielle biologique ou mécanique du virus de la PPA (*cf.* chapitre 4), il s'agit dans ce chapitre d'étudier leur implication éventuelle *via* d'autres voies de transmission, notamment **la transmission par transport passif et la transmission par ingestion d'arthropodes contaminés**. Ces deux voies de transmission peuvent se faire à partir d'un animal vivant ou d'un cadavre infecté. Aussi, des éléments documentant **l'écosystème des cadavres de suidés** seront présentés dans ce chapitre avant d'investiguer les deux voies de transmission présentées ci-dessus.

5.1 Écosystème des cadavres de suidés

5.1.1 Persistance du virus dans des carcasses de suidés

Dans ce paragraphe, sont présentées les informations disponibles dans la littérature sur la persistance du virus de la PPA dans des tissus ou organes, qu'ils proviennent de carcasses de sangliers ou de porcs. Les données sont extrapolables de l'un à l'autre, du fait qu'il s'agit de la même espèce *Sus scrofa*.

La survie du virus dans une carcasse de sanglier est directement dépendante des conditions de préservation ou de décomposition de celle-ci dans l'environnement, le tout étant lié aux conditions climatiques, à la présence de charognards, à l'entomofaune présente (voir § 5.1.2), *etc.* En fonction de ces conditions, la durée de la décomposition peut aller de trois mois à trois ans (audition de H. Sulakova, 20/05/2019).

Les données de la littérature scientifique mettent en évidence une grande résistance du virus de la PPA lors du processus de putréfaction (Panel on Animal Health Welfare 2010, Penrith and Vosloo 2009). Celui-ci reste détectable dans du sang de porc putréfié pendant 15 semaines à température ambiante (Kovalenko J 1965) et résiste, en conditions expérimentales, aux variations de pH qui interviennent lors de la maturation de la viande ou au sein des cadavres avec la putréfaction des tissus (Sánchez-Vizcaíno et al. 2009) (voir Encadré 6).

En conditions expérimentales, le virus de la PPA persiste plusieurs mois, voire années dans des liquides physiologiques, des tissus ou des organes (voir Encadré 6).

Encadré 6 : Études expérimentales sur la persistance du virus de la PPA dans des liquides physiologiques, des tissus ou des organes

Données expérimentales in vitro

Le virus de la PPA est extrêmement résistant dans les milieux riches en protéines. Ainsi, dans du sérum ou du milieu de culture cellulaire synthétique, le virus demeure infectieux plusieurs années à 5°C (Sánchez-Vizcaíno et al. 2009) (voir Tableau 7).

Le virus reste infectieux dans du sérum après 22h, 3 jours et une semaine à des pH³⁶ respectifs de 3,1, 3,9 et 13,4 (Sánchez-Vizcaíno et al. 2009).

Données expérimentales ex vivo

Le virus de la PPA peut persister plusieurs mois voire plusieurs années³⁷ dans le sang et au moins plusieurs mois dans des tissus et organes conservés à environ 4°C (Kovalenko J 1965) (voir Tableau 7).

³⁶ Des informations supplémentaires sur le rôle du pH dans l'inactivation du virus de la PPA sont disponibles dans l'avis de l'Anses 2018-SA-0237 (Anses 2018).

³⁷ Les durées extrêmes de conservation allant jusqu'à 6 ans (Kovalenko *et al.*, 1965), concernent la survie du virus (souche Lisboa) dans du sang lyophilisé et du sang défibriné maintenu entre 4 et 6°C sans conservateur (EFSA Panel on Animal health Welfare, 2014 ; Chenais et al 2019).

Tableau 7 : Persistance du virus de la PPA en conditions expérimentales dans des liquides physiologiques, des tissus ou des organes

Tissu ou organe	Durée de persistance (conditions spécifiques)	Méthode utilisée	Références
Liquide physiologique (sérum ou milieu de culture cellulaire synthétique)	plusieurs années (5°C)	?	Cité dans (1)
	18 mois (à température ambiante)	?	Cité dans (1)
	1 mois (37°C)	?	Cité dans (1)
	3h30 (56°C)	?	Cité dans (1)
Sang	140 jours (dans le noir) (?)	Bioassay	(2)
	>6 ans (4-6°C) (?)	Bioassay (i.m.)	(3)
	> 90 jours (?)	Isolement viral (titres élevés)	(4)
Rate	>90 jours (?)	Isolement viral (titres élevés)	(4)
	240 jours (6-8°C)	Bioassay (i.m.)	(3)
Viande	150 jours (4°C)	?	(3)
Muscle	90 jours (?)	Isolement viral (titres faibles)	(4)
	104 jours (-4°C)	?	(3)
	155 jours (6-8°C)	Bioassay (i.m.)	(3)
	183 jours (?)	?	(5)
Gras	123 jours (?)	Isolement viral	(5)
Moelle osseuse	94 jours (?)	Isolement viral	(5)
	6 mois (6-8°C)	Bioassay (i.m.)	(3)

Légende : i.m. : intra-musculaire ; ? : donnée non précisée

Références : (1) (Sánchez-Vizcaíno *et al.* 2009) (2) ; Montgomery *et al.*, 1921 ; (3) Kovalenko *et al.*, 1965 ; (4) Blome and Dietze, 2011 ; (5) McKercher, 1987.

In situ, Carvalho-Ferreira *et al.* (2014) ont détecté la présence d'ADN viral par PCR sur des tissus en décomposition aussi longtemps (c'est-à-dire plusieurs mois, selon les conditions) que des échantillons ont pu être obtenus à partir de carcasses laissées sur le terrain, jusqu'à leur décomposition totale (de Carvalho Ferreira *et al.* 2014).

Une étude sur la persistance du virus dans les carcasses de sangliers enterrées a été réalisée en Lituanie. Vingt carcasses de sangliers infectés ont été enterrées, puis déterrées entre 18 à 440 jours après enfouissement. Les analyses par PCR ont mis en évidence de l'ADN viral dans la moelle osseuse des 20 animaux. L'isolement viral en culture cellulaire n'a pas permis de détecter la présence de virus infectieux (résultats non publiés, audition de P. Busauskas, 16/05/2019). Toutefois, cette méthode étant peu sensible, il est prématuré de conclure à une absence de risque de transmission à partir des carcasses.

La même équipe de chercheurs a initié une étude complémentaire en mai 2019. Celle-ci s'intéresse à la persistance du virus dans des carcasses de sangliers laissées à même le sol. Des prélèvements

hebdomadaires (muscle, moelle osseuse, fluides, etc.) ont été réalisés sur l'une des carcasses³⁸. Au bout d'une semaine, les analyses par PCR ont mis en évidence de l'ADN viral dans tous les tissus et fluides prélevés et le virus n'a pas été détecté dans les prélèvements de sol sous la carcasse (résultats non publiés, audition de P. Busauskas, 16/05/2019). Au bout de 75 jours, il n'y avait plus de virus dans le cadavre, y compris dans les os. Les analyses de sol n'avaient, quant à elles, pas été effectuées (résultats non publiés, audition de P. Busauskas, 25/07/2019).

Ainsi, pour les quelques études réalisées sur des carcasses, le virus ayant été détecté par PCR et non par isolement viral, elles ne permettent pas de conclure sur la survie du virus ou sur son pouvoir infectieux.

5.1.2 Description et dynamique de l'entomofaune associée à la décomposition des cadavres de sangliers

À la mort d'un sanglier, la dépouille est colonisée par un large éventail d'espèces nécrophages qui se nourrissent et pondent leurs œufs dans la matière organique. L'entomofaune³⁹ associée à la décomposition de carcasses de suidés est très diverse et évolue au cours du processus de décomposition (Acikgoz, Ilgit, and Taleb 2018, Wang et al. 2017, Szpila et al. 2015, Iancu, Sahlean, and Purcarea 2016, Madra et al. 2015). Elle varie en fonction de la taille de la carcasse et des paramètres environnementaux (tels que la saison, la température et l'humidité) au moment de la mort, ainsi que de la présence de charognards, qui influencent la durée de présence de la matière organique de la carcasse dans le milieu (cf. Auditions de Hana Sukalova et Damien Charabidzé).

Les insectes nécrophages colonisant une carcasse sont principalement constitués par des espèces de deux grands ordres : les diptères et les coléoptères. Généralement, les larves de diptères nécrophages utilisées pour la datation du décès ne se développent que sur des tissus morts. Dans certains cas cependant, notamment en présence de plaies cutanées importantes avec nécroses, il est possible pour certaines espèces de se développer sur un organisme vivant : on parle alors d'agents de myiases (Hall and R. 1995, Kim et al. 2009). Pour certaines espèces, la ponte des œufs sur la matière organique vivante (en décomposition ou non) est indispensable à la réalisation de leur cycle biologique.

En début de décomposition, on retrouve quasi exclusivement certaines espèces de mouches de la famille *Calliphoridae* et, dans une moindre mesure, des *Muscidae* et *Sarcophagidae*, ainsi que quelques espèces de *Piophilidae* ou *Horidae* (voir Encadré 7, Figure 11), qui viennent pour pondre sur les cadavres ou pour se nourrir.

La composition de cette entomofaune dépend de plusieurs facteurs tels que la saison, la région et l'écosystème. Les mouches colonisent le cadavre pendant les premières trois à six semaines, alors que les coléoptères le font au-delà de quatre semaines et jusqu'à quatre mois.

Le temps nécessaire pour que ces insectes fassent leur première ponte sur un cadavre dépend de la température et, donc, de la saison à laquelle se produit la mort de l'animal. Si la mort se produit en hiver ou dans un climat froid, la présence d'insectes sera moins importante et il peut y avoir un décalage temporel non négligeable dans le processus de décomposition qui peut durer entre une vingtaine de jours et plusieurs mois, voire années, en fonction de la saison et du lieu de survenue du décès.

³⁸ Au moment de l'audition le projet débutait avec un seul réplicat, d'autres carcasses devant compléter l'expérience plus tard.

³⁹ L'entomofaune désigne la totalité de la population d'insectes présents dans un milieu.

Au bout de 12 à 24 h, en fonction de la température, les œufs pondus par les mouches donnent naissance à une ou plusieurs générations de larves (ou asticots) qui se nourrissent des protéines animales issues du cadavre. Ces larves vont contribuer à la décomposition du cadavre en se nourrissant des tissus.













Une fois le développement larvaire terminé (la durée du stade est variable en fonction des espèces), les larves s'éloignent du cadavre pour passer au stade de pupes. Elles peuvent s'éloigner de plusieurs mètres (jusqu'à 40 m, *cf.* Audition de Damien Charabidzé), et s'enfoncer dans le sol, sous des cailloux et des branches, et évoluer en pupes. Ce temps de dispersion est transitoire et dure jusqu'à la pupaison et la métamorphose en mouche. Les durées des stades et du cycle de développement varient en fonction des espèces.

Suite à l'oviposition des mouches, plusieurs espèces de coléoptères du genre *Silphidae*, *Cleridae* ou *Histeridae* prennent le relais dans la consommation des matières organiques restantes jusqu'à la phase squelettique (voir Figure 12).

Encadré 7 : Insectes nécrophages et microfaune associés à la décomposition des cadavres de sangliers




















Les principales familles d'insectes nécrophages sont les suivantes : *Calliphoridae*, *Sarcophagidae*, *Muscidae*, *Cleridae*, *Dermestidae*, *Histeridae*, *Staphylinidae*, *Nitidulidae*, *Silphidae* et *Formicidae*

FLIES

Calliphoridae			
			
<i>Lucilia sericata</i>	<i>Lucilia caesar</i>	<i>Chrysomya albiceps</i>	
			
<i>Calliphora vomitoria</i>	<i>Calliphora vicina</i>	<i>Phormia regina</i>	<i>Protophormia terraenovae</i>
Sarcophagidae		Muscidae	
			
<i>Sarcophaga argyrostoma</i>		<i>Muscina prolapsa</i>	<i>Hydrotaea ignava</i>
		Piophilidae	Phoridae
			
		<i>Stearibia nigriceps</i>	<i>Megaselia scalaris</i>

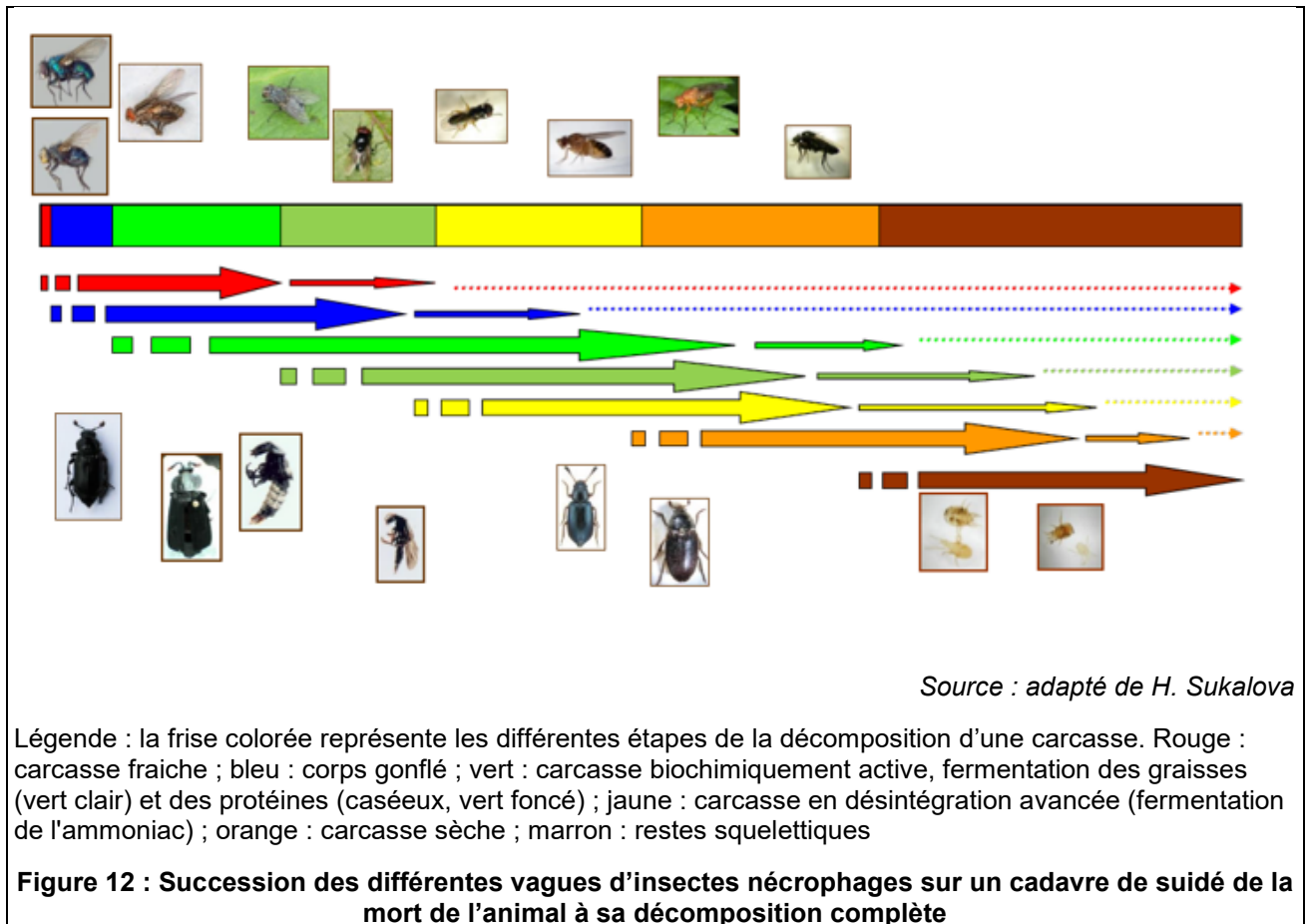
Decomposition and aging of cadavers

BEETLES

Silphidae		Staphylinidae		Cleridae		
						
<i>Necrodes littoralis</i>	<i>Thanatophilus sinuatus</i>	<i>Creophilus maxillosus</i>		<i>Necrobia rufipes</i>	<i>Necrobia violacea</i>	<i>Necrobia ruficollis</i>
				Dermestidae		
<i>Oiceoptoma thorasicum</i>	<i>Nicrophorus vespilloides</i>	<i>Ontholestes murinus</i>	<i>Philonthus spinipes</i>			
		Nitidulidae		<i>Dermestes frischii</i>	<i>Dermestes haemorrhoidalis</i>	<i>Dermestes lardarius</i>
				Histeridae		
		<i>Omosita colon</i>	<i>Omosita discoidea</i>			
				<i>Margarinotus brunneus</i>	<i>Saprinus semistriatus</i>	
		<i>Omosita depressa</i>	<i>Glischrochilus quadrisignatus</i>			

Source : H. Sukalova

Figure 11 : Espèces de diptères et coléoptères nécrophages



5.2 Transmission par transport passif

Le transport passif peut être impliqué dans la contamination d'animaux sains mais aussi dans l'introduction du virus de la PPA dans les élevages. Il existe à ce jour peu d'études s'intéressant à un potentiel transport passif du virus de la PPA par des arthropodes. C'est, cependant, un risque potentiel qui a déjà été démontré pour d'autres virus. À titre d'exemple, Wanaratana *et al.* (2013) ont retrouvé du virus actif de la grippe aviaire H5N1 sur les pattes et dans les déjections de mouches domestiques (*Musca domestica*) (Wanaratana *et al.* 2013). Cependant, il ne suffit pas de se contaminer pour jouer un rôle de transporteur passif. Pour cela, les arthropodes doivent notamment pouvoir :

- se déplacer suffisamment pour rencontrer un nouvel hôte potentiel du virus (par exemple dans un élevage) ;
- transporter une dose de virus infectieux suffisante pour infecter un animal sain (sanglier ou porc d'élevage) ou contaminer son environnement (son eau ou sa nourriture par exemple).

Comme indiqué précédemment, on parle alors d'arthropodes « transporteurs » et non de « vecteurs ». Il faut cependant noter que des vecteurs pourraient être, en outre, des transporteurs de virus lorsque l'extérieur de leur corps est contaminé lors de leur repas sanguin sur un hôte infecté, et qu'ils transportent ainsi du virus à un autre hôte vertébré. Néanmoins, ce mode de transmission, possible pour des vecteurs mécaniques réalisant des repas interrompus successifs, n'est pas envisageable pour la majorité des vecteurs biologiques en raison du délai entre chaque prise de repas sanguin ; les repas sanguins étant pris en alternance avec des phases de repos nécessaires à la digestion du sang et à la maturation des œufs, et ayant lieu généralement sur la végétation ou des supports variés (murs, poteaux, barrières). Les arthropodes hématophages ayant été traités au chapitre 4 de ce rapport, ils ne seront pas de nouveau abordés ici.

5.2.1 Voies de contamination d'arthropodes transporteurs

Les arthropodes transporteurs peuvent se contaminer de différentes manières, **par le contact avec un cadavre contaminé**, en se posant ou se développant sur des carcasses (c'est le cas des espèces nécrophages), soit **par le contact avec des animaux vivants infectés**, en entrant en contact avec des plaies (notamment pour les agents de myiase) ou des muqueuses (pour les mouches lécheuses des genres *Musca* et *Hydrantea*) et les fluides corporels (excréments, sécrétions lacrymales, ...) (§ 5.2.1.2).

5.2.1.1 Contamination sur des cadavres

Certaines espèces de mouches nécrophages peuvent sentir un cadavre à 10-15 km de distance et parcourir plusieurs kilomètres par jour à la recherche d'un site de ponte (cf. Audition de Damien Charabidzé). Au cours de leurs parcours, elles peuvent visiter plusieurs sites en transportant des restes de matière organique sur leurs pattes, dont des virus, contribuant ainsi à la dissémination de ces derniers.

Les mouches domestiques (*Musca domestica*), qui ne sont pas des insectes primitivement nécrophages, peuvent occasionnellement se nourrir de matière organique en décomposition. Lors de leurs déplacements, elles sont capables de parcourir des distances de plusieurs kilomètres, généralement inférieures à 3,2 km (dans 88 % des cas (Graczyk et al. 1999)) et pouvant aller jusqu'à 32 km (Murvosh and Thaggard 1966), transportant potentiellement de la matière organique, et éventuellement des virus, sur de longues distances.

5.2.1.2 Contamination sur des animaux vivants infectés

Le virus de la PPA est excrété par de nombreuses voies, notamment les muqueuses nasale, génitale et oculaire (de Carvalho Ferreira et al. 2012, Greig and Plowright 1970). La transmission du virus par contact direct entre porcs étant clairement démontrée et efficace, l'excrétion du virus par ces muqueuses joue très certainement un rôle important dans la transmission directe ou par contact du virus (de Carvalho Ferreira et al. 2012, Greig and Plowright 1970, Olesen et al. 2017).

Au cours d'une étude de terrain, Pitkin *et al.* (2009) ont observé un contact prolongé entre des mouches domestiques et des porcs d'élevage. Ils ont notamment observé les mouches se nourrissant de matières fécales et d'urine, ainsi que d'écorchures cutanées, de sécrétions nasales, lacrymales et salivaires de porcs malades. Ils ont alors montré que ces mêmes mouches pouvaient transmettre le virus SDRP⁴⁰ d'un porc malade à un porc sain. Comme mentionné plus haut, ils ont ensuite constaté que les mouches avaient transporté le virus SDRP d'un élevage à un autre, sur une distance de 120 m (Pitkin et al. 2009).

Ainsi, si cette voie de transmission est possible pour des virus enveloppés et très fragiles, comme le virus SDRP, elle est fortement suspectée pour le virus de la PPA et mériterait d'être étudiée. Néanmoins, si l'inoculation intra-nasale du virus de la PPA a été largement utilisée expérimentalement afin d'infecter des porcs (Olesen et al. 2017, de Carvalho Ferreira et al. 2012), l'hypothèse d'une infection par voie conjonctivale ou génitale n'a à ce jour jamais été investiguée. Or, ces muqueuses, en particulier la conjonctive, qui sont des sites très irrigués, représentant des sites de prédilection pour des insectes tels que *Musca domestica*, ce qui pourrait faciliter le rôle de certains insectes en tant que transporteurs du virus entre animaux proches.

⁴⁰ Virus SDRP : Virus du syndrome dysgénésique et respiratoire porcin.

5.2.2 Conclusion sur la probabilité de transmission par transport passif

Le mode de transmission par transport passif du virus de la PPA pourrait expliquer que les arthropodes puissent contribuer au maintien de l'agent infectieux dans l'environnement, notamment entre sangliers ou entre ces derniers et des porcs en divagation (élevage avec un parcours extérieur principalement) ou élevés dans des porcheries insuffisamment protégées. Cependant, il existe très peu d'informations sur la capacité des arthropodes (vecteurs ou non, que ce soit au stade larvaire ou adulte), en contact avec un animal ou tissu infecté à transmettre le virus de la PPA à un animal sensible par transport passif.

En période de circulation virale, un grand nombre d'arthropodes différents sont susceptibles de se contaminer sur des carcasses, des animaux vivants infectés ou des milieux contaminés et de se déplacer suffisamment (plusieurs centaines de mètres voire kilomètres) pour rencontrer un sanglier ou un élevage de porcs sensible.

En résumé, en l'absence de données, **la probabilité de transmission du virus de la PPA par transport passif (notamment *via* les sécrétions lacrymales ou les muqueuses) semble possible, mais n'a pas pu être évaluée.**

Il apparaît donc nécessaire, en premier lieu, d'étudier la quantité et la persistance du virus de la PPA transporté sur les différentes parties du corps des insectes (en priorité ceux susceptibles d'être rencontrés dans des élevages), afin de savoir si cette dose est compatible avec la dose infectieuse nécessaire pour contaminer un animal sain par différentes voies (voie conjonctivale, voie orale...).

5.3 Transmission par ingestion d'arthropodes contaminés

La transmission du virus de la PPA par voie orale (ingestion) a été documentée dès 1967 (Boulanger et al. 1967). Dans le présent rapport, la question de la probabilité de transmission du virus par ingestion n'a été appréhendée que sous l'angle d'une transmission par ingestion d'arthropodes infectés (vecteurs ou non du virus).

En effet, bien que la transmission du virus par ingestion de viande issue de cadavres de sangliers (cas de cannibalisme) ou d'autres organismes vertébrés ou invertébrés (gastéropodes, myriapodes, nématodes, *etc.*) vivants et contaminés soit également envisageable, elle n'a pas fait l'objet d'investigations dans le cadre de la présente expertise, qui porte uniquement sur le rôle potentiel des arthropodes dans la transmission du virus.

À noter également que le risque de dissémination du virus de la PPA par les aliments pour animaux (*via* l'utilisation de produits sanguins dans des aliments composés pour les porcelets notamment) fait l'objet d'une autre saisine de l'Anses (n° 2019-SA-0081⁴¹).

Après avoir documenté et évalué dans quelle mesure des sangliers peuvent consommer des insectes dans le cadre de leur comportement trophique habituel, nous analyserons les articles scientifiques dans lesquels une contamination expérimentale de suidés par ingestion d'insectes a

⁴¹ <https://www.anses.fr/fr/system/files/SABA2019SA0081.pdf>

été réalisée. Enfin, la probabilité de transmission du virus par ingestion d'arthropodes contaminés sera évaluée.

Nonobstant la probabilité de transmission du virus de la PPA par des arthropodes contaminés sur des cadavres, le GT souligne l'importance du rôle des cadavres de sangliers eux-mêmes par contact direct avec des animaux dans l'épidémiologie de la maladie (cf § 5.3.2.2).

5.3.1 Comportement trophique des sangliers

Le sanglier est un mammifère ayant une grande distribution géographique : sa distribution naturelle comprend le continent européen et asiatique. Cependant, des populations de sangliers ou de cochons féroces (qui sont retournés à l'état sauvage), ont été introduites dans de nombreux territoires du Nouveau Monde tels que le continent américain, l'Australie ou de nombreuses îles de l'Océan Indien, la région Pacifique et les Caraïbes (Jori and Bastos 2009). Il existe dans la littérature scientifique de nombreuses études et revues sur la composition de son régime alimentaire (Schley and Roper 2003, Ballari and Barrios-García 2014). Le choix des ressources alimentaires dans l'alimentation du sanglier dépend essentiellement i) de la disponibilité de nourriture, variable en fonction de la région et de la saison (Schley and Roper 2003) et ii) de ses besoins énergétiques et de croissance (qui peuvent varier en fonction de l'âge et du sexe). Certains auteurs ont observé une plus grande diversité de ressources alimentaires, ainsi qu'une plus grande proportion de ressources d'origine animale chez les individus plus jeunes, ainsi que chez les femelles (Dardaillon 1986).

Le sanglier est un omnivore opportuniste. Même si son régime alimentaire est dominé par de la matière végétale (principalement des fruits, des racines, des tiges et des cultures agricoles), il contient également des protéines animales en proportions variables allant de 16 % de son régime alimentaire dans des pays européens jusqu'à 33 % dans des pays du Nouveau Monde (Ballari and Barrios-García 2014).

La consommation de protéines d'origine animale est essentiellement constituée par des vertébrés (oiseaux et des mammifères, reptiles et amphibiens), mais peut également contenir des invertébrés. Cette partie est notamment composée de myriapodes, larves d'insectes, escargots et vers de terre (Eriksson and Petrov 1995, Pinna et al. 2007). L'origine de l'appétence des sangliers pour les invertébrés est probablement leur important apport en protéines (Fournier-Chambrillon, Maillard, and Fournier 2014, Massei, Genov, and Staines 1996). La présence d'insectes aux stades larvaire et adulte dans le régime alimentaire du sanglier a été rapportée dans toute son aire de distribution, tant en Europe du Sud (Italie, Espagne, France) qu'en Europe Centrale et de l'Est (Schley and Roper 2003). Une grande diversité d'espèces est répertoriée, parmi lesquelles des espèces participant à la décomposition des carcasses telles que *Calliphora* spp, *Necrophorus vespilloides* (Briedermann 1976) et *Thanatophilus* spp (Janda 1958). Donc, bien que ne faisant pas partie du régime alimentaire principal des sangliers (Robeson et al. 2018), certaines espèces d'arthropodes nécrophages peuvent occasionnellement être ingérées (Schley and Roper 2003).

Par ailleurs, la littérature fait mention de cannibalisme chez les sangliers et ce, quel que soit le milieu et le pays (Ballari and Barrios-García 2014, Carrasco-Garcia et al. 2018). Cependant, ce comportement n'est pas uniforme dans toute leur aire de distribution et varie probablement en fonction de la disponibilité des ressources trophiques et des modes de gestion prédominants. Dans les territoires de chasse privés en Espagne, où des carcasses d'animaux sont régulièrement disponibles dans le milieu, les sangliers figurent parmi les principales espèces se nourrissant des restes de chasse (Carrasco-Garcia et al. 2018). En revanche, dans un travail récent effectué en Allemagne, Probst *et al.* (2017) n'ont observé que très peu de consommation de carcasses. Cependant, cette même étude montre que même si la consommation directe de carcasses ne se produit pas, plusieurs individus (notamment les jeunes) reniflent les carcasses, mâchent des os et retournent le sol à la recherche de l'entomofaune présente autour des carcasses en décomposition. Les auteurs de l'étude ont conclu que ce type de contact pouvait représenter un risque d'infection par le virus de la PPA pour les sangliers (Probst et al. 2017).

En résumé, les sangliers sont capables de consommer des arthropodes et de se rapprocher des carcasses d'autres sangliers pour consommer leurs restes ou des larves d'insectes nécrophages.

5.3.2 Probabilité de transmission du virus de la PPA par ingestion d'arthropodes infectés

Dans le Nord de l'Europe, les espèces de mouches nécrophages les plus abondantes sont celles des genres *Lucilia* spp. et *Calliphora* spp. Ces espèces sont abondantes pendant des épisodes de mortalité massive de sangliers induits par la dissémination de la PPA dans les forêts d'Europe de l'Est. Afin d'étudier la capacité potentielle des larves de mouches nécrophages à transmettre le virus de la PPA aux stades suivants de développement (transmission trans-stadiale), Forth et al. (2018) ont fait se nourrir expérimentalement des larves de *Lucilia sericata* et *Calliphora vicina* sur des échantillons de rate de porcs infectés par le virus de la PPA. Ils les ont laissées se développer au stade de pupes et ont recherché le virus de la PPA par qPCR et isolement viral. Les résultats ont montré que les larves analysées à différents stades et les pupes contenaient de l'ADN viral. Cependant, du virus infectieux n'a pu être isolé à aucun des stades de développement. Les mêmes auteurs ont suggéré que les larves semblaient pouvoir inactiver le virus *via* leurs sécrétions salivaires et digestives au pouvoir antibiotique et antiviral (Forth et al. 2018). Les auteurs concluent que les larves de ces mouches nécrophages joueraient donc un rôle négligeable dans la transmission potentielle du virus de la PPA vers les sangliers sains.

Dans une autre étude, Olesen *et al.* (2018b) ont fait ingérer des lots de 20 *S. calcitrans* infectés (chaque stomoxe ayant ingéré environ 11 à 15 µL de sang titré à 10^{5,8} HAD₅₀/mL) à des porcs domestiques sains. Les mouches étaient mélangées à l'alimentation des porcs, soit intactes, soit broyées puis homogénéisées à la nourriture. Dans ces conditions expérimentales, sept porcs sur huit ont développé la maladie (un porc ayant ingéré 20 stomoxes intacts n'a pas développé d'infection). Cependant, les quantités de virus présentes chez *S. calcitrans* étant variables, le nombre d'individus à ingérer pour assurer une infection pouvaient aller de 1 à 20 *S. calcitrans* infectés. Les auteurs considèrent que la consommation de quelques stomoxes infectés par le virus de la PPA pourrait suffire pour provoquer une infection chez un animal sain. Cependant, en milieu forestier où se trouvent les sangliers, la densité de mouches des étables (*Stomoxys calcitrans*) est très faible en comparaison avec un élevage de porcs. Dans ces conditions (milieu ouvert), la probabilité qu'un sanglier puisse ingérer plusieurs stomoxes infectés en dose suffisante pour pouvoir s'infecter avec le virus de la PPA paraît quasi-nulle avec un niveau d'incertitude moyen.

5.3.2.1 Conclusion sur la probabilité de transmission du virus de la PPA par ingestion d'arthropodes infectés

Compte tenu de leur comportement fouisseur et de l'intérêt des sangliers pour l'entomofaune présente dans et autour des carcasses en décomposition, il est envisageable que des sangliers s'infectent lors de l'ingestion d'insectes nécrophages contaminés. Si les larves qui se nourrissent sur un cadavre infecté peuvent ingérer des agents pathogènes, Forth et al. (2018) ont mis en évidence une inactivation très rapide du virus de la PPA au sein des larves de *Calliphoridae* (Forth et al., 2018). De ce fait, il y a vraisemblablement peu d'agents pathogènes qui persistent par transmission trans-stadiale et se retrouvent chez les mouches adultes. De plus, la dose infectante nécessaire à la contamination par voie orale est élevée (environ 10⁴ HAD₅₀/mL à 10⁵ HAD₅₀/mL de sang selon la souche (Howey et al. 2013, Jori and Bastos 2009, McVicar et al. 1981).

Concernant la probabilité d'ingestion d'arthropodes infectés par des porcs domestiques, il n'y a pas de données précises dans la littérature sur la consommation de mouches et de larves par ces derniers. Le cas qui semble être le plus envisageable par les experts du GT serait une ingestion de mouches, le plus vraisemblablement mortes, tombées dans l'alimentation. Ce scénario bien que possible, est cependant considéré comme peu probable par les experts.

Ainsi, sur la base des informations disponibles concernant des larves de *Calliphoridae*, **la probabilité de transmission du virus de la PPA à des suidés par ingestion d'arthropodes contaminés (y compris au stade larvaire) s'étant nourris sur une carcasse infectée et contenant du virus actif en quantité suffisante est considérée quasi-nulle (1 sur une échelle de 0 à 9), avec une incertitude moyenne** notamment en raison de la capacité des larves de ces insectes à inactiver le virus de la PPA. Des recherches complémentaires seraient néanmoins nécessaires pour confirmer ce résultat sur des larves d'autres espèces d'arthropodes nécrophages telles que d'autres espèces de *Calliphoridae*, de *Muscidae* ou de *Sarcophagidae*.

La transmission du virus par consommation d'arthropodes infectés au stade adulte est possible en conditions expérimentales (Olesen et al. 2018b), notamment lorsque ces vecteurs se retrouvent dans l'alimentation, mais semble négligeable en conditions naturelles (avec une incertitude moyenne).

5.3.2.2 Autres risques liés à la présence de carcasses contaminées

La persistance du virus de la PPA dans des carcasses de sangliers en putréfaction revêt une importance particulière, car celles-ci peuvent rester dans l'environnement jusqu'à leur décomposition totale et présenter des titres viraux particulièrement élevés.

Bien que le cannibalisme, même en conditions difficiles, soit considéré comme négligeable chez les sangliers, ces derniers peuvent entrer en contact avec les carcasses de leurs congénères. Le risque de contamination est alors lié à la transmission du virus *via* la consommation ou le contact oro-nasal avec les tissus infectés de la carcasse. Ainsi, en raison de :

- la courte phase de signes cliniques et de l'excrétion de virus associée ;
- du comportement des sangliers ;
- de leur écologie et densité de population ;
- de la persistance du virus de la PPA dans les carcasses ;

le risque de transmission du virus de la PPA à des sangliers sauvages *via* une carcasse contaminée est considéré par certains auteurs, comme plus important que le risque de transmission par contact direct entre animaux infectieux vivants (Guinat, Gogin, et al. 2016, EFSA 2015). Aussi, considérant les données actuelles **la probabilité de transmission du virus de la PPA à des suidés par contact direct avec des carcasses infectées est avérée.**

En outre, lors du processus de décomposition de la carcasse, les fluides contenant potentiellement du virus pénètrent dans le sol, en dessous et à proximité de la carcasse, et peuvent ainsi contaminer des substrats comme le sol ou l'eau environnante. L'évaluation du risque de dissémination du virus de la PPA dans l'environnement est abordée dans un autre rapport du Gecu « PPA » de l'Anses (Avis n°2019-SA-0081).

6 Analyse des sources d'incertitudes

Les experts du GT ont listé les principales sources d'incertitudes dans le Tableau 8 en suivant les recommandations du rapport du groupe de travail « Méthodologie d'Évaluation des Risques » (GT MER) de l'Anses (Anses 2017).

Tableau 8 : Typologie des sources d'incertitude

Catégorie	Sous-catégorie	Origine et sources (causes)	Prise en compte par le GT	Impact (I) et direction (D) sur le résultat
Contexte	Cadrage/ formulation de la question Ce qui est induit par le contexte/ périmètre	Reformulation du périmètre et des questions de la saisine	Oui (reformulation des questions de l'autosaisine et clarifications apportées par le GT)	I : faible D : non qualifiable
		Absence de données sur la compétence vectorielle des arthropodes hématophages présents en France métropolitaine vis-à-vis du virus de la PPA	Oui (élicitation d'experts réalisée pour hiérarchiser les vecteurs)	I : fort D : non qualifiable
Corpus de connaissance	État des connaissances Absence, incomplète, inadéquation	Peu de données sur la présence et l'abondance des arthropodes hématophages présents dans les élevages en particulier lors du dépeuplement d'un foyer et vide sanitaire et à proximité des sangliers en particulier notion d'effet de dilution dans la faune sauvage	Oui (choix de scénarios avec des ratios allant de 5 à 100 stomoxes/porc)	I : fort D : sur et sous estimation
		Absence de certaines données nécessaires à la modélisation, telles que la dose infectante et le volume de sang régurgité.	Oui (analyse de sensibilité réalisée pour la dose infectante et le volume de sang régurgité)	I : fort D : sur et sous estimation
		Les recherches bibliographiques ont été réalisées de manière non exhaustive pour la plupart des sujets (biologie et écologie des vecteurs...) et les articles choisis sur avis d'experts.	Oui (méthode de recherche bibliographique exposée de manière transparente, tableau PRISMA)	I : fort D : non qualifiable
	Méthode de collecte des données Représentativité, protocole, puissance, méthode de mesure	Les recherches bibliographiques ont été réalisées de manière la plus exhaustive		

Catégorie	Sous-catégorie	Origine et sources (causes)	Prise en compte par le GT	Impact (I) et direction (D) sur le résultat
		possible pour la compétence vectorielle des différents vecteurs envisagés. La méthode Prisma a été utilisée pour sélectionner les articles		
	Modèles existants Adéquation, validité, paramètres....	Absence de modèle préexistant	Sans objet	
Méthode d'évaluation	Données sélectionnées Critères de sélections, jugement d'experts, extrapolation	Grand nombre de typologies d'élevages porcins en France	Oui (choix de scénarios avec une taille d'élevage de 200, 500 et 1 000 porcs avec ou sans parcours extérieur)	I : fort D : sur estimation
		Présence de bovins et de chevaux possible à proximité des élevages de porcs	Non	I : non quantifiable D : non qualifiable
	Méthodes d'intégration des données En lien avec le schéma conceptuel : choix des paramètres, extrapolation, logiciels utilisés, nombre de simulations	Nombreuses voies de transmission possibles du virus de la PPA	Oui (choix de plusieurs scénarios de transmission du virus pour analyses quantitatives et qualitatives du risque de transmission)	I : fort D : sur et sous-estimation
	Interprétation des résultats Peut générer des incertitudes en raison de biais cognitif des experts, d'extrapolation d'un champ à l'autre ou de perception dans un contexte de forts enjeux économiques et politiques	Pas de source d'incertitude identifiée	-	-
Communication des résultats	Présentation et expression des résultats	Pas de source d'incertitude identifiée	-	-

7 Conclusions du groupe de travail

Depuis l'apparition de foyers de peste porcine africaine dans le sud de la Belgique en septembre 2018, l'éventuelle introduction du virus de la PPA en France métropolitaine constitue une menace pour les élevages porcins et la population de sangliers.

Les principales voies de transmission du virus sont le contact direct entre suidés et la transmission indirecte (*via* des objets contaminés...). Cependant, un certain nombre d'éléments (tels que la saisonnalité de la maladie dans certains élevages...) ont amené scientifiques et gestionnaires à s'interroger sur une éventuelle implication d'arthropodes dans la transmission du virus. Le présent rapport s'intéresse à cette possibilité. En effet, l'objectif de l'expertise était double : identifier les arthropodes présents en France métropolitaine susceptibles de jouer un rôle dans la diffusion du virus, que ce soit par transmission vectorielle, par transport passif ou par ingestion et évaluer la contribution éventuelle de ces arthropodes à la diffusion du virus, notamment vers les élevages porcins.

Dans un premier temps, les experts se sont intéressés à la transmission vectorielle par des arthropodes hématophages. Seules les tiques molles du genre *Ornithodoros* sont actuellement considérées comme des vecteurs biologiques avérés du virus de la PPA. Cependant, ces tiques ne sont pas présentes en France métropolitaine. La probabilité de transmission du virus de la PPA à des suidés par des tiques *Ornithodoros* spp. en France métropolitaine a donc été considérée comme quasi-nulle.

En théorie, d'autres arthropodes présents en France métropolitaine sont susceptibles d'être impliqués dans la transmission vectorielle du virus de la PPA. Cependant, très peu de données sont disponibles dans la littérature scientifique en ce qui concerne leur compétence vectorielle pour ce virus. Une élicitation d'experts a donc été réalisée afin de hiérarchiser les vecteurs en fonction de leur capacité vectorielle potentielle. Au terme de cette élicitation, les stomoxes sont apparus comme étant les vecteurs les plus susceptibles d'être impliqués dans la transmission vectorielle du virus de la PPA, *via* une transmission mécanique.

Les experts ont ensuite évalué la probabilité de transmission vectorielle du virus de la PPA à des suidés. Pour cela, plusieurs scénarios de diffusion ont été étudiés par modélisation de la transmission par des stomoxes (de la faune sauvage vers un élevage et en intra-élevage) ou par analyses qualitatives (entre élevages, au sein de la faune sauvage et de la faune sauvage vers un élevage). Les résultats de ces estimations sont présentés dans le Tableau 9.

Dans un second temps, les experts se sont intéressés au rôle des arthropodes en tant que « transporteurs » passifs du virus de la PPA. La transmission du virus par ingestion d'arthropodes a également été étudiée. Pour ce faire, l'écosystème-cadavre de suidés et le comportement trophique des sangliers ont été documentés. La probabilité de transmission du virus de la PPA à des suidés par ces différentes voies d'exposition a également fait l'objet d'analyses qualitatives présentées dans le Tableau 9.

De ces analyses, il ressort que le rôle potentiel des arthropodes présents en France métropolitaine dans la transmission du virus de la PPA est très variable (probabilités quasi-nulles à élevées) selon les scénarios et les voies de transmission envisagés. Leur importance dépend de paramètres tels que le nombre d'animaux infectés, le nombre d'arthropodes dans le milieu ou encore de leurs distances de déplacement. Vis-à-vis d'une possible transmission vectorielle, les experts estiment que le risque le plus important survient dans un contexte de vide sanitaire créé par le dépeuplement d'un élevage porcine infecté suivi d'une transmission vectorielle vers la faune sauvage ou un autre élevage si ce dernier est proche. Concernant la transmission intra-élevage au sein d'une population de porcs contaminée, la présence d'arthropodes hématophages peut contribuer à la transmission

du virus ; toutefois, leur rôle reste vraisemblablement minime par rapport à la transmission par contact direct.

Enfin, les experts soulignent le fait que les réponses apportées dans le présent rapport présentent un niveau d'incertitude modéré à élevé (voir Tableau 9) en raison d'une part d'un nombre limité d'études scientifiques disponibles (manque d'information sur la compétence et la capacité vectorielle des vecteurs hématophages en lien avec le virus de la PPA, manque de connaissance sur la quantité de virus présente dans et sur les vecteurs potentiels), et d'autre part de la variabilité de nombreux facteurs pouvant influencer la transmission du virus de la PPA (le type d'élevage, le niveau de biosécurité dans l'élevage...).

Tableau 9 : Synthèse des probabilités de transmission du virus de la PPA en fonction des voies de transmission investiguées dans le rapport classés par ordre décroissant de risque

DIFFUSION DU VIRUS DE LA PPA	VOIES DE TRANSMISSION	ANALYSE	SCENARIOS POSSIBLES	PROBABILITE (SUR UNE ECHELLE DE 0 A 9)	NIVEAU D'INCERTITUDE
DIFFUSION ENTRE ELEVAGES	Voie vectorielle, dépend des conditions de biosécurité et de la densité des élevages dans la zone considérée	Analyses qualitatives sur les données bibliographiques disponibles et/ou avis d'experts	Vide sanitaire après un dépeuplement d'un élevage de porcs infectés par le virus de la PPA, un nombre important d'arthropodes hématophages potentiellement contaminés pourraient se retrouver sans hôte à proximité et, de ce fait, se déplacer vers d'autres élevages aux alentours et introduire le virus dans un nouvel élevage	assez élevée à élevée (7 à 8)	élevé
DIFFUSION INTRA-ELEVAGE	Voie vectorielle mécanique, par les stomoxes dans les élevages de porc avec un accès extérieur et caillebotis	Modèle mécaniste	Transmission vectorielle en parallèle d'une transmission directe au sein d'un élevage de porc	peu élevée à assez élevée (6 à 7)	élevé
DIFFUSION D'UN ELEVAGE A LA FAUNE SAUVAGE	Voie vectorielle	Analyses qualitatives sur les données bibliographiques disponibles et/ou avis d'experts	Vide sanitaire après un dépeuplement d'un élevage de porcs infectés par le virus de la PPA, un nombre important d'arthropodes hématophages potentiellement contaminés pourraient se retrouver sans hôte à proximité et, de ce fait, sortir de l'élevage et transmettre le virus à des sangliers	faible à assez élevée (5 à 7)	élevé
DIFFUSION AU SEIN DE LA FAUNE SAUVAGE	voie vectorielle	Analyses qualitatives sur les données bibliographiques disponibles et/ou avis d'experts	Un arthropode s'infecte sur un sanglier contaminé et, à la faveur d'un repas de sang, infecte à son tour un sanglier d'une même compagnie ou d'une compagnie voisine	faible à assez élevée au sein d'une compagnie (5 à 7) très faible à faible entre compagnies (4 à 5)	élevé
DIFFUSION DE LA FAUNE SAUVAGE A UN ELEVAGE SAIN	Voie vectorielle	Modèle probabiliste	Introduction en élevage du virus de la PPA par l'intermédiaire des stomoxes	extrêmement faible à faible (3 à 5)	moyen

DIFFUSION D'UN ELEVAGE A LA FAUNE SAUVAGE	Voie vectorielle	Analyses qualitatives sur les données bibliographiques disponibles et/ou avis d'experts	Un arthropode s'infecte sur un porc contaminé et, après avoir quitté l'élevage, à la faveur d'un repas de sang, infecte à son tour un sanglier dans l'environnement forestier avoisinant l'élevage	extrêmement faible à faible (3 à 5)	élevé
DIFFUSION ENTRE ELEVAGES	Voie vectorielle, dépend des conditions de biosécurité et de la densité des élevages dans la zone considérée	Analyses qualitatives sur les données bibliographiques disponibles et/ou avis d'experts	Élevages situés dans des zones à forte densité porcine, il est envisageable que des arthropodes vecteurs contaminés puissent transmettre le virus de la PPA d'un élevage contaminé à un élevage sain	minime à faible (2 à 5)	élevé
DIFFUSION ENTRE ELEVAGES	Voie vectorielle, dépend des conditions de biosécurité et de la densité des élevages dans la zone considérée	Analyses qualitatives sur les données bibliographiques disponibles et/ou avis d'experts	Transferts d'animaux d'un élevage à un autre, des arthropodes hématophages infectés peuvent aussi être transportés et ainsi parcourir de longues distances pour se retrouver dans un nouvel élevage	quasi-nulle à extrêmement faible (1 à 3)	élevé
DIFFUSION AU SEIN DE LA FAUNE SAUVAGE	Ingestion d'arthropodes infectés	Analyses qualitatives sur les données bibliographiques disponibles et/ou avis d'experts	Un sanglier se nourrit d'arthropodes infectés sur une carcasse infectée qui contient du virus actif en quantité suffisante	quasi-nulle (1)	moyen

seul vecteur biologique avéré du virus de la PPA ; (2) sur la base des données bibliographiques disponibles et avis d'experts ; NA : Non Appliqué

8 Recommandations

En matière de gestion du risque de transmission du virus de la PPA à des suidés via des arthropodes vecteurs, des insectes transporteurs ou nécrophages

Considérant :

- la découverte de cadavres de sangliers atteints du virus de la PPA à la frontière franco-belge en janvier 2019 ;
- la nécessité d'anticiper la progression du virus de la PPA ;
- l'hypothèse selon laquelle des arthropodes présents en France métropolitaine, contaminés par le virus de la PPA sur des suidés infectés ou leurs carcasses, pourraient transmettre le virus à des animaux sains (au sein de la faune sauvage ou dans des élevages porcins) ;
- les données de la littérature scientifique indiquant que *Stomoxys calcitrans* est capable de transmettre le virus de la PPA à des suidés sains par transmission mécanique ;
- les recommandations déjà disponibles concernant la transmission directe du virus⁴² ;

Concernant les forêts situées dans une zone de circulation du virus de la PPA⁴³ ou dans une zone à risque tant que ces zones ne sont pas considérées comme indemnes de PPA ;

les experts du GT « vecteurs PPA » recommandent :

- de poursuivre la politique de la zone « blanche » de sangliers autour des zones de circulation du virus de la PPA⁴³ afin de limiter le risque d'introduction du virus de la PPA en France métropolitaine, en réduisant les sources de contamination pour des vecteurs potentiels ;
- d'éliminer systématiquement les carcasses de sangliers, tel que recommandé dans les avis précédents de l'Anses (voir notamment les avis 2019-SA-0081, 2019-SA-0120, 2019-SA-0004), afin de limiter la création de réservoirs de virus disponible pour les arthropodes au sein de la forêt ;

Concernant les élevages situés dans une zone de circulation du virus de la PPA⁴³ ou dans une zone à risque (régions limitrophes)

Les experts du GT « vecteurs PPA » recommandent :

- en cas de foyer de PPA dans un élevage, de réaliser le dépeuplement de l'élevage à l'intérieur des bâtiments et de procéder à une désinsectisation avant ou immédiatement après le dépeuplement (selon les conditions d'utilisation des produits) afin de ne pas laisser d'arthropodes présents dans l'élevage au moment du vide sanitaire ;
- de limiter l'introduction et la prolifération d'arthropodes (stomoxes...) dans les élevages, notamment :
 - en rappelant les règles de biosécurité en élevage (sas d'entrée, qualité des aliments, lampes anti-insectes, utilisation de toiles moustiquaires...) ;

⁴² Les risques de transmission par contact direct ont déjà été traités dans les avis de l'Anses 2019-SA-0081 et 2019-SA-0120.

⁴³ À proximité de la frontière franco-belge actuellement (octobre 2019).

- en nettoyant régulièrement les zones d'élevage et en évitant le stockage des déchets (fumier et lisier) ou en couvrant les fosses à lisier à proximité des élevages de porcs avec un accès extérieur, comme le recommande le comité scientifique de l'AFSCA 06/2019⁴⁴ ;
- d'assurer le respect des mesures de biosécurité, comme indiqué dans l'arrêté⁴⁵ du 16 octobre 2018, visant à limiter la proximité des sangliers et des porcs et par conséquent diminuer le risque d'introduction par les arthropodes qui les accompagnent ;
- de s'assurer de la bonne réalisation d'un nettoyage, d'une désinfection voire, le cas échéant, de l'application d'insecticides et de répulsifs dans les camions transportant des suidés ; d'améliorer la traçabilité des mouvements d'animaux vivants, en particulier pour les animaux provenant de pays tiers.

En matière de recherches

Considérant :

- l'absence de données sur la compétence vectorielle des différents vecteurs présents en France métropolitaine vis-à-vis du virus de la PPA ;
- le manque de données sur la présence et la densité d'arthropodes hématophages dans les milieux fréquentés par les suidés sauvages et domestiques et leurs préférences trophiques ;
- l'absence de données sur les paramètres biologiques d'alimentation des stomoxes dans les conditions de terrain (empêchant une bonne calibration des modèles de transmission) ;

les experts du GT « vecteurs PPA » recommandent :

- de surveiller l'introduction éventuelle de la tique *Ornithodoros erraticus* en France métropolitaine à partir de la péninsule ibérique ;
- d'évaluer la dose infectieuse du virus de la PPA qu'un arthropode est capable d'inoculer ou transporter ;
- d'étudier la persistance du virus de la PPA par isolement viral afin d'évaluer sa virulence (son pouvoir infectieux) en fonction du temps :
 - dans les carcasses de suidés ;
 - sur les pièces buccales des insectes (mouches piqueuses, moustiques...) ;
 - dans l'entomofaune ainsi que chez les autres espèces de la microfaune (nématodes...) et petits organismes (tels que les gastéropodes) présents autour des carcasses de sangliers ;
- de développer les connaissances sur la lutte contre les arthropodes dans les élevages : lutte insecticide -avec ses limites- et lutte alternative (piégeage, répulsif, régulateur de croissance, hyménoptères parasitoïdes des stomoxes, etc.) ;
- d'évaluer le taux d'infection des stomoxes dans les zones infectées actuelles, afin de mieux quantifier leur rôle potentiel dans la transmission vectorielle mécanique ;
- de quantifier la présence et l'abondance de stomoxes et de tabanidés, ainsi que de faire un inventaire des espèces de *Tabanidae* présentes dans les élevages de porcs ;

⁴⁴ Le comité scientifique institué auprès de l'AFSCA, le SciCom a rendu un avis 06-2019 approuvé le 22 mars 2019, relatif à la gestion des sous-produits animaux non destinés à la consommation humaine en cas de foyer de tuberculose, de brucellose, de botulisme et de PPA : http://www.afsca.be/comitescientifique/avis/2019/ documents/Avis06-2019_SciCom2018-10_gestionSPA_000.pdf

⁴⁵ <https://www.legifrance.gouv.fr/eli/arrete/2018/10/16/AGRG1828116A/jo/texte>

- de documenter la présence, l'abondance et les préférences trophiques des arthropodes hématophages présents dans les milieux forestiers fréquentés par des sangliers (notamment avec analyse des repas sanguins) ;
- d'étudier la compétence et la capacité vectorielle des différents arthropodes évoqués dans le rapport (en priorité pour les stomoxes et les espèces de tabanidés les plus fréquentes en France et les plus susceptibles de se gorger sur les suidés) (ex. volume et fréquence de la régurgitation chez les stomoxes...) ;
- d'étudier les capacités de transport passif des différents arthropodes (hématophages et non-hématophages) évoqués dans le rapport (durée de survie du virus, quantification des doses de virus transportables sur les pattes, le corps, etc.), et de vérifier expérimentalement si des arthropodes « transporteurs » sont capables de transmettre le virus de la PPA d'un animal contaminé à un animal sain ;
- de caractériser les différentes voies de transmission du virus de la PPA par des arthropodes transporteurs, notamment la possibilité de transmission par contact avec la muqueuse conjonctivale et d'évaluer, si cette hypothèse était confirmée, si la dose infectieuse nécessaire pour cette voie est compatible avec le transport du virus entre animaux par des arthropodes ;
- d'étudier les mécanismes d'inactivation du virus de la PPA par des larves d'arthropodes nécrophages, notamment en évaluant la capacité des larves d'autres espèces nécrophages que les *Calliphoridae* à inactiver le virus de la PPA.

Date de validation du rapport d'expertise collective par le groupe de travail : le 20 décembre 2019.

9 Bibliographie

- Abonnenc, Emile. 1972. Les phlébotomes de la région éthiopienne (Diptera, Psychodidae). edited by multigr. (Mémoires ORSTOM ; 55) Paris : ORSTOM.
- Acikgoz, H. N., E. E. Ilgit, and M. Taleb. 2018. "Assessment of Entomological Remains from Soil Samples Collected from a Pig (*Sus scrofa domestica*) Carcass Decomposition Site after 13 Years." *Turkiye Parazit Derg* 42 (4):281-285. doi: 10.5152/tpd.2018.5917.
- Andreadis, S. S., O. C. Dimotsiou, and M. Savopoulou-Soultani. 2014. "Variation in adult longevity of *Culex pipiens f. pipiens*, vector of the West Nile Virus." *Parasitol Res* 113 (11):4315-9. doi: 10.1007/s00436-014-4152-x.
- Anses. 2014. Avis relatif à « la situation sanitaire et au risque d'émergence en matière de pestes porcines en France Maisons-Alfort, France: Anses.
- Anses. 2017. Avis de l'Anses relatif à "Illustrations et actualisation des recommandations pour l'évaluation du poids des preuves et l'analyse d'incertitude à l'Anses". edited by Anses. Maisons-Alfort: Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail.
- Anses. 2018. AVIS de l'Anses relatif à une évaluation du risque lié au dépeuplement d'élevages porcins, opérations mises en œuvre en cas de foyers de PPA en élevage Maisons-Alfort: Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail
- Anses. 2019. Avis relatif à " l'évaluation des mesures de gestion à mettre en place en cas de découverte d'un cas de peste porcine africaine dans la faune sauvage dans les différentes zones réglementées françaises". In *Avis*. Maisons-Alfort: Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail.
- Baldacchino, F., V. Muenworn, M. Desquesnes, F. Desoli, T. Charoenviriyaphap, and G. Duvallet. 2013. "Transmission of pathogens by *Stomoxys* flies (Diptera, Muscidae): a review." *Parasite* 20:26. doi: 10.1051/parasite/2013026.
- Ballari, Sebastián A, and M Noelia Barrios-García. 2014. "A review of wild boar *Sus scrofa* diet and factors affecting food selection in native and introduced ranges." *Mammal Review* 44 (2):124-134.
- Barros, A. T., and L. D. Foil. 2007. "The influence of distance on movement of tabanids (Diptera: Tabanidae) between horses." *Vet Parasitol* 144 (3-4):380-4. doi: 10.1016/j.vetpar.2006.09.041.
- Bartsch, S., B. Bauer, A. Wiemann, P. H. Clausen, and S. Steuber. 2009. "Feeding patterns of biting midges of the *Culicoides obsoletus* and *Culicoides pulicaris* groups on selected farms in Brandenburg, Germany." *Parasitol Res* 105 (2):373-80. doi: 10.1007/s00436-009-1408-y.
- Baum, M., E. A. de Castro, M. C. Pinto, T. M. Goulart, W. Baura, R. Klisiowicz Ddo, and M. C. Vieira da Costa-Ribeiro. 2015. "Molecular detection of the blood meal source of sand flies (Diptera: Psychodidae) in a transmission area of American cutaneous leishmaniasis, Parana State, Brazil." *Acta Trop* 143:8-12. doi: 10.1016/j.actatropica.2014.11.006.
- Bernard, J., E. Hutet, F. Paboeuf, T. Randriamparany, P. Holzmuller, R. Lancelot, V. Rodrigues, L. Vial, and M. F. Le Potier. 2016. "Effect of *O. porcinus* Tick Salivary Gland Extract on the African Swine Fever Virus Infection in Domestic Pig." *PLoS One* 11 (2):e0147869. doi: 10.1371/journal.pone.0147869.
- Berry, I. L., and J. B. Campbell. 1985. "Time and Weather Effects on Daily Feeding Patterns of Stable Flies (Diptera: Muscidae)." *Environmental Entomology* 14 (3):336-342. doi: 10.1093/ee/14.3.336.
- Beugnet, F., J. Fourie, and K. Chalvet-Monfray. 2012. "Comparative efficacy on dogs of a single topical treatment with fipronil/(S)-methoprene or weekly physiological hygiene shampoos against *Ctenocephalides felis* in a simulated flea-infested environment." *Parasite* 19 (2):153-8. doi: 10.1051/parasite/2012192153.
- Birley, M. H., and J. P. T. Boorman. 1982. "Estimating the Survival and Biting Rates of Haematophagous Insects, with Particular Reference to the *Culicoides obsoletus* Group (Diptera, Ceratopogonidae) in Southern England." *The Journal of Animal Ecology* 51 (1). doi: 10.2307/4315.
- Blackwell, A., P. S. Mellor, and W. Mordue. 1994. "Laboratory feeding of *Culicoides impunctatus* (Diptera: Ceratopogonidae) through natural and artificial membranes." *J Med Entomol* 31 (2):302-5. doi: 10.1093/jmedent/31.2.302.
- Blome, S., C. Gabriel, and M. Beer. 2013. "Pathogenesis of African swine fever in domestic pigs and European wild boar." *Virus Res* 173 (1):122-30. doi: 10.1016/j.virusres.2012.10.026.
- Blome, S., C. Gabriel, K. Dietze, A. Breithaupt, and M. Beer. 2012. "High virulence of African swine fever virus caucasus isolate in European wild boars of all ages." *Emerg Infect Dis* 18 (4):708. doi: 10.3201/eid1804.111813.
- Boinas, F., R. Ribeiro, S. Madeira, M. Palma, I. L. de Carvalho, S. Nuncio, and A. J. Wilson. 2014. "The medical and veterinary role of *Ornithodoros erraticus* complex ticks (Acari: Ixodida) on the Iberian Peninsula." *J Vector Ecol* 39 (2):238-48. doi: 10.1111/jvec.12098.

- Boinas, F. S., A. J. Wilson, G. H. Hutchings, C. Martins, and L. J. Dixon. 2011. "The persistence of African swine fever virus in field-infected *Ornithodoros erraticus* during the ASF endemic period in Portugal." *PLoS One* 6 (5):e20383. doi: 10.1371/journal.pone.0020383.
- Boklund, Anette, Brigitte Cay, Klaus Depner, Zsolt Földi, Vittorio Guberti, Marius Masiulis, Aleksandra Miteva, Simon More, Edvins Olsevskis, Petr Šatrán, Mihaela Spiridon, Karl Stahl, Hans-Hermann Thulke, Arvo Viltrop, Grzegorz Wozniakowski, Alessandro Broglia, José Cortinas Abrahantes, Sofie Dhollander, Andrey Gogin, Frank Verdonck, Laura Amato, Alexandra Papanikolaou, and Christian Gortázar. 2018. "Epidemiological analyses of African swine fever in the European Union (November 2017 until November 2018)." *EFSA Journal* 16 (11). doi: 10.2903/j.efsa.2018.5494.
- Bongiorno, G., A. Habluetzel, C. Khoury, and M. Maroli. 2003. "Host preferences of phlebotomine sand flies at a hypoendemic focus of canine leishmaniasis in central Italy." *Acta Tropica* 88 (2):109-116. doi: 10.1016/s0001-706x(03)00190-6.
- Börstler, Jessica, Hanna Jöst, Rolf Garms, Andreas Krüger, Egbert Tannich, Norbert Becker, Jonas Schmidt-Chanasit, and Renke Lühken. 2016. "Host-feeding patterns of mosquito species in Germany." *Parasites & Vectors* 9 (1). doi: 10.1186/s13071-016-1597-z.
- Bose, R., K. T. Friedhoff, S. Olbrich, G. Buscher, and I. Domeyer. 1987. "Transmission of *Trypanosoma theileri* to cattle by Tabanidae." *Parasitol Res* 73 (5):421-4. doi: 10.1007/bf00538199.
- Bouchery, Nicolas. 2007. "Soin des leishmanioses dans le sud du Honduras Une alternative: *Clematis dioica*." thèse de pharmacie, université de Lille 2.
- Boulanger, P, GL Bannister, DP Gray, GM Ruckerbauer, and NG Willis. 1967. "II. Detection of the Virus in Swine Tissues by Means of the Modified Direct Complement-Fixation Test." *Canadian journal of comparative medicine and veterinary science* 31 (1):7.
- Bouyer, J., Y. Grimaud, M. Pannequin, O. Esnault, and M. Desquesnes. 2011. "Importance épidémiologique et contrôle des stomoxes à la Réunion." *Bulletin Epidémiologique* 43:53-58.
- Braverman, Y., and F. Chechik. 1996. "Air streams and the introduction of animal diseases borne on Culicoides (Diptera, Ceratopogonidae) into Israel." *Rev Sci Tech* 15 (3):1037-52.
- Bravo-Barriga, D., R. Parreira, C. Maia, M. O. Afonso, J. Blanco-Ciudad, F. J. Serrano, J. E. Perez-Martin, L. Gomez-Gordo, L. Campino, D. Reina, and E. Frontera. 2016. "Detection of *Leishmania* DNA and blood meal sources in phlebotomine sand flies (Diptera: Psychodidae) in western of Spain: Update on distribution and risk factors associated." *Acta Trop* 164:414-424. doi: 10.1016/j.actatropica.2016.10.003.
- Briedermann, L. 1976. "Ergebnisse einer Inhaltsanalyse von 665 Wildschweinmägen." *Zool. Garten* 46 (3):157-185.
- Brown, V. R., and S. N. Bevins. 2018. "A Review of African Swine Fever and the Potential for Introduction into the United States and the Possibility of Subsequent Establishment in Feral Swine and Native Ticks." *Front Vet Sci* 5:11. doi: 10.3389/fvets.2018.00011.
- Brugman, V. A., L. M. Hernandez-Triana, J. M. Medlock, A. R. Fooks, S. Carpenter, and N. Johnson. 2018. "The Role of *Culex pipiens* L. (Diptera: Culicidae) in Virus Transmission in Europe." *Int J Environ Res Public Health* 15 (2). doi: 10.3390/ijerph15020389.
- Burrage, T. G. 2013. "African swine fever virus infection in *Ornithodoros* ticks." *Virus Res* 173 (1):131-9. doi: 10.1016/j.virusres.2012.10.010.
- Butler, J. F., W. J. Kloft, L. A. DuBose, and E. S. Kloft. 1977. "Recontamination of food after feeding a 32P food source to biting muscidae." *J Med Entomol* 13 (4-5):567-71. doi: 10.1093/jmedent/13.4-5.567.
- Buxton, BA, NC Hinkle, and RD Schultz. 1985. "Role of insects in the transmission of bovine leukosis virus: potential for transmission by stable flies, horn flies, and tabanids." *Am J Vet Res*. 46 (1):123-6.
- Carrasco-Garcia, Ricardo, Patricia Barroso, Javier Perez-Olivares, Vidal Montoro, and Joaquín Vicente. 2018. "Consumption of big game remains by scavengers: A potential risk as regards disease transmission in central Spain." *Frontiers in veterinary science* 5:4.
- Chen, H., K. Li, H. Shi, Y. Zhang, Y. Ha, Y. Wang, J. Jiang, Y. Wang, Z. Yang, J. Xu, and Y. Ma. 2016. "Ecological niches and blood sources of sand fly in an endemic focus of visceral leishmaniasis in Jiuzhaigou, Sichuan, China." *Infect Dis Poverty* 5:33. doi: 10.1186/s40249-016-0126-9.
- Chenais, E., K. Stahl, V. Guberti, and K. Depner. 2018. "Identification of Wild Boar-Habitat Epidemiologic Cycle in African Swine Fever Epizootic." *Emerg Infect Dis* 24 (4):810-812. doi: 10.3201/eid2404.172127.
- Christodoulopoulos, G., and G. Theodoropoulos. 2003. "Infestation of dairy goats with the human flea, *Pulex irritans*, in central Greece." *Vet Rec* 152 (12):371-2. doi: 10.1136/vr.152.12.371.
- Chvala, M. 1979. "Daily activity of Tabanidae in the Caucasus." *Angew Parasitol* 20 (1):38-45.
- Chvála, M., L. Lyneborg, and J. Moucha. 1972. *The horse flies of Europe (Diptera, Tabanidae)*. Edited by Entomological Society of Copenhagen. Entomological Society of Copenhagen ed: Entomological Society of Copenhagen.

- Clements, AN. 2012. "The biology of mosquitoes. Volume 3: Transmission of viruses and interactions with bacteria." *The biology of mosquitoes. Volume 3: Transmission of viruses and interactions with bacteria*.
- Colonge, H. 2011. "contribution a l'étude du repas sanguin de Phlebotomus perniciosus (Diptera: Psychodidae).", Ecole nationale vétérinaire.
- Coronado, A, Butler JF, Becnel J, and GHogsette J. 2004. "Artificial feeding in the stable fly *Stomoxys calcitrans* and their relationship with the blood meal destination." Proceedings of the 1st international symposium and 2nd national symposium on Haemoparasites and their vectors, Caracas, Venezuela, October 2004.
- Costard, S., L. Mur, J. Lubroth, J. M. Sanchez-Vizcaino, and D. U. Pfeiffer. 2013. "Epidemiology of African swine fever virus." *Virus Res* 173 (1):191-7. doi: 10.1016/j.virusres.2012.10.030.
- Costard, S., B. Wieland, W. de Glanville, F. Jori, R. Rowlands, W. Vosloo, F. Roger, D. U. Pfeiffer, and L. K. Dixon. 2009. "African swine fever: how can global spread be prevented?" *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 364 (1530):2683-96. doi: 10.1098/rstb.2009.0098.
- Cross, RF, CK Smith, and DR. Redman. 1971. "Observations on *Trypanosoma theileri* infection in cattle." *Can J Comp Med* 35 (1):12-7.
- Dantas-Torres, F., B. B. Chomel, and D. Otranto. 2012. "Ticks and tick-borne diseases: a One Health perspective." *Trends Parasitol* 28 (10):437-46. doi: 10.1016/j.pt.2012.07.003.
- Dardaillon, Maryse. 1986. "Seasonal variations in habitat selection and spatial distribution of wild boar (*Sus scrofa*) in the Camargue, Southern France." *Behavioural Processes* 13 (3):251-268.
- de Carvalho Ferreira, H. C., J. A. Backer, E. Weesendorp, D. Klinkenberg, J. A. Stegeman, and W. L. Loeffen. 2013. "Transmission rate of African swine fever virus under experimental conditions." *Vet Microbiol* 165 (3-4):296-304. doi: 10.1016/j.vetmic.2013.03.026.
- de Carvalho Ferreira, H. C., E. Weesendorp, A. R. Elbers, A. Bouma, S. Quak, J. A. Stegeman, and W. L. Loeffen. 2012. "African swine fever virus excretion patterns in persistently infected animals: a quantitative approach." *Vet Microbiol* 160 (3-4):327-40. doi: 10.1016/j.vetmic.2012.06.025.
- de Carvalho Ferreira, H. C., E. Weesendorp, S. Quak, J. A. Stegeman, and W. L. A. Loeffen. 2014. "Suitability of faeces and tissue samples as a basis for non-invasive sampling for African swine fever in wild boar." *Veterinary Microbiology* 172 (3):449-454. doi: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2014.06.016>.
- de la Fuente, José, Victoria Naranjo, Francisco Ruiz-Fons, Joaquín Vicente, Agustín Estrada-Peña, Consuelo Almazán, Katherine M. Kocan, M^a Paz Martín, and Christian Gortázar. 2004. "Prevalence of tick-borne pathogens in ixodid ticks (Acari: Ixodidae) collected from European wild boar (*Sus scrofa*) and Iberian red deer (*Cervus elaphus hispanicus*) in central Spain." *European Journal of Wildlife Research* 50 (4):187-196. doi: 10.1007/s10344-004-0060-1.
- De Liberato, C., A. Magliano, G. L. Autorino, M. Di Domenico, M. Sala, and F. Baldacchino. 2019. "Seasonal succession of tabanid species in equine infectious anaemia endemic areas of Italy." *Med Vet Entomol*. doi: 10.1111/mve.12360.
- Deplazes, P., J. Eckert, A. Mathis, G. von Samson-Himmelstjerna, and H. Zahner. 2016. *Parasitology in veterinary medicine*. Wageningen: Wageningen Academic Publishers.
- Depner, Klaus, Christian Gortazar, Vittorio Guberti, Marius Masiulis, Simon More, Edvīns Oļševskis, Hans-Hermann Thulke, Arvo Viltrop, Grzegorz Woźniakowski, José Cortiñas Abrahantes, Andrey Gogin, Frank Verdonck, and Sofie Dhollander. 2017. "Epidemiological analyses of African swine fever in the Baltic States and Poland." *EFSA Journal* 15 (11). doi: 10.2903/j.efsa.2017.5068.
- Diaz, A. V., C. L. Netherton, L. K. Dixon, and A. J. Wilson. 2012. "African swine fever virus strain Georgia 2007/1 in *Ornithodoros erraticus* ticks." *Emerg Infect Dis* 18 (6):1026-8. doi: 10.3201/eid1806.111728.
- Dietrich, M., E. Gomez-Diaz, and K. D. McCoy. 2011. "Worldwide distribution and diversity of seabird ticks: implications for the ecology and epidemiology of tick-borne pathogens." *Vector Borne Zoonotic Dis* 11 (5):453-70. doi: 10.1089/vbz.2010.0009.
- Doby, J. M., G. Bigaignon, B. Degeilh, and C. Guiguen. 1994. "Ectoparasites of large wild mammals (deer and wild boars) and Lyme borreliosis. Search for *Borrelia burgdorferi* in more than 1400 ticks, lice, *Pupipara* Diptera and fleas." *Revue de Médecine Vétérinaire* 145 (10):743-748.
- Doster, Alan R. 1995. "Skin diseases of swine." *J Swine Health Prod* 3:256-261.
- Dupraz, M., C. Toty, V. Noel, A. Estrada-Pena, J. Gonzalez-Solis, T. Bouludier, J. P. Dujardin, and K. D. McCoy. 2016. "Linking morphometric and genetic divergence with host use in the tick complex, *Ornithodoros capensis sensu lato*." *Infect Genet Evol* 46:12-22. doi: 10.1016/j.meegid.2016.10.005.
- Duvallet, G., Didier Fontenille, and Vincent Robert. 2017. *Entomologie médicale et vétérinaire*. Marseille (5FRA): IRD.
- EFSA. 2010. Scientific Opinion on the Role of Tick Vectors in the Epidemiology of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever and African Swine Fever in Eurasia. Parme, Italie: European Food Safety Authority (EFSA).

- EFSA. 2014. "Scientific Opinion on African swine fever." *EFSA Journal* 12 (4). doi: 10.2903/j.efsa.2014.3628.
- EFSA. 2018. Epidemiological analyses of African swine fever in the European Union (November 2017 until November 2018).
- EFSA, Panel on Animal Health Welfare. 2015. "African swine fever." *EFSA Journal* 13 (7):4163. doi: 10.2903/j.efsa.2015.4163.
- Ekue, N. F., P. J. Wilkinson, and R. C. Wardley. 1989. "Infection of pigs with the Cameroon isolate (Cam/82) of African swine fever virus." *J Comp Pathol* 100 (2):145-54. doi: 10.1016/0021-9975(89)90125-4.
- Eriksson, O, and M Petrov. 1995. "Wild boars (*Sus scrofa* L.) around Chernobyl, Ukraine." *Seasonal feed choice in an environment under transition. A baseline study. IBEX* 3:171-173.
- Eritja, Roger, John R. B. Palmer, David Roiz, Isis Sanpera-Calbet, and Frederic Bartumeus. 2017. "Direct Evidence of Adult *Aedes albopictus* Dispersal by Car." *Scientific Reports* 7 (1):14399. doi: 10.1038/s41598-017-12652-5.
- Filatov, S. 2016. "Ornithodoros verrucosus in Ukraine: evaluating regional presence and its possible impact on the epidemiology of African swine fever." XXV International Congress of Entomology, Orlando, USA, September 25–30.
- Fischer, D., P. Moeller, S. M. Thomas, T. J. Naucke, and C. Beierkuhnlein. 2011. "Combining climatic projections and dispersal ability: a method for estimating the responses of sandfly vector species to climate change." *PLoS Negl Trop Dis* 5 (11):e1407. doi: 10.1371/journal.pntd.0001407.
- Foil, LD, CL Meek, WV Adams, and CJ. Issel. 1983. "Mechanical transmission of equine infectious anemia virus by deer flies (*Chrysops flavidus*) and stable flies (*Stomoxys calcitrans*)." *Am J Vet Res.* 44 (1):155-6.
- Fonteles, R. S., A. A. Pereira Filho, J. L. P. Moraes, S. R. F. Pereira, B. L. Rodrigues, and J. M. M. Rebelo. 2018. "Detection of *Leishmania* DNA and Blood Meal Identification in Sand Flies (Diptera: Psychodidae) From Lencois Maranhenses National Park Region, Brazil." *J Med Entomol* 55 (2):445-451. doi: 10.1093/jme/tjx230.
- Forth, J. H., J. Amendt, S. Blome, K. Depner, and H. Kampen. 2018. "Evaluation of blowfly larvae (Diptera: Calliphoridae) as possible reservoirs and mechanical vectors of African swine fever virus." *Transbound Emerg Dis* 65 (1):e210-e213. doi: 10.1111/tbed.12688.
- Forth, J. H., M. Tignon, A. B. Cay, L. F. Forth, D. Hoper, S. Blome, and M. Beer. 2019. "Comparative Analysis of Whole-Genome Sequence of African Swine Fever Virus Belgium 2018/1." *Emerg Infect Dis* 25 (6):1249-1252. doi: 10.3201/eid2506.190286.
- Fournier-Chambrillon, Ch, D Maillard, and P Fournier. 2014. "Diet of the wild boar (*Sus scrofa* L.) inhabiting the Montpellier garrigue." *Journal of Mountain Ecology* 3.
- Frant, M., G. Wozniakowski, and Z. Pejsak. 2017. "African Swine Fever (ASF) and Ticks. No Risk of Tick-mediated ASF Spread in Poland and Baltic States." *J Vet Res* 61 (4):375-380. doi: 10.1515/jvetres-2017-0055.
- Gabriel, C., S. Blome, A. Malogolovkin, S. Parilov, D. Kolbasov, J. P. Teifke, and M. Beer. 2011. "Characterization of African swine fever virus Caucasus isolate in European wild boars." *Emerg Infect Dis* 17 (12):2342-5. doi: 10.3201/eid1712.110430.
- Gallardo, C., N. I, S. A, D. V, S. A, M. E, P. C, N. R, and A. M. 2018. "Evolution in Europe of African swine fever genotype II viruses from highly to moderately virulent." *Vet Microbiol* 219:70-79. doi: 10.1016/j.vetmic.2018.04.001.
- Gallardo, C., R. Nieto, A. Soler, V. Pelayo, J. Fernandez-Pinero, I. Markowska-Daniel, G. Pridotkas, I. Nurmoja, R. Granta, A. Simon, C. Perez, E. Martin, P. Fernandez-Pacheco, and M. Arias. 2015. "Assessment of African Swine Fever Diagnostic Techniques as a Response to the Epidemic Outbreaks in Eastern European Union Countries: How To Improve Surveillance and Control Programs." *J Clin Microbiol* 53 (8):2555-65. doi: 10.1128/JCM.00857-15.
- Gallardo, C., A. Soler, R. Nieto, C. Cano, V. Pelayo, M. A. Sanchez, G. Pridotkas, J. Fernandez-Pinero, V. Briones, and M. Arias. 2017. "Experimental Infection of Domestic Pigs with African Swine Fever Virus Lithuania 2014 Genotype II Field Isolate." *Transbound Emerg Dis* 64 (1):300-304. doi: 10.1111/tbed.12346.
- Gallardo, M. C., A. T. Reoyo, J. Fernandez-Pinero, I. Iglesias, M. J. Munoz, and M. L. Arias. 2015. "African swine fever: a global view of the current challenge." *Porcine Health Manag* 1:21. doi: 10.1186/s40813-015-0013-y.
- Garigliany, M., D. Desmecht, M. Tignon, D. Cassart, C. Lesenfant, J. Paternostre, R. Volpe, A. B. Cay, T. van den Berg, and A. Linden. 2019. "Phylogeographic Analysis of African Swine Fever Virus, Western Europe, 2018." *Emerg Infect Dis* 25 (1):184-186. doi: 10.3201/eid2501.181535.
- Gilles, J. 2005. "Dynamique et génétique des populations d'insectes vecteurs -Les stomoxes, *Stomoxys calcitrans* et *Stomoxys niger* dans les élevages bovins réunionnais." université de La Réunion.

- Girisgin, O., A. Girisgin, F. Sönmez, and Ç. Akyol. 2009. "Occurrence of *Haematopinus suis* Linnaeus, 1758 (Insecta, Anopluridae) on a wild boar (*Sus scrofa*)." *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences* 33:529-530.
- Golnar, A. J., E. Martin, J. D. Wormington, R. C. Kading, P. D. Teel, S. A. Hamer, and G. L. Hamer. 2019. "Reviewing the Potential Vectors and Hosts of African Swine Fever Virus Transmission in the United States." *Vector Borne Zoonotic Dis.* doi: 10.1089/vbz.2018.2387.
- Graczyk, T. K., M. R. Cranfield, R. Fayer, and H. Bixler. 1999. "House flies (*Musca domestica*) as transport hosts of *Cryptosporidium parvum*." *Am J Trop Med Hyg* 61 (3):500-4. doi: 10.4269/ajtmh.1999.61.500.
- Gray, J., A. Estrada-Peña, and L. Vial. 2014. "Ecology of Nidicolous Ticks." In *The Biology of Ticks*, edited by Oxford University Press, pp. 39–60.
- Grech-Angelini, S., F. Stachurski, R. Lancelot, J. Boissier, J. F. Allienne, S. Marco, O. Maestrini, and G. Uilenberg. 2016. "Ticks (Acari: Ixodidae) infesting cattle and some other domestic and wild hosts on the French Mediterranean island of Corsica." *Parasit Vectors* 9 (1):582. doi: 10.1186/s13071-016-1876-8.
- Greig, A., and W. Plowright. 1970. "The excretion of two virulent strains of African swine fever virus by domestic pigs." *J Hyg (Lond)* 68 (4):673-82. doi: 10.1017/s0022172400042613.
- Groocock, C. M., W. R. Hess, and W. J. Gladney. 1980. "Experimental transmission of African swine fever virus by *Ornithodoros coriaceus*, an argasid tick indigenous to the United States." *Am J Vet Res* 41 (4):591-4.
- Gubbins, S. 2019. "Using the basic reproduction number to assess the risk of transmission of lumpy skin disease virus by biting insects." *Transbound Emerg Dis.* doi: 10.1111/tbed.13216.
- Guglielmone, AA; Richard G.; Robbins, Dmitry A.; Apanaskevich, Trevor N.; Petney, Agustin; Estrada-Pena, Renfu; Shao, and Stephen C. Barker. 2010. "The Argasidae, Ixodidae and Nuttalliellidae (Acari: Ixodida) of the world: a list of valid species names."
- Guinat, C., A. Gogin, S. Blome, G. Keil, R. Pollin, D. U. Pfeiffer, and L. Dixon. 2016. "Transmission routes of African swine fever virus to domestic pigs: current knowledge and future research directions." *Vet Rec* 178 (11):262-7. doi: 10.1136/vr.103593.
- Guinat, C., S. Gubbins, T. Vergne, J. L. Gonzales, L. Dixon, and D. U. Pfeiffer. 2016a. "Experimental pig-to-pig transmission dynamics for African swine fever virus, Georgia 2007/1 strain." *Epidemiol Infect* 144 (1):25-34. doi: 10.1017/S0950268815000862.
- Guinat, C., S. Gubbins, T. Vergne, J. L. Gonzales, L. Dixon, and D. U. Pfeiffer. 2016b. "Experimental pig-to-pig transmission dynamics for African swine fever virus, Georgia 2007/1 strain- CORRIGENDUM." *Epidemiol Infect* 144 (16):3564-3566. doi: 10.1017/S0950268816001667.
- Guinat, C., A. L. Reis, C. L. Netherton, L. Goatley, D. U. Pfeiffer, and L. Dixon. 2014. "Dynamics of African swine fever virus shedding and excretion in domestic pigs infected by intramuscular inoculation and contact transmission." *Vet Res* 45:93. doi: 10.1186/s13567-014-0093-8.
- Halasa, T., A. Boklund, A. Botner, N. Toft, and H. H. Thulke. 2016. "Simulation of Spread of African Swine Fever, Including the Effects of Residues from Dead Animals." *Front Vet Sci* 3:6. doi: 10.3389/fvets.2016.00006.
- Hall, M., and Wall R. 1995. "Myiasis of humans and domestic animals." *Advances in Parasitology* 35:257-334.
- Harre, J. G., K. M. Dorsey, K. L. Armstrong, J. R. Burge, and K. E. Kinnamon. 2001. "Comparative fecundity and survival rates of *phlebotomus papatasi* sandflies membrane fed on blood from eight mammal species." *Med Vet Entomol* 15 (2):189-96.
- Herm, Reet, Lea Tummeleht, Margret Jürison, Annika Vilem, and Arvo Viltrop. 2019. "Trace amounts of African swine fever virus DNA detected in insects collected from an infected pig farm in Estonia." *Veterinary Medicine and Science.* doi: 10.1002/vms3.200.
- Hoch, A. L., T. P. Gargan, 2nd, and C. L. Bailey. 1985. "Mechanical transmission of Rift Valley fever virus by hematophagous Diptera." *Am J Trop Med Hyg* 34 (1):188-93. doi: 10.4269/ajtmh.1985.34.188.
- Hogsette, J.A., J. P. Ruff, and C. J. Jones. 1987. "Stable fly biology and control in northwest Florida." *J. Agric. Entomol.* 4 (1):1-11.
- Hollander, A. L., and R. E. Wright. 1980. "Impact of tabanids on cattle: blood meal size and preferred feeding sites." *J Econ Entomol* 73 (3):431-3. doi: 10.1093/jee/73.3.431.
- Howey, Erin B, Vivian O'Donnell, Helena C de Carvalho Ferreira, Manuel V Borca, and Jonathan Arzt. 2013. "Pathogenesis of highly virulent African swine fever virus in domestic pigs exposed via intraoropharyngeal, intranasopharyngeal, and intramuscular inoculation, and by direct contact with infected pigs." *Virus research* 178 (2):328-339.
- Iancu, L., T. Sahlean, and C. Purcarea. 2016. "Dynamics of Necrophagous Insect and Tissue Bacteria for Postmortem Interval Estimation During the Warm Season in Romania." *J Med Entomol* 53 (1):54-66. doi: 10.1093/jme/tjv156.

- Janda, M. 1958. "Die Nahrung des Schwarzwilds, *Sus scrofa* L., im Mittelgebirgsgebiet von Stiavnica." *Säugetierkundliche Mitteilungen* 6:67-74.
- Jori, F., A. Relun, B. Trabucco, F. Charrier, O. Maestrini, D. Chavernac, D. Cornelis, F. Casabianca, and E. M. C. Etter. 2017. "Questionnaire-Based Assessment of Wild Boar/Domestic Pig Interactions and Implications for Disease Risk Management in Corsica." *Front Vet Sci* 4:198. doi: 10.3389/fvets.2017.00198.
- Jori, F., L. Vial, M. L. Penrith, R. Perez-Sanchez, E. Etter, E. Albina, V. Michaud, and F. Roger. 2013. "Review of the sylvatic cycle of African swine fever in sub-Saharan Africa and the Indian ocean." *Virus Res* 173 (1):212-27. doi: 10.1016/j.virusres.2012.10.005.
- Jori, Ferran, and Armanda DS Bastos. 2009. "Role of wild suids in the epidemiology of African swine fever." *EcoHealth* 6 (2):296-310.
- Kaminski, Gwenaël. 2005. "Composante sociale des traits d'histoires de vie d'un ongulé forestier européen : cas du sanglier femelle", Ecologie, Environnement, Université Paris-Nord
- Kettle, D.S. 1984. *Medical and Veterinary Entomology*. edited by CABI Publishing. Wallingford, UK.
- Killick-Kendrick, R. 1999. "The biology and control of phlebotomine sand flies." *Clin Dermatol* 17 (3):279-89.
- Kim, J. S., Seo P. W., Kim J. W., Go J. H., Jang S. C., Lee H. J., and Seo M. 2009. "A nasal myiasis in a 76-year-old female in Korea." *Korean Journal of Parasitology* 47:405-7.
- King, K., D. Chapman, J. M. Argilaguet, E. Fishbourne, E. Hutet, R. Cariolet, G. Hutchings, C. A. Oura, C. L. Netherton, K. Moffat, G. Taylor, M. F. Le Potier, L. K. Dixon, and H. H. Takamatsu. 2011. "Protection of European domestic pigs from virulent African isolates of African swine fever virus by experimental immunisation." *Vaccine* 29 (28):4593-600. doi: 10.1016/j.vaccine.2011.04.052.
- Kirkeby, C., R. Bodker, A. Stockmarr, P. Lind, and P. M. Heegaard. 2013. "Quantifying dispersal of european culicoides (Diptera: Ceratopogonidae) vectors between farms using a novel mark-release-recapture technique." *PLoS One* 8 (4):e61269. doi: 10.1371/journal.pone.0061269.
- Konstantinov, S.A. . 1993. "The attack distance and the range and nature of the daily flight dispersion of horseflies in the genus *Hybomitra* (Diptera: Tabanidae)." *Parazitologija* 27:419-426.
- Kovalenko J, Sidorov M, Burba L. . 1965. "Afrikanskaia chuma svinei." *Unveröffentlichtes Manuskript. In: Deutsch übersetzt aus dem Russischen in Maschinendruck.*
- Kovalenko, Y. R., M. A. Sidorov, and L. G. Burba. 1967. "Pasture ticks and *Haematopinus* as possible reservoirs and vectors of African swine fever." *Trudy Vsesoyuznogo Instituta Eksperimental'noi Veterinariii*. 33:91-94.
- Krcmar, S. 2005. "Seasonal abundance of horse flies (Diptera: Tabanidae) from two locations in eastern Croatia." *J Vector Ecol* 30 (2):316-21.
- Krinsky, W. L. 1976. "Animal disease agents transmitted by horse flies and deer flies (Diptera: Tabanidae)." *J Med Entomol* 13 (3):225-75. doi: 10.1093/jmedent/13.3.225.
- Lavoipierre, M. M. 1967. "Feeding mechanism of *Haematopinus suis*, on the transilluminated mouse ear." *Exp Parasitol* 20 (3):303-11.
- Lempereur, L., C. Sohier, F. Smeets, F. Marechal, D. Berkvens, M. Madder, F. Francis, and B. Losson. 2018. "Dispersal capacity of *Haematopota* spp. and *Stomoxys calcitrans* using a mark-release-recapture approach in Belgium." *Med Vet Entomol* 32 (3):298-303. doi: 10.1111/mve.12297.
- Licoppe, Della Libera F., Linden A., Volpe R., Lesenfants C., Paternostre J., Gilliaux G., Kamdem N., Flamand M.C., Nizet S., Bertouille S., Morelle K., Prévot C., Balligand B., Denies L., Malengreaux C., Lievens J., Widar J., Hansenne F., Terneus A., and Herman M. 2018. Bilan des études relatives au sanglier en Wallonie avant le foyer de peste porcine africaine. edited by SPW-DGO3-DEMNA-DNE. Gembloux.
- Linden, A., F. Gregoire, A. Nahayo, D. Hanrez, B. Mousset, A. L. Massart, I. De Leeuw, E. Vandemeulebroucke, F. Vandebussche, and K. De Clercq. 2010. "Bluetongue virus in wild deer, Belgium, 2005-2008." *Emerg Infect Dis* 16 (5):833-6. doi: 10.3201/eid1605.091217.
- Losson, B., B. Mignon, J. Paternostre, M. Madder, R. De Deken, G. De Deken, I. Deblauwe, C. Fassotte, R. Cors, T. Defrance, J. C. Delecolle, T. Baldet, E. Haubruge, F. Frederic, J. Bortels, and G. Simonon. 2007. "Biting midges overwintering in Belgium." *Vet Rec* 160 (13):451-2. doi: 10.1136/vr.160.13.451-b.
- Lysyk, T. J. 1998. "Relationships between temperature and life-history parameters of *Stomoxys calcitrans* (Diptera: Muscidae)." *J Med Entomol* 35 (2):107-19. doi: 10.1093/jmedent/35.2.107.
- Madra, A., K. Fraczak, A. Grzywacz, and S. Matuszewski. 2015. "Long-term study of pig carrion entomofauna." *Forensic Sci Int* 252:1-10. doi: 10.1016/j.forsciint.2015.04.013.
- Magnarelli, L.A., and J.F. Anderson. 1980. "Feeding-behavior of Tabanidae (Diptera) on cattle and serological analysis of partial blood meals." *Environmental Entomology* 9:664-667.
- Mans, B. J. 2019. "Chemical Equilibrium at the Tick-Host Feeding Interface:A Critical Examination of Biological Relevance in Hematophagous Behavior." *Front Physiol* 10:530. doi: 10.3389/fphys.2019.00530.

- Mans, B. J., J. Featherston, M. Kvas, K. A. Pillay, D. G. de Klerk, R. Pienaar, M. H. de Castro, T. G. Schwan, J. E. Lopez, P. Teel, A. A. Perez de Leon, D. E. Sonenshine, N. I. Egekwu, D. K. Bakkes, H. Heyne, E. G. Kanduma, N. Nyangiwe, A. Bouattour, and A. A. Latif. 2019. "Argasid and ixodid systematics: Implications for soft tick evolution and systematics, with a new argasid species list." *Ticks Tick Borne Dis* 10 (1):219-240. doi: 10.1016/j.ttbdis.2018.09.010.
- Martinez-de la Puente, J., M. Ferraguti, S. Ruiz, D. Roiz, R. C. Soriguer, and J. Figuerola. 2016. "Culex pipiens forms and urbanization: effects on blood feeding sources and transmission of avian Plasmodium." *Malar J* 15 (1):589. doi: 10.1186/s12936-016-1643-5.
- Marvy, M. 1989. "Blattes, poux, puces et gales: description, moyens de protection et de destruction mise en œuvre à l'hôpital (à l'exception des traitements humains)." *Le pharmacien hospitalier* 97:9-21.
- Massei, Giovanna, Peter V Genov, and Brian W Staines. 1996. "Diet, food availability and reproduction of wild boar in a Mediterranean coastal area." *Acta Theriologica* 41:307-320.
- Mazur-Panasiuk, N., G. Wozniakowski, and K. Niemczuk. 2019. "The first complete genomic sequences of African swine fever virus isolated in Poland." *Sci Rep* 9 (1):4556. doi: 10.1038/s41598-018-36823-0.
- McElligott, Paul E. K., and Terry D. Galloway. 1991. "Daily Activity Patterns of Horse Flies (Diptera: Tabanidae: Hybomitra Spp.) in Northern and Southern Manitoba." *The Canadian Entomologist* 123 (2):371-378. doi: 10.4039/Ent123371-2.
- McVicar, J. W. 1984. "Quantitative aspects of the transmission of African swine fever." *Am J Vet Res* 45 (8):1535-41.
- McVicar, JW, CA Mebus, HN Becker, RC Belden, and EP Gibbs. 1981. "Induced African swine fever in feral pigs." *Journal of the American Veterinary Medical Association* 179 (5):441-446.
- Mellor, P. S., J. Boorman, and M. Baylis. 2000. "Culicoides biting midges: their role as arbovirus vectors." *Annu Rev Entomol* 45:307-40. doi: 10.1146/annurev.ento.45.1.307.
- Mellor, P. S., R. P. Kitching, and P. J. Wilkinson. 1987. "Mechanical transmission of capripox virus and African swine fever virus by Stomoxys calcitrans." *Res Vet Sci* 43 (1):109-12.
- Moobola, S. M., and E. W. Cupp. 1978. "Ovarian development in the stable fly, Stomoxys calcitrans, in relation to diet and juvenile hormone control." *Physiological Entomology* 3 (4):317-321. doi: 10.1111/j.1365-3032.1978.tb00165.x.
- Moon, R. D., L. D. Jacobson, and S. G. Cornelius. 1987. "Stable flies (Diptera: Muscidae) and productivity of confined nursery pigs." *J Econ Entomol* 80 (5):1025-7. doi: 10.1093/jee/80.5.1025.
- Moulinier, C. 2002. Parasitologie et mycologie médicales, éléments de morphologie et de biologie. edited by EMinter.
- Mullen, G., and L. Durden. 2002. *Horse flies and deer flies (Tabanidae)*. second edition ed. Vol. Medical and Veterinary Entomology. San Diego.
- Mulumba-Mfumu, L. K., C. Saegerman, L. K. Dixon, K. C. Madimba, E. Kazadi, N. T. Mukalakata, C. A. L. Oura, E. Chenais, C. Masembe, K. Stahl, E. Thiry, and M. L. Penrith. 2019. "African swine fever: Update on Eastern, Central and Southern Africa." *Transbound Emerg Dis* 66 (4):1462-1480. doi: 10.1111/tbed.13187.
- Muniz, L. H., R. M. Rossi, H. C. Neitzke, W. M. Monteiro, and U. Teodoro. 2006. "[Host feeding preferences of sandflies in rural area, Southern Brazil]." *Rev Saude Publica* 40 (6):1087-93. doi: 10.1590/s0034-89102006000700018.
- Murvosh, C. M., and C. W. Thaggard. 1966. "Ecological studies of the house fly." *Ann Entomol Soc Am* 59 (3):533-47. doi: 10.1093/aesa/59.3.533.
- Muzari, M. O., L. F. Skerratt, R. E. Jones, and T. L. Duran. 2010. "Alighting and feeding behaviour of tabanid flies on horses, kangaroos and pigs." *Vet Parasitol* 170 (1-2):104-11. doi: 10.1016/j.vetpar.2010.01.028.
- Naucke, T. J., B. Menn, D. Massberg, and S. Lorentz. 2008. "Sandflies and leishmaniasis in Germany." *Parasitol Res* 103 Suppl 1:S65-8. doi: 10.1007/s00436-008-1052-y.
- Oke, P. O., B. E. Oke, and J. O. Adejinmi. 2017. "Swine farm infestation with *Culicoides* species (biting midges) in Zaria, Nigeria." *Sokoto Journal of Veterinary Sciences* 15 (2). doi: 10.4314/sokjvs.v15i2.10.
- Oleaga-Perez, A., R. Perez-Sanchez, and A. Encinas-Grandes. 1990. "Distribution and biology of Ornithodoros erraticus in parts of Spain affected by African swine fever." *Vet Rec* 126 (2):32-7.
- Olesen, A. S., M. F. Hansen, T. B. Rasmussen, G. J. Belsham, R. Bodker, and A. Botner. 2018a. "Survival and localization of African swine fever virus in stable flies (Stomoxys calcitrans) after feeding on viremic blood using a membrane feeder." *Vet Microbiol* 222:25-29. doi: 10.1016/j.vetmic.2018.06.010.
- Olesen, A. S., L. Lohse, A. Boklund, T. Halasa, G. J. Belsham, T. B. Rasmussen, and A. Botner. 2018. "Short time window for transmissibility of African swine fever virus from a contaminated environment." *Transbound Emerg Dis* 65 (4):1024-1032. doi: 10.1111/tbed.12837.

- Olesen, A. S., L. Lohse, A. Boklund, T. Halasa, C. Gallardo, Z. Pejsak, G. J. Belsham, T. B. Rasmussen, and A. Botner. 2017. "Transmission of African swine fever virus from infected pigs by direct contact and aerosol routes." *Vet Microbiol* 211:92-102. doi: 10.1016/j.vetmic.2017.10.004.
- Olesen, A. S., L. Lohse, M. F. Hansen, A. Boklund, T. Halasa, G. J. Belsham, T. B. Rasmussen, A. Botner, and R. Bodker. 2018b. "Infection of pigs with African swine fever virus via ingestion of stable flies (*Stomoxys calcitrans*)." *Transbound Emerg Dis* 65 (5):1152-1157. doi: 10.1111/tbed.12918.
- Oliveira, A. F., R. L. Ferreira, and J. A. Rafael. 2007. "[Seasonality and diurnal activity of Tabanidae (Diptera: Insecta) of canopy in the Adolpho Ducke Forested Reserve, Manaus, Amazonas State, Brazil]." *Neotrop Entomol* 36 (5):790-7. doi: 10.1590/s1519-566x2007000500022.
- Palma, M., I. Lopes de Carvalho, H. Osorio, L. Ze-Ze, S. J. Cutler, and M. S. Nuncio. 2013. "Portuguese hosts for *Ornithodoros erraticus* ticks." *Vector Borne Zoonotic Dis* 13 (10):775-7. doi: 10.1089/vbz.2012.1070.
- Pan, I. C., and W. R. Hess. 1984. "Virulence in African swine fever: its measurement and implications." *Am J Vet Res* 45 (2):361-6.
- Panei, C. J., A. E. Larsen, N. A. Fuentealba, G. E. Metz, M. G. Echeverria, C. M. Galosi, and A. R. Valera. 2019. "Study of horn flies as vectors of bovine leukemia virus." *Open Vet J* 9 (1):33-37. doi: 10.4314/ovj.v9i1.6.
- Panel on Animal Health Welfare, Efsa 2010. Scientific Opinion on African Swine Fever. In *EFSA Journal*: John Wiley & Sons, Ltd.
- Pannequin, M. . 2009. "Étude des pratiques d'élevage et des facteurs environnementaux influençant l'abondance en stomoxes dans les élevages bovins laitiers." ENVT.
- Pautienius, A., J. Grigas, S. Pileviciene, R. Zagrabskaite, J. Buitkuvieni, G. Pridotkas, R. Stankevicius, Z. Streimikyte, A. Salomskas, D. Zienius, and A. Stankevicius. 2018. "Prevalence and spatiotemporal distribution of African swine fever in Lithuania, 2014-2017." *Virologia* 15 (1):177. doi: 10.1186/s12985-018-1090-8.
- Pearce, J. C., T. P. Learoyd, B. J. Langendorf, and J. G. Logan. 2018. "Japanese encephalitis: the vectors, ecology and potential for expansion." *J Travel Med* 25 (suppl_1):S16-S26. doi: 10.1093/jtm/tay009.
- Penrith, M. L. 2009. "African swine fever." *Onderstepoort J Vet Res* 76 (1):91-5.
- Penrith, M. L., and W. Vosloo. 2009. "Review of African swine fever: transmission, spread and control." *J S Afr Vet Assoc* 80 (2):58-62. doi: 10.4102/jsava.v80i2.172.
- Pereira de Oliveira, R., E. Hutet, F. Paboeuf, M. Duhayon, F. Boinas, A. Perez de Leon, S. Filatov, L. Vial, and M. F. Le Potier. 2019. "Comparative vector competence of the Afrotropical soft tick *Ornithodoros moubata* and Palearctic species, *O. erraticus* and *O. verrucosus*, for African swine fever virus strains circulating in Eurasia." *PLoS One* 14 (11):e0225657. doi: 10.1371/journal.pone.0225657.
- Pérez-Eid, Claudine. 2007. *Les tiques : Identification, biologie, importance médicale et vétérinaire, Coll. Monographies de microbiologie*. Paris: Lavoisier.
- Perez-Sanchez, R., A. Astigarraga, A. Oleaga-Perez, and A. Encinas-Grandes. 1994. "Relationship between the persistence of African swine fever and the distribution of *Ornithodoros erraticus* in the province of Salamanca, Spain." *Vet Rec* 135 (9):207-9. doi: 10.1136/vr.135.9.207.
- Perie, Paul, René Chermette, Yves Millemann, and Stéphan Zientara. 2005. *Culicoides, hematophagous Diptera vectors of Bluetongue disease* edited by Bulletin Académie Vétérinaire France.
- Pernot-Visentin, Odile, and F. Beaucournu-Saguez. 1974. "Les Tabanidae (Diptera) de France." *Publications de la Société Linnéenne de Lyon* 43 (5):pp. 142-155.
- Petrasiunas, Andrius, Rasa Bernotiene, and Jurga Turcinaviciene. 2018. "CATCHES OF BLOOD-FEEDING FLIES WITH NZI TRAPS IN AFRICAN SWINE FEVER AFFECTED AREAS OF LITHUANIA." *Bulletin of the Lithuanian Entomological Society* 2 (30).
- Pietschmann, J., C. Guinat, M. Beer, V. Pronin, K. Tauscher, A. Petrov, G. Keil, and S. Blome. 2015. "Course and transmission characteristics of oral low-dose infection of domestic pigs and European wild boar with a Caucasian African swine fever virus isolate." *Arch Virol* 160 (7):1657-67. doi: 10.1007/s00705-015-2430-2.
- Pikalo, J., L. Zani, J. Huhr, M. Beer, and S. Blome. 2019. "Pathogenesis of African swine fever in domestic pigs and European wild boar - lessons learned from recent animal trials." *Virus Res*. doi: 10.1016/j.virusres.2019.04.001.
- Pinna, Walter, G Nieddu, Giuseppe Moniello, and Maria Grazia Cappai. 2007. "Vegetable and animal food sorts found in the gastric content of Sardinian Wild Boar (*Sus scrofa meridionalis*)." *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition* 91 (5-6):252-255.
- Pitkin, A., J. Deen, S. Otake, R. Moon, and S. Dee. 2009. "Further assessment of houseflies (*Musca domestica*) as vectors for the mechanical transport and transmission of porcine reproductive and respiratory syndrome virus under field conditions." *Can J Vet Res* 73 (2):91-6.

- Plowright, W., J. Parker, and M. A. Peirce. 1969. "African swine fever virus in ticks (*Ornithodoros moubata*, murray) collected from animal burrows in Tanzania." *Nature* 221 (5185):1071-3. doi: 10.1038/2211071a0.
- Plowright, W., G. R. Thomson, and J. A. Naser. 1994. "African swine fever." In *Infectious Diseases of livestock with special reference to Southern Africa.*, edited by J. A.W. Coetzer, G. R. Thomson and R. C. Tustin, 567-599. Cape Town, South Africa, : Oxford University Press,.
- Podgorski, T., and K. Smietanka. 2018. "Do wild boar movements drive the spread of African Swine Fever?" *Transbound Emerg Dis* 65 (6):1588-1596. doi: 10.1111/tbed.12910.
- Privora, M., V. RUPES, J. VYCHODIL, and F. TONDL. 1972. "The incidence of *Pulex irritans* L (Siphonaptera) on pigs and its resistance to chlorinated hydrocarbons." *Folia Parasitologica (Praha)* 19:375-378.
- Probst, C., A. Globig, B. Knoll, F. J. Conraths, and K. Depner. 2017. "Behaviour of free ranging wild boar towards their dead fellows: potential implications for the transmission of African swine fever." *R Soc Open Sci* 4 (5):170054. doi: 10.1098/rsos.170054.
- Quembo, C. J., F. Jori, W. Vosloo, and L. Heath. 2018. "Genetic characterization of African swine fever virus isolates from soft ticks at the wildlife/domestic interface in Mozambique and identification of a novel genotype." *Transbound Emerg Dis* 65 (2):420-431. doi: 10.1111/tbed.12700.
- Raoult, D., and V. Roux. 1999. "The body louse as a vector of reemerging human diseases." *Clin Infect Dis* 29 (4):888-911. doi: 10.1086/520454.
- Rasmussen, L. D., B. Kristensen, C. Kirkeby, T. B. Rasmussen, G. J. Belsham, R. Bodker, and A. Botner. 2012. "Culicoids as vectors of Schmallenberg virus." *Emerg Infect Dis* 18 (7):1204-6. doi: 10.3201/eid1807.120385.
- Ravaomanana, J., F. Jori, L. Vial, R. Perez-Sanchez, E. Blanco, V. Michaud, and F. Roger. 2011. "Assessment of interactions between African swine fever virus, bushpigs (*Potamochoerus larvatus*), *Ornithodoros* ticks and domestic pigs in north-western Madagascar." *Transbound Emerg Dis* 58 (3):247-54. doi: 10.1111/j.1865-1682.2011.01207.x.
- Ravaomanana, J., V. Michaud, F. Jori, A. Andriatsimahavandy, F. Roger, E. Albina, and L. Vial. 2010. "First detection of African Swine Fever Virus in *Ornithodoros porcinus* in Madagascar and new insights into tick distribution and taxonomy." *Parasit Vectors* 3:115. doi: 10.1186/1756-3305-3-115.
- Rieb, J.-P. 1982. "Contribution à la connaissance de l'écologie et de la biologie des Cératopogonidés (Diptera, Nematocera)." Thèse de Doctorat es Sciences Naturelles (Diplôme d'Etat), U.E.R., Vie et Terre.
- Rigg, C. A., J. E. Calzada, A. Saldana, M. Perea, L. F. Chaves, and A. Valderrama. 2019. "Leishmania spp. Infection Rate and Feeding Patterns of Sand Flies (Diptera: Psychodidae) from a Hyperendemic Cutaneous Leishmaniasis Community in Panama." *Am J Trop Med Hyg* 100 (4):798-807. doi: 10.4269/ajtmh.17-0628.
- Robeson, M. S., 2nd, K. Khanipov, G. Golovko, S. M. Wisely, M. D. White, M. Bodenckuck, T. J. Smyser, Y. Fofanov, N. Fierer, and A. J. Piaggio. 2018. "Assessing the utility of metabarcoding for diet analyses of the omnivorous wild pig (*Sus scrofa*)." *Ecol Evol* 8 (1):185-196. doi: 10.1002/ece3.3638.
- Rodhain, François, and Claudine Perez. 1985. "Precis d'entomologie medicale et veterinaire; notions d'epidemiologie des maladies a vecteurs."
- Rossi, E., G. Bongiorno, E. Ciolli, T. Di Muccio, A. Scalone, M. Gramiccia, L. Gradoni, and M. Maroli. 2008. "Seasonal phenology, host-blood feeding preferences and natural *Leishmania* infection of *Phlebotomus perniciosus* (Diptera, Psychodidae) in a high-endemic focus of canine leishmaniasis in Rome province, Italy." *Acta Trop* 105 (2):158-65. doi: 10.1016/j.actatropica.2007.10.005.
- Rothschild, M. 1975. "Fleas." *Scientific American* 213:44-53.
- Rouet, D. 2009. "Dynamique des populations de *Stomoxys calcitrans* dans un site urbain." Ecole nationale vétérinaire.
- Russell, R., D. Otranto, and R Wall. 2013. *The Encyclopedia of Medical and Veterinary Entomology*. In *The Encyclopedia of Medical and Veterinary Entomology* edited by Hardback.
- Salines, M., M. Andraud, M. Pellerin, C. Bernard, B. Grasland, N. Pavio, and N. Rose. 2019. "Impact of porcine circovirus type 2 (PCV2) infection on hepatitis E virus (HEV) infection and transmission under experimental conditions." *Vet Microbiol* 234:1-7. doi: 10.1016/j.vetmic.2019.05.010.
- Sanchez-Botija. 1963. "Reservorios del virus de la peste porcina Africana. Investigacion del virus la P.P.A en los artropodos mediante la prueba de la hemoadsorcion " *Bull. Off. Int. Epizoot.* 60:895-899.
- Sanchez-Cordon, P. J., A. Nunez, A. Neimanis, E. Wikstrom-Lassa, M. Montoya, H. Crooke, and D. Gavier-Widen. 2019. "African Swine Fever: Disease Dynamics in Wild Boar Experimentally Infected with ASFV Isolates Belonging to Genotype I and II." *Viruses* 11 (9). doi: 10.3390/v11090852.
- Sanchez-Vizcaino, J. M., L. Mur, and B. Martinez-Lopez. 2013. "African swine fever (ASF): five years around Europe." *Vet Microbiol* 165 (1-2):45-50. doi: 10.1016/j.vetmic.2012.11.030.

- Sánchez-Vizcaíno, Jose Manuel, Beatriz Martínez-López, Marta Martínez-Avilés, Carlos Martins, Fernando Boinas, Laurence Vialc, Vincent Michaud, Ferran Jori, Eric Etter, Emmanuel Albina, and François Roger. 2009. "Scientific review on African Swine Fever." *EFSA Supporting Publications* 6 (8). doi: 10.2903/sp.efsa.2009.EN-5.
- Sanchez Botija, C. 1963. "Reservoirs of ASFV: a study of the ASFV in arthropods by means of haemadsorption." *Bull. Off. Int. Epizoot.* 60:895–899.
- Sanchez Botija, C., and C. Badiola. 1966. "Presencie of the African swine pest virus in Haematopinus suis." *Bull Off Int Epizoot* 66 (1):699-705.
- Sanchez, Juliana Patricia, MariA Cecilia Ezquiaga, and Melanie Ruiz. 2018. "Fleas (Insecta: Siphonaptera) with public health relevance in domestic pigs (Artiodactyla: Suidae) from Argentina " *Zootaxa* 4374 (1). doi: 10.11646/zootaxa.4374.1.8.
- Schley, Laurent, and Timothy J Roper. 2003. "Diet of wild boar *Sus scrofa* in Western Europe, with particular reference to consumption of agricultural crops." *Mammal review* 33 (1):43-56.
- Schulz, K., F. J. Conraths, S. Blome, C. Staubach, and C. Sauter-Louis. 2019. "African Swine Fever: Fast and Furious or Slow and Steady?" *Viruses* 11 (9). doi: 10.3390/v11090866.
- Scoles, G. A., A. B. Broce, T. J. Lysyk, and G. H. Palmer. 2005. "Relative efficiency of biological transmission of *Anaplasma marginale* (Rickettsiales: Anaplasmataceae) by *Dermacentor andersoni* (Acari: Ixodidae) compared with mechanical transmission by *Stomoxys calcitrans* (Diptera: Muscidae)." *J Med Entomol* 42 (4):668-75. doi: 10.1603/0022-2585(2005)042[0668:REOBTO]2.0.CO;2.
- Scoles, G. A., J. A. Miller, and L. D. Foil. 2008. "Comparison of the efficiency of biological transmission of *Anaplasma marginale* (Rickettsiales: Anaplasmataceae) by *Dermacentor andersoni* Stiles (Acari: Ixodidae) with mechanical transmission by the horse fly, *Tabanus fuscicostatus* Hine (Diptera: Muscidae)." *J Med Entomol* 45 (1):109-14.
- Sellers, RF. 1996. "Weather, Culicoides, and the distribution and spread of Bluetongue and African Horse Sickness viruses." Proceedings of the second international symposium on Bluetongue, African Horse Sickness and related Orbiviruses, Paris, 1991, 1996.
- Service, M. W. 1971. "Adult flight activities of some British Culicoides species." *J Med Entomol* 8 (5):605-9. doi: 10.1093/jmedent/8.5.605.
- Sheppard, C., and B.H. Wilson. 1976. "Flight range of Tabanidae in a Louisiana bottomland hardwood forest." *Environmental Entomology* 5:752-754.
- Skerve. 2018. Wild boar population growth and expansion - implications for biodiversity, food safety, and animal health in *Opinion of the Norwegian Scientific Committee for Food and Environment*, edited by VKM report. Oslo, Norway: Norwegian Scientific Committee for Food and Environment (VKM), .
- Skidmore, P. 1985. "The biology of the Muscidae of the world." In, edited by Dordrecht: Dr W. Junk and v. 29) Publisher (Series entomologica, pp. 2-274.
- Skovgard, H., and G. Nachman. 2004. "Biological control of house flies *Musca domestica* and stable flies *Stomoxys calcitrans*(Diptera: Muscidae) by means of inundative releases of *Spalangia cameroni*(Hymenoptera: Pteromalidae)." *Bull Entomol Res* 94 (6):555-67.
- Sonenshine, D.E. 1993. "Ecology of nidicolous ticks." In *Biology of Ticks*, edited by Oxford University Press, p. 465. New York.
- Szpila, K., A. Madra, M. Jarmusz, and S. Matuszewski. 2015. "Flesh flies (Diptera: Sarcophagidae) colonising large carcasses in Central Europe." *Parasitol Res* 114 (6):2341-8. doi: 10.1007/s00436-015-4431-1.
- Taylor, D. B., D. R. Berkebile, and P. J. Scholl. 2007. "Stable fly population dynamics in eastern Nebraska in relation to climatic variables." *J Med Entomol* 44 (5):765-71.
- Trape, J. F., G. Diatta, C. Arnathau, I. Bitam, M. Sarih, D. Belghyti, A. Bouattour, E. Elguero, L. Vial, Y. Mane, C. Balde, F. Prugnolle, G. Chauvancy, G. Mahe, L. Granjon, J. M. Duplantier, P. Durand, and F. Renaud. 2013. "The epidemiology and geographic distribution of relapsing fever borreliosis in West and North Africa, with a review of the *Ornithodoros erraticus* complex (Acari: Ixodida)." *PLoS One* 8 (11):e78473. doi: 10.1371/journal.pone.0078473.
- Van Hennekeler, K., R. E. Jones, L. F. Skerratt, M. O. Muzari, and L. A. Fitzpatrick. 2011. "Meteorological effects on the daily activity patterns of tabanid biting flies in northern Queensland, Australia." *Med Vet Entomol* 25 (1):17-24. doi: 10.1111/j.1365-2915.2010.00900.x.
- Vial, L. 2009. "Biological and ecological characteristics of soft ticks (Ixodida: Argasidae) and their impact for predicting tick and associated disease distribution." *Parasite* 16 (3):191-202. doi: 10.1051/parasite/2009163191.
- Vial, L., G. Diatta, A. Tall, H. Ba el, H. Bouganali, P. Durand, C. Sokhna, C. Rogier, F. Renaud, and J. F. Trape. 2006. "Incidence of tick-borne relapsing fever in west Africa: longitudinal study." *Lancet* 368 (9529):37-43. doi: 10.1016/s0140-6736(06)68968-x.
- Vial, L., E. Ducheyne, S. Filatov, A. Gerilovych, D. S. McVey, I. Sindryakova, S. Morgunov, A. A. Perez de Leon, D. Kolbasov, and E. M. De Clercq. 2018. "Spatial multi-criteria decision analysis for modelling

- suitable habitats of *Ornithodoros* soft ticks in the Western Palearctic region." *Vet Parasitol* 249:2-16. doi: 10.1016/j.vetpar.2017.10.022.
- Vial, L., B. Wieland, F. Jori, E. Etter, L. Dixon, and F. Roger. 2007. "African swine fever virus DNA in soft ticks, Senegal." *Emerg Infect Dis* 13 (12):1928-31. doi: 10.3201/eid1312.071022.
- Vial, Laurence. 2005. "Eco-épidémiologie de la fièvre récurrente à tiques à *Borrelia crociduræ* en Afrique de l'ouest." Montpellier II
- Vlasova, N., A. Varentsova, I. Shevchenko, I. Zhukov, S. Remyga, V. Gavrilova, O. Puzankova, A. Shevtsov, N. Zinyakov, and K. Gruzdev. 2015. "Comparative Analysis of Clinical and Biological Characteristics of African Swine Fever Virus Isolates from 2013 Year Russian Federation." *British Microbiology Research Journal* 5 (3):203-215. doi: 10.9734/bmrj/2015/12941.
- Wall, R. 2007. "Ectoparasites: future challenges in a changing world." *Vet Parasitol* 148 (1):62-74. doi: 10.1016/j.vetpar.2007.05.011.
- Wanaratana, S., A. Amonsin, A. Chaisingh, S. Panyim, J. Sasipreeyajan, and S. Pakpinyo. 2013. "Experimental assessment of houseflies as vectors in avian influenza subtype H5N1 transmission in chickens." *Avian Dis* 57 (2):266-72. doi: 10.1637/10347-090412-Reg.1.
- Wang, Y., J. B. Yang, J. F. Wang, L. L. Li, M. Wang, L. J. Yang, L. Y. Tao, J. Chu, and Y. D. Hou. 2017. "Development of the Forensically Important Beetle *Creophilus maxillosus* (Coleoptera: Staphylinidae) at Constant Temperatures." *J Med Entomol* 54 (2):281-289. doi: 10.1093/jme/tjw193.
- Wilkinson, P. J. 1984. "The persistence of African swine fever in Africa and the Mediterranean." *Preventive Veterinary Medicine* 2 (1-4):71-82. doi: 10.1016/0167-5877(84)90050-3.
- Wilson, A. J., R. Ribeiro, and F. Boinas. 2013. "Use of a Bayesian network model to identify factors associated with the presence of the tick *Ornithodoros erraticus* on pig farms in southern Portugal." *Prev Vet Med* 110 (1):45-53. doi: 10.1016/j.prevetmed.2013.02.006.
- Wilson, B.H., and C.G. Richards. 1969. "abanid hosts in estuarine and aluvial areas of louisiana." *Annals of the Entomological Society of America* 62:1042-1046.
- Wooten-Saadi, E. L., C. A. Towell-Vail, R. E. Williams, and S. M. Gaafar. 1987. "Incidence of *Sarcoptes scabiei* (Acari: Sarcoptidae) and *Haematopinus suis* (Anoplura: Haematopinidae) on swine in Indiana." *J Econ Entomol* 80 (5):1031-4. doi: 10.1093/jee/80.5.1031.
- Wu, N., C. Abril, A. Thomann, E. Grosclaude, M. G. Doherr, P. Boujon, and M. P. Ryser-Degiorgis. 2012. "Risk factors for contacts between wild boar and outdoor pigs in Switzerland and investigations on potential *Brucella suis* spill-over." *BMC Vet Res* 8:116. doi: 10.1186/1746-6148-8-116.
- Wyckoff, A. C., S. E. Henke, T. A. Campbell, D. G. Hewitt, and K. C. VerCauteren. 2009. "Feral swine contact with domestic swine: a serologic survey and assessment of potential for disease transmission." *J Wildl Dis* 45 (2):422-9. doi: 10.7589/0090-3558-45.2.422.
- Yao, K. P., K. E. Ngoran, and M. Franc. 2006. "Étude de quelques paramètres écologiques de *Ctenocephalides felis strongylus* (Jordan, 1925) (Siphonaptera : Pulicidae)." *Parasite* 13 (2):159-164. doi: 10.1051/parasite/2006132159.
- Yunker, C. E. 1975. "Tick-borne viruses associated with seabirds in North America and related islands." *Med Biol* 53 (5):302-11.
- Zani, L., J. H. Forth, L. Forth, I. Nurmoja, S. Leidenberger, J. Henke, J. Carlson, C. Breidenstein, A. Viltrop, D. Hoper, C. Sauter-Louis, M. Beer, and S. Blome. 2018. "Deletion at the 5'-end of Estonian ASFV strains associated with an attenuated phenotype." *Sci Rep* 8 (1):6510. doi: 10.1038/s41598-018-24740-1.
- Zimmer, Claude Saegerman, Ludovic Martinelle, Bertrand Losson, Pascal Leroy, Éric Haubruge, and Frédéric Francis. 2014. "Les porcheries : réservoirs des *Culicoides* (Diptera : Ceratopogonidae), vecteurs des virus de la Maladie de la Langue bleue et de Schmallenberg ?" *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.* 18 (4):480-487.
- Zimmer, J. Y., E. Haubruge, F. Francis, J. Bortels, E. Joie, G. Simonon, R. De Deken, G. De Deken, I. Deblauwe, M. Madder, C. Fassotte, R. Cors, T. Defrance, C. Saegerman, E. Thiry, B. Mignon, J. Paternostre, B. Losson, and N. Kirschvink. 2008. "Distribution of potential bluetongue vectors on Belgium farms." *Vet Rec* 162 (21):700. doi: 10.1136/vr.162.21.700.
- Zumpt, F. 1973. *The Stomoxyine biting flies of the world. Diptera: Muscidae. Taxonomy, biology, economic importance and control measures.* Stuttgart, Gustav Fischer Verlag.

ANNEXES

Annexe 1 : Lettre de saisine



Direction de l'Évaluation des Risques

Maisons-Alfort, le 15 FEV. 2019

Mission « vecteurs »

Johanna FITE
Responsable

Objet : Auto-saisine relative aux vecteurs susceptibles de transmettre le virus de la peste porcine africaine (PPA) en France.

Dossier suivi par :

Johanna FITE
Tél. : 01 56 29 19 46
johanna.fite@anses.fr

N. Réf.

La peste porcine africaine (PPA)¹ est présente depuis 2007 dans plusieurs pays d'Europe de l'est et depuis 2014 au sein des pays de l'est de l'Union Européenne. En cinq ans, elle a progressé vers l'ouest du continent, à la fois de proche en proche et par bonds de plusieurs milliers de kilomètres. C'est ainsi qu'en septembre 2018, à plusieurs milliers de kilomètres des pays infectés, des cadavres de sangliers sauvages ont été découverts porteurs de la PPA dans le sud de la Belgique, non loin de la frontière franco-belge. Entre la découverte des deux premiers cas (le 13 septembre 2018) et le 1^{er} février 2019, la Belgique a recensé, via son dispositif de surveillance, 406 sangliers positifs (détection virologique par PCR).

La progression des cas positifs vers l'ouest, dans le massif forestier principal de la région wallonne, qui se trouve en continuité avec le massif forestier des Ardennes françaises, constitue une forte menace d'introduction pour la France. En effet, la PPA a tendance à se propager dans la population de sangliers, préférentiellement au sein de continuums forestiers qui sont les zones d'habitat préférentiel de cette espèce sauvage (Anses 2019).

Par ailleurs, deux sangliers ont été contrôlés positifs en dehors de la zone infectée initialement définie, à moins de 3 km de la frontière franco-belge². Ces deux cas ont conduit les autorités françaises à relever le niveau de risque d'introduction du virus en France et à adopter des mesures de prévention supplémentaires à celles déjà mises en œuvre dans la zone frontalière.

Si la PPA n'est pas transmissible à l'Homme, cette maladie n'en est pas moins préoccupante. En effet, en l'absence à ce jour de traitement et de vaccin, elle peut provoquer une désorganisation de la filière porcine dans les pays atteints ; l'enjeu socio-économique de cette maladie est donc majeur.

Le CES « Santé et bien-être des animaux » (SABA) a récemment rendu plusieurs avis relatifs au risque d'introduction et de diffusion de la PPA en France dans le contexte susmentionné. À cette occasion, il s'est interrogé sur la présence éventuelle notamment en France, de vecteurs susceptibles de

¹ La peste porcine africaine est une maladie animale virale, très contagieuse, qui affecte uniquement les suidés domestiques et sauvages. Elle est à l'origine d'un syndrome hémorragique souvent fatal pour les formes aiguës de cette maladie.

² <https://www.plateforme-esa.fr/article/ppa-en-belgique-nouvelle-zone-de-vigilance>



transmettre le virus de la maladie, ainsi que sur la persistance de celui-ci dans l'environnement³.

L'Anses propose ainsi de réaliser une expertise (hors évaluation des risques) en s'appuyant sur une recherche documentaire et une analyse de la littérature scientifique, afin de répondre aux questions suivantes :

- 1) Quels sont les vecteurs susceptibles de participer à la transmission de la PPA en France métropolitaine ? Quelles sont leurs compétences vectorielles vis-à-vis du virus de la PPA ? Quelle est leur répartition géographique, notamment en France ? Quel rôle éventuel ont-ils dans la transmission du virus des sangliers vers les porcs d'élevage, ou entre élevages de porcs ?
- 2) De quelles données dispose-t-on concernant la persistance éventuelle du virus de la PPA dans l'environnement, ainsi que sur le rôle de la microfaune terrestre ou entomofaune (arthropodes détriticoles, nématodes, etc.) dans son maintien ? Qu'en est-il de la possibilité de transmission de la PPA aux sangliers par ingestion de ces organismes ?

Ce travail d'expertise collective, d'une durée prévisionnelle d'environ 3 mois, sera confié à un GT *ad hoc*. Les travaux de ce GT seront réalisés en lien avec les experts du GT « vecteurs » et seront validés par le CES SABA.

Dr Roger GENET

Pour le Directeur général
de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de
l'alimentation, de l'environnement et du travail
et par délégation
Le Directeur général délégué
en charge du Pôle Sciences pour l'expertise

Pr Gérard LASFARGUES

Copie : Monsieur Patrick DEHAUMONT – Directeur général de l'Alimentation

³ Référence : Avis 2018-SA-0218 relatif à l'évaluation des mesures de prévention et de gestion mises en place afin de prévenir et maîtriser le risque de diffusion de la PPA sur le territoire national français.

Annexe 2 : Profil de recherches bibliographiques

Résultats des différentes requêtes effectuées pour la rédaction de ce rapport.

recherche	# requête	base de données	mots-clés et opérateurs booléens	résultats
Générale	#1	Scopus	(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever AND virus</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>vector AND competence</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>vector AND capacity</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>vector</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>mechanical AND transmission</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>biological AND transmission</i>))	256
Générale	#2	Scopus	(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever AND virus</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>vector AND competence</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>vector AND capacity</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>vector</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>mechanical AND transmission</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>biological AND transmission</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>arthropod</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>arthropod AND vector</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>insect</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>diptera</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>acari</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>arthropod AND borne AND virus</i>))	77
culicoides	#3	Scopus	(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever AND virus</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>ceratopogonidae</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>culicoides</i>))	7
culicoides	#4	Scopus	(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever AND virus</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>vector AND competence</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>vector AND capacity</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>vector</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>mechanical AND transmission</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>biological AND transmission</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>ceratopogonidae</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>culicoides</i>))	5

pou	#5	Scopus	(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever AND virus</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>vector AND competence</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>vector AND capacity</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>vector</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>mechanical AND transmission</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>biological AND transmission</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>phthiraptera</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>louse</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>lice</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>hog AND louse</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>hog AND lice</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>haematopinus AND suis</i>))	1
pou	#6	Scopus	(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever AND virus</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>phthiraptera</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>louse</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>lice</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>hog AND lice</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>hog AND louse</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>haematopinus AND suis</i>))	5
moustiques	#7	Scopus	(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever AND virus</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>vector AND competence</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>vector AND capacity</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>vector</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>mechanical AND transmission</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>biological AND transmission</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>culicidae</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>mosquito</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>aedes</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>culex</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>anopheles</i>))	14
moustiques	#8	Scopus	(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever AND virus</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>culicidae</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>mosquito</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>aedes</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>culex</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>anopheles</i>))	15

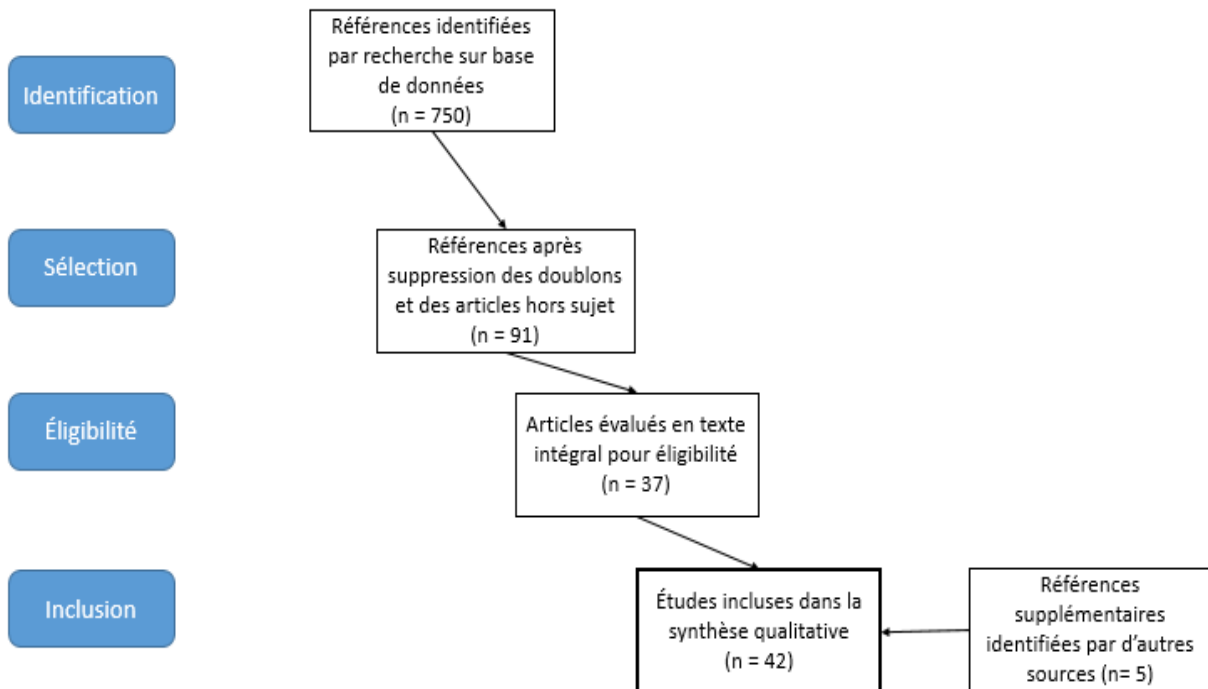
tabanidés	#9	Scopus	(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever AND virus</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>vector AND competence</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>vector AND capacity</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>vector</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>mechanical AND transmission</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>biological AND transmission</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>tabanidae</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>tabanid</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>tabanid</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>horse AND fly</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>horse AND flies</i>))	2
tabanidés	#10	Scopus	(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever AND virus</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>tabanidae</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>tabanid</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>tabanid</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>horse AND fly</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>horse AND flies</i>))	3
puces	#11	Scopus	(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever AND virus</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>vector AND competence</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>vector AND capacity</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>vector</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>mechanical AND transmission</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>biological AND transmission</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>siphonaptera</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>flea</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>ctenoccephalides AND felis</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>pulex AND irritans</i>))	0
puces	#12	Scopus	(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever AND virus</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>siphonaptera</i>) OR TITLE-ABS-	0

			KEY (<i>flea</i>) OR KEY (<i>pulex</i> AND <i>irritans</i>) OR KEY (<i>ctenocephalides</i> AND <i>felis</i>)	TITLE-ABS- TITLE-ABS- TITLE-ABS-	
phlébotomes	#13		(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR KEY (<i>asfv</i>) OR KEY (<i>african</i> AND <i>swine</i> AND <i>fever</i> AND <i>virus</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>african</i> AND <i>swine</i> AND <i>fever</i>) OR TITLE- ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS- KEY (<i>vector</i> AND <i>competence</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>vector</i> AND <i>capacity</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>vector</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>mechanical</i> AND <i>transmission</i>) OR TITLE- ABS-KEY (<i>biological</i> AND <i>transmission</i>) AND TITLE- ABS-KEY (<i>phlebotominae</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>phlebotomus</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>psychodidae</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>sand</i> AND <i>fly</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>sand</i> AND <i>flies</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>phlebotominae</i> AND <i>sandfly</i>)	4	
phlébotomes	#14		(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR KEY (<i>asfv</i>) OR KEY (<i>african</i> AND <i>swine</i> AND <i>fever</i> AND <i>virus</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>african</i> AND <i>swine</i> AND <i>fever</i>) OR TITLE- ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS- KEY (<i>phlebotominae</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>phlebotomus</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>psychodidae</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>sand</i> AND <i>fly</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>sand</i> AND <i>flies</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>phlebotomina</i> AND <i>sandfly</i>)	4	
stomoxes	#15		(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR KEY (<i>asfv</i>) OR KEY (<i>african</i> AND <i>swine</i> AND <i>fever</i> AND <i>virus</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>african</i> AND <i>swine</i> AND <i>fever</i>) OR TITLE- ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS- KEY (<i>vector</i> AND <i>competence</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>vector</i> AND <i>capacity</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>vector</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>mechanical</i> AND <i>transmission</i>) OR TITLE- ABS-KEY (<i>biological</i> AND <i>transmission</i>) AND TITLE- ABS-KEY (<i>muscidae</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>stomoxys</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>stomoxys</i> AND <i>calcitrans</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>stable</i> AND <i>fly</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>stable</i> AND <i>flies</i>)	2	
stomoxes	#16		(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR KEY (<i>asfv</i>) OR KEY (<i>african</i> AND <i>swine</i> AND <i>fever</i> AND <i>virus</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>african</i> AND <i>swine</i> AND <i>fever</i>) OR TITLE- ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS- KEY (<i>muscidae</i>) OR TITLE-ABS-	4	

			KEY (<i>stomoxys</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>stomoxys</i> AND <i>calcitrans</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>stable</i> AND <i>fly</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>stable</i> AND <i>flies</i>)	
tiques dures	#17		(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>african</i> AND <i>swine</i> AND <i>fever</i> AND <i>virus</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>african</i> AND <i>swine</i> AND <i>fever</i>) OR TITLE- ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS- KEY (<i>vector</i> AND <i>competence</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>vector</i> AND <i>capacity</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>vector</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>mechanical</i> AND <i>transmission</i>) OR TITLE- ABS-KEY (<i>biological</i> AND <i>transmission</i>) AND TITLE- ABS-KEY (<i>ixodidae</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>tick</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>ticks</i>) OR TITLE- ABS-KEY (<i>hard</i> AND <i>tick</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>ixodes</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>dermacentor</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>hyalomma</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>ripicephalus</i>)	110
tiques dures	#18		(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>african</i> AND <i>swine</i> AND <i>fever</i> AND <i>virus</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>african</i> AND <i>swine</i> AND <i>fever</i>) OR TITLE- ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS- KEY (<i>vector</i> AND <i>competence</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>vector</i> AND <i>capacity</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>vector</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>mechanical</i> AND <i>transmission</i>) OR TITLE- ABS-KEY (<i>biological</i> AND <i>transmission</i>) AND TITLE- ABS-KEY (<i>ixodidae</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>tick</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>ticks</i>) OR TITLE- ABS-KEY (<i>hard</i> AND <i>tick</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>ixodes</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>dermacentor</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>hyalomma</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>ripicephalus</i>)	12
tiques dures	#19		(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>african</i> AND <i>swine</i> AND <i>fever</i> AND <i>virus</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>african</i> AND <i>swine</i> AND <i>fever</i>) OR TITLE- ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS- KEY (<i>vector</i> AND <i>competence</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>vector</i> AND <i>capacity</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>vector</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>mechanical</i> AND <i>transmission</i>) OR TITLE- ABS-KEY (<i>biological</i> AND <i>transmission</i>) AND TITLE- ABS-KEY (<i>ixodidae</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>hard</i> AND <i>tick</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>ixodes</i>) OR TITLE-ABS- KEY (<i>dermacentor</i>) OR TITLE-ABS-	13

			KEY (<i>hyalomma</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>rhhipicephalus</i>)	
tiques molles	#20		(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever AND virus</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>vector AND competence</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>vector AND capacity</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>vector</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>mechanical AND transmission</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>biological AND transmission</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>soft AND tick</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>ornithodoros</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>argasidae</i>))	81
tiques molles	#21		(TITLE-ABS-KEY (<i>asf</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfv</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever AND virus</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>african AND swine AND fever</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>asfarviridae</i>) AND TITLE-ABS-KEY (<i>soft AND tick</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>ornithodoros</i>) OR TITLE-ABS-KEY (<i>argasidae</i>))	135

Annexe 3 : Diagramme Prisma



Annexe 4: Méthodologie de l'élicitation d'experts

❖ Déroulement de l'élicitation

L'objectif de l'élicitation de connaissance d'experts était de permettre un ordonnancement (hiérarchisation) et un classement (regroupement) des arthropodes hématophages considérés dans l'élicitation sur la base de leur capacité vectorielle dans le contexte de la France métropolitaine. Pour se faire, une liste de dix critères à prendre en compte pour estimer la probabilité d'être vecteur de ces différents familles/genres d'arthropodes hématophages a été établie par les experts du GT.

Les critères intervenant dans la probabilité d'être vecteur étaient les suivants :

- Compétence vectorielle ;
- Abondance vectorielle actuelle ;
- Abondance vectorielle à venir⁴⁶ (tendance temporelle). ;
- Répartition vectorielle à venir⁴⁷ (tendance spatiale). ;
- Survie de l'arthropode (sa longévité) ;
- Taux de piqure (nombre de repas par unité de temps) ;
- Capacité de dispersion de l'arthropode (domaine vital de l'arthropode) ;
- Préférences trophiques pour les suidés ;
- Probabilité de contact de l'arthropode hématophage avec des porcs domestiques ;
- Probabilité de contact de l'arthropode hématophage avec des suidés sauvages.

En vue de standardiser la démarche et de faire en sorte que celle-ci soit basée sur des preuves scientifiques, deux documents de support ont été fournis aux experts sollicités en plus du questionnaire : un manuel d'élicitation expliquant la démarche à suivre et un document de synthèse bibliographique sur les arthropodes hématophages à considérer. Cette synthèse consistait en un extrait du chapitre 4 de ce rapport.

Le questionnaire, préparé par les membres du GT, sous la forme d'un fichier Excel était constitué de quatre onglets intitulés comme suit :

« **Etape 1 – L'expert** », pour caractériser brièvement chacun des experts élicités répondants ;

« **Etape 2 - Notation des critères** », pour recueillir l'avis de chaque expert en notant chaque critère selon une note standardisée allant de zéro à trois (définie en amont par les experts du GT) en regard de chaque arthropode ou famille/genre d'arthropodes (voir Tableau 10). Pour chaque notation, il était également demandé de donner un indice d'incertitude en se référant à une grille figurant dans le quatrième onglet;

« **Etape 3 – Pondération des critères** », pour pondérer les 10 critères entre eux selon la méthode Las Vegas ⁴⁸ ;

« **Tableau des incertitudes** », une grille unique pour estimer l'indice d'incertitude de chaque notation et ce d'une manière standardisée (voir Tableau 11).

Tableau 10: Notes standardisées pour chaque critère intervenant dans l'estimation de la capacité vectorielle des arthropodes hématophages soumis à l'élicitation d'experts

⁴⁶ Ce critère visait à savoir si une tendance à l'augmentation ou la diminution de l'abondance vectorielle était attendue en France métropolitaine dans les prochaines années.

⁴⁷ Ce critère visait à savoir si une tendance à coloniser un espace plus étendu ou restreint était attendue en France métropolitaine dans les prochaines années.

⁴⁸ La méthode Las Vegas (Gore, 1987) consiste à distribuer un certain nombre de points en fonction des différents critères pris en compte en vue de pondérer ces derniers.

Critère	Note	Correspondance
Compétence vectorielle	0	nulle
	1	peu probable (avis d'experts)
	2	probable (avis d'experts)
	3	avérée / documentée
Abondance vectorielle actuelle	0	nulle
	1	faible
	2	moyenne
	3	élevée
Abondance vectorielle à venir (tendance temporelle)	1	diminution
	2	statu quo
	3	augmentation
Répartition vectorielle à venir (tendance spatiale)	1	diminution
	2	statu quo
	3	augmentation
Survie de l'arthropode (longévité)	1	faible (< 2 semaines)
	2	moyenne (de 2 semaines à 2 mois)
	3	longue (> 2 mois)
Taux de piqûre (nombre de repas/unité de temps)	1	faible (< 1 fois par semaine)
	2	moyenne (1 fois par jour à 1 fois par semaine)
	3	élevée (> 1 fois par jour)
Capacité de dispersion de l'arthropode (domaine vital de l'arthropode)	1	faible (moins de 200 m)
	2	200 m à 1 km
	3	plus de 1 km
Préférences trophiques pour les suidés	1	faible
	2	moyenne
	3	élevée
Probabilité de contact avec porcs domestiques	1	faible
	2	moyenne
	3	élevée
Probabilité de contact avec suidés sauvages	1	faible
	2	moyenne
	3	élevée

De manière concomitante, en regard de chaque notation, chaque expert avait la possibilité d'ajouter un élément de justification et en se basant sur le tableau des incertitudes (voir Tableau 11).

Tableau 11 : Modalités d'expression, de qualification et d'attribution des « indices d'incertitude » de la notation

Expression de l'incertitude		Critères d'attribution des indices d'incertitude
Indice d'incertitude (i)	Qualification	
1	Faible	La note attribuée est fondée sur des résultats convergents d'études scientifiques ou sur un système de collecte de données de fiabilité reconnue.
2	Moyen	La note attribuée est fondée sur un nombre limité d'études scientifiques ou sur un système de collecte de données de fiabilité limitée ET la présence de convergence entre auteurs et/ou experts.
3	Élevé	La note attribuée est fondée sur : - un nombre limité d'études scientifiques ou sur un système de collecte de données de fiabilité limitée ET l'absence de consensus entre auteurs et/ou experts ; - ou sur un avis individuel d'expert en l'absence d'études scientifiques ou de système de collecte de données.
4	Absence de données	Aucune note n'est attribuée du fait de l'absence totale de données et d'avis d'expert.

Le poids relatif attribué à chaque critère a été matérialisé en répartissant une quantité donnée de billes entre les différents critères. Pour cela, chaque expert disposait de 100 billes à répartir en fonction de l'importance donnée à chacun des 10 critères pris en considération. Si un critère avait plus de poids dans l'estimation de la capacité vectorielle d'un arthropode, l'expert attribuait plus de billes. L'expert devait utiliser les 100 billes, ni plus ni moins et les répartir en fonction de son avis d'expert.

❖ Experts sollicités

Les membres du GT « vecteurs PPA » ont constitué une liste de 27 experts susceptibles de participer à l'élicitation. Le profil d'expert recherché était en lien avec une connaissance des arthropodes hématophages concernés par la saisine (voir Annexe 10).

❖ Éléments de calendrier

Les experts ont été élicités du 1^{er} au 15 juillet 2019 et éventuellement recontactés ensuite pour préciser quelques valeurs manquantes (omissions). L'analyse des résultats de l'élicitation a été réalisée entre les 22 et le 24 juillet. Le 25 juillet, les résultats préliminaires ont été présentés aux experts du GT « vecteurs PPA » afin de les discuter, puis de les valider (voir le 4.3).

Annexe 5 : Développement du modèle mécaniste appliqué à un scénario de diffusion du virus en intra-élevage

❖ Le modèle mécaniste

Un modèle mécaniste⁴⁹ de transmission du virus entre porcs a été développé afin de quantifier la contribution relative de la transmission vectorielle mécanique de la PPA dans les élevages porcins par rapport à la transmission directe par contact entre porcs.

Le modèle développé :

- comprend une voie de transmission par contact direct (voie la plus commune) et une voie de transmission par l'intermédiaire des stomoxes jouant le rôle de vecteurs mécaniques, qui ont semblé suite aux recherches bibliographiques et aux avis des experts sollicités et des experts du GT, les premiers vecteurs à considérer ;
- a été paramétré grâce à des données issues d'une revue de la littérature et des auditions réalisées ;
- a été appliqué à un contexte d'élevage avec un parcours extérieur⁵⁰, qui selon les experts du GT, serait le type d'élevage le plus propice aux stomoxes (scénario majorant). La présence de fumier dans ce type d'élevage, et le fait que les porcs évoluent dans un environnement « ouvert » permettant aux stomoxes de réaliser leur cycle de développement (animaux accessibles pour le repas de sang, lisier servant au développement des stades immatures) ;
- considère un élevage de taille moyenne comprenant 200 porcs, quelque soit leur âge, une situation pouvant correspondre à un élevage français naisseur-engraisseur de petite taille (type races locales) ou à un élevage français engraisseur de taille moyenne. Des tailles d'élevage supérieures (500 et 1 000) ont été considérées dans le cadre de l'analyse de sensibilité du modèle.

❖ Le modèle de transmission

Le modèle développé comprend deux populations : une population « domestique » composée de l'ensemble des porcs de l'élevage et une population « vecteur » composée de l'ensemble des stomoxes présents dans l'élevage. Par souci de clarté et de simplicité, et compte tenu du temps imparti, le modèle considère que chacune des deux populations (porcs et stomoxes) est mélangée de manière homogène, c'est-à-dire que les probabilités de contact entre porcs sont identiques pour tous les porcs et que chaque porc a la même probabilité d'être piqué par un vecteur. Nous sommes conscients que tous les élevages de porcs sont structurés en lots distincts impliquant que les taux de contact infectieux entre porcs d'un même lot sont supérieurs aux taux de contacts de porcs de deux lots différents, comme démontré lors de transmissions expérimentales (Guinat, Gubbins, et al. 2016b). Pour minimiser l'impact de cette hypothèse sur les résultats de l'étude, nous avons considéré un taux de transmission entre porc entre le taux de transmission intra-lot et le taux de transmission inter-lot, tels qu'estimés dans Guinat et al. (2016b). Il est à noter que certains modèles de transmission d'agents pathogènes chez les porcs prennent en compte cette structuration (Halasa et al. 2016, Salines et al. 2019) et qu'il pourrait être intéressant d'étendre le modèle pour étudier l'impact de la structuration des populations de porcs dans les élevages sur la part relative de la transmission vectorielle.

⁴⁹ Modèle basé sur des processus formalisés sous forme d'équations mathématiques.

⁵⁰ Ces élevages représentaient 1.1% de la production porcine française.

Le modèle considère que les porcs peuvent passer successivement par trois états : susceptible (S_c), infecté (mais pas infectieux, E_c) et infectieux (I_c). Les porcs susceptibles vont s'infecter à un taux λ_c , la force d'infection exercée sur les porcs susceptibles, qui dépend à la fois du nombre de porcs infectieux pouvant transmettre le virus par contact direct (I_c) et du nombre de stomoxes infectants pouvant transmettre le virus au cours de repas sanguins (I_v). Ce taux, qui correspond donc à la somme des forces d'infection dues aux contacts directs et aux repas sanguins, s'exprime sous la forme suivante :

$$\lambda_c = \beta * \frac{I_c}{N_c} + a * b_1 * \frac{I_v}{N_c}$$

avec β le taux de transmission entre porcs, I_c le nombre de porcs infectieux, N_c le nombre de porcs dans l'élevage ($N_c = S_c + E_c + I_c$), a le nombre moyen de repas sanguins pour un stomoxe par jour, b_1 la probabilité de transmission du virus d'un stomoxe infectant à un porc susceptible lors d'un repas sanguin et I_v le nombre de stomoxes infectants.

Au moment de leur infection, les porcs susceptibles deviennent infectieux (passage dans le compartiment 'infecté') et le restent en moyenne $1/\mu$ jours, soit la durée de la période de latence. Passée cette durée, ils passent dans l'état infectieux dans lequel ils vont rester $1/\sigma$ jours, soit la durée de la période infectieuse. C'est lorsqu'ils sont dans l'état infectieux que les porcs vont pouvoir transmettre le virus à des porcs susceptibles ou à des stomoxes sains. Passé la période infectieuse, les porcs infectieux sont retirés de la population, car ils meurent. Initialement, tous les porcs de l'élevage sont susceptibles sauf un qui est considéré comme infecté.

Les stomoxes vont quant à eux pouvoir passer par deux états : sain (S_v) et infectant (I_v). En effet, dans ce modèle, seule la transmission mécanique a été considérée. Il est à noter qu'un état latent devrait être pris en compte si l'on s'intéressait à la transmission biologique qui nécessite que le virus se multiplie dans le vecteur en attendant que celui-ci devienne infectant. Ainsi, dans le modèle considéré, un stomoxe qui vient de se contaminer en réalisant un repas sanguin sur un porc infectieux peut potentiellement transmettre le virus à un porc susceptible sans délai. Initialement, tous les stomoxes de l'élevage sont considérés sains. En piquant les porcs infectieux, les stomoxes sains vont se contaminer à un taux λ_v , la force d'infection exercée sur les stomoxes sains. Ce taux s'exprime sous la forme suivante :

$$\lambda_v = a * b_2 * \frac{I_c}{N_c}$$

avec b_2 la probabilité de transmission du virus d'un porc infectieux à un stomoxes sain lors d'un repas sanguin et les autres paramètres tels que définis pour λ_c . Au moment de la contamination, ils vont passer dans l'état infectant dans lequel ils vont rester en moyenne $1/\tau$ jours, soit la durée pendant laquelle les stomoxes peuvent transmettre le virus de façon mécanique. Passée cette durée, les stomoxes qui ne sont pas morts vont revenir à l'état sain (leurs pièces buccales seront à nouveau propres) et vont, le cas échéant, pouvoir se faire recontaminer en piquant un porc infectieux.

Tous les nouveaux stomoxes qui entrent dans l'élevage arrivent dans l'état sain. Il a été supposé que le nombre de stomoxes par porc est constant, en considérant que la population de stomoxes présents dans l'élevage diminue lorsque le nombre de porcs diminue. Ainsi, la mortalité naturelle des stomoxes a été conjuguée à la mortalité des porcs (cf. système d'équations différentielles ci-dessous).

En faisant le postulat que la dynamique épidémique au sein de l'élevage se ferait à une échelle de temps suffisamment courte pour que l'effet saison soit peu marqué, la dynamique saisonnière de la population de stomoxes n'a pas été considérée. Enfin,

Le modèle mécaniste de transmission par le système d'équations différentielles suivant :

$$\begin{aligned} \frac{dS_c}{dt} &= -\left(\beta * \frac{I_c}{N_c} + a(t) * b_1 * \frac{I_v}{N_c}\right) * S_c \\ \frac{dE_c}{dt} &= \left(\beta * \frac{I_c}{N_c} + a(t) * b_1 * \frac{I_v}{N_c}\right) * S_c - \mu * E_c \\ \frac{dI_c}{dt} &= \mu * E_c - \sigma * I_c \\ \frac{dS_v}{dt} &= \delta * (S_v + I_v) + \tau * I_v - \left(a(t) * b_2 * \frac{I_c}{N_c}\right) * S_v - \left(\delta + ratio * \sigma * \frac{I_c}{N_v}\right) * S_v \\ \frac{dI_v}{dt} &= \left(a(t) * b_2 * \frac{I_c}{N_c}\right) * S_v - \tau * I_v - \left(\delta + ratio * \sigma * \frac{I_c}{N_v}\right) * I_v \end{aligned}$$

Le modèle développé a été étudié selon une approche déterministe. Pour prendre en compte l'incertitude associée à certains paramètres, des distributions probabilistes ont été utilisées pour le paramétrer. Ainsi, les sorties du modèle correspondent à la synthèse de 1 000 simulations déterministes réalisées en tirant aléatoirement les valeurs des paramètres dans leurs distributions respectives.

❖ Paramétrage du modèle

Tous les paramètres définissant le modèle sont décrits dans le Tableau 12. Les paramètres de transmission vectorielle dont la valeur est considérée comme trop incertaine ont été inclus dans une analyse de sensibilité.

Pour étudier la transmission vectorielle intra-élevage, le contexte d'élevage dans lequel se sont placés les experts du GT est celui présenté en 4.4. Il est attendu que le rôle des stomoxes dans la diffusion intra-élevage du virus de la PPA soit dépendant de l'abondance des stomoxes dans l'élevage. Ainsi, il a été considéré plusieurs scénarios, avec un nombre de stomoxes par porc allant de 5 (très faible infestation) à 100 (infestation massive pouvant être observée en élevages bovins ou équins).

• Paramètres de transmission directe et dynamique intra-hôte

Les valeurs des paramètres associés à la transmission directe et à la dynamique intra hôte ont été définis grâce aux données des transmissions expérimentales conduites au laboratoire mondial de référence de la PPA, à Pirbright (Royaume-Uni) (Guinat, Gubbins, et al. 2016b, a). Les auteurs ont estimé le taux de transmission (directe et indirecte) entre porcs d'un même enclos entre 0,3 et 1,8 par jour et le taux de transmission entre porcs de deux enclos adjacents entre 0,05 et 1,1. Pour prendre en compte la structuration physique interne des élevages de porcs, nous avons considéré une valeur intermédiaire pour le taux de transmission (β) et lui avons assigné une distribution Pert(0,2 ; 0,4 ; 0,6). La durée moyenne de la période de latence a été associée à une distribution Pert(3 ; 4 ; 5) jours et à la durée moyenne de la période infectieuse à une distribution Pert(3 ; 7 ; 14) jours tels que spécifiés dans Guinat et al. (2016). Il est à noter que les paramètres de la distribution Pert définissent la valeur minimale, la valeur la plus probable et la valeur maximale de la distribution.

• Paramètres de transmission vectorielle

Les paramètres biologiques des stomoxes et de la transmission vectorielle mécanique ont été définis par des données issues de la littérature scientifique et de l'audition de Marc Desquesnes, et sont résumés dans le Tableau 12.

Paramètres biologiques des stomoxes

Les stomoxes étant des arthropodes diurnes, il a été considéré que, pendant leur saison d'activité (de la fin du printemps à la fin de l'automne), la période d'activité des stomoxes s'étalait de 8h à 20h.

Au cours d'une période d'activité, des variations ont été observées, principalement dues aux variations de température dans une journée. Cependant, comme les patrons de ces dynamiques d'activité ne sont pas nécessairement très contrastés et semblent dépendants du contexte (Baldacchino et al. 2013), il a été considéré que leur activité était constante de 8h à 20h.

Du fait d'un scénario d'élevage « ouvert » aux conditions favorables au cycle de développement des stomoxes, il a été considéré que les stomoxes restent toute leur vie en élevage. Leur espérance de vie étant située entre deux et quatre semaines (c.f. 4.2.4.1), le GT a considéré une durée moyenne de présence en élevage de 21 jours. Par conséquent, chaque stomoxe est en action pendant toute la période d'activité (de 8h à 20h) et ce, pendant 21 jours.

Il est généralement considéré qu'un stomoxe va réaliser entre 5 et 20 effractions cutanées par période journalière d'activité (de 8h à 20h) pour réaliser ses repas sanguins. Cependant, il est important de faire la différence entre les différents types d'effraction comprenant des tentatives potentiellement infectantes (avec début de ponction sanguine) et des tentatives non infectantes correspondant à des sondages. La proportion d'effractions cutanées correspondant aux sondages n'étant pas connue, il a été considéré cette proportion autour de 0,5 et donc le nombre de tentatives potentiellement infectantes réalisées pendant la période d'activité (de 8h à 20h) entre 2 et 10 tentatives, soit entre 0,2 et 0,8 par heure. Ainsi, le nombre moyen de tentatives potentiellement infectantes par jour ($a(t)$) a été défini tel que $a(t) \sim \text{Pert}(8 ; 12 ; 16) \text{ jour}^{-1}$ si $8h < t < 20h$ et 0 sinon.

Paramètres de transmission vectorielle mécanique

Les virémies chez les porcs infectieux sont généralement comprises entre 10^3 et 10^7 HAD₅₀/mL (Guinat et al. 2014) avec des titres pouvant parfois aller jusqu'à 10^8 HAD₅₀/mL sur des porcs infectés en fin d'évolution clinique (Gallardo et al. 2017). Pour paramétrer le modèle de transmission vectorielle mécanique, il a été considéré une virémie moyenne chez les porcs de 10^5 HAD₅₀/mL, ce paramètre a été inclus dans une analyse de sensibilité en le faisant varier à 10^4 et 10^6 HAD₅₀/mL. Pour des souches virulentes à modérément virulentes (souches Tengani, L'60, DR-I, et Haiti-1 non hémadsorbante), la dose infectante peut varier de 2 à 10 particules virales (Pan and Hess 1984). Pour la souche Georgia 2007/1, la souche circulante actuellement en Europe, une dose de 100 HAD₅₀ injectée en intra-dermique en conditions expérimentales a permis l'infection systématique de porcs (Bernard et al. 2016). Les experts du GT se sont placés dans un contexte de dose infectante de 10 HAD₅₀ et ont inclus ce paramètre dans une analyse de sensibilité en le faisant varier à 1, 20 et 100 HAD₅₀.

Il a été observé en conditions expérimentales que les stomoxes peuvent régurgiter une partie du contenu de leur jabot au cours d'une tentative de repas sanguin, donnant lieu à une opportunité majeure de transmission d'agents infectieux (Coronado et al. 2004). Lors d'une régurgitation, les stomoxes peuvent donc transmettre les agents pathogènes présents dans le sang résiduel de leurs pièces buccales, mais aussi ceux présents dans le sang ingéré stocké dans leur jabot (Butler et al. 1977). Du fait de la différence d'échelle de ces deux volumes considérés, environ 0,1 nL pour le volume de sang résiduel des pièces buccales et 2 μ L pour le volume de sang stocké dans le jabot [Audition Marc Desquesnes], la quantité de sang résiduel présent sur les pièces buccales n'a pas été prise en compte pour le calcul de la probabilité qu'au moins une dose infectante contamine un stomoxe au cours d'un repas sanguin. Du fait de la relative grande taille de leur jabot, la probabilité que le jabot se contamine avec au moins une dose infectante (b_2) est de 1. De plus, du fait de l'absence d'enzymes dans le jabot et de la grande résistance du virus de la PPA, il a été considéré que la concentration en virus dans le jabot est la même que celle dans le sang du porc infectieux, soit 10^5 HAD₅₀/mL. Comme spécifié dans la partie 4.2.4.2.1, la probabilité de régurgitation (r) des stomoxes au cours d'un repas sanguin n'est pas connue. Le GT lui a donc associé la valeur 0,05 (considérée comme élevée) et l'a inclus dans une analyse de sensibilité en étudiant l'impact d'une diminution de cette valeur à 0,01. De même, le volume de sang régurgité (vol.r) est inconnu. Il lui a été attribué la valeur 40 nL (représentant approximativement 1/50 du volume du jabot) et a été inclus dans une analyse de sensibilité le faisant varier à 20 nL et 10 nL. En considérant que le nombre de

particules virales dans le volume de sang régurgité suit une loi binomiale de paramètres le volume de sang régurgité ($vol.r = 40.10^3$ pL) et la virémie (10^{-4} HAD₅₀/pL), la probabilité v considérant qu'au moins une dose infectante ($n.inf = 10$ HAD₅₀) soit injectée à l'hôte au cours d'une régurgitation a été calculé, telle que :

$$v = 1 - \sum_{i=0}^9 \binom{40.10^3}{i} * (10^{-4})^i * (1 - 10^{-4})^{vol.r-i} = 8.10^{-3}$$

ce qui a permis de calculer la probabilité de transmission d'une dose infectante à l'hôte au cours d'une tentative de repas sanguin, $b_1 = r*v = 4.10^{-4}$ (Tableau 12). Du fait d'un stockage du sang dans le jabot durant environ 24h (Coronado et al. 2004, Baldacchino et al. 2013), le GT a considéré que les stomoxes pouvaient rester infectieux pendant une durée allant de 0,5 à 2 jours et a donc associé la durée de la période infectante des stomoxes à une distribution Pert(0,5 ; 1 ; 2).

Tableau 12 : Synthèse des paramètres du modèle et de leur valeur ou distribution associée

Paramètre	Description	Valeur et unité	Référence
N_c	Taille totale de l'élevage au moment de l'introduction du virus	200	Scenario élevage
$Ratio_c$	Ratio du nombre de stomoxes par porc	5 à 100	Desquesnes, communication personnelle
β	Taux de transmission entre porcs	Pert(0,3 ; 0,6 ; 0,92 ; 0,4 ; 0,6) jour ⁻¹	Guinat et al. (2016)
$1/\mu$	Durée moyenne de la période de latence chez les porcs	Pert(3 ; 4 ; 5) jours	Guinat et al. (2016)
$1/\sigma$	Durée moyenne de la période infectieuse chez les porcs	Pert(3 ; 7 ; 14) jours	Guinat et al. (2016)
$1/\delta$	Durée moyenne de séjour des stomoxes en élevage	21 jours	Duvallet et al. (2017)
$a(t)$	Taux de piqûres moyen par les stomoxes pendant leur période d'activité en élevage	Pert(8 ; 12 ; 16) jour ⁻¹ si 8h < t < 20h et 0 sinon	Justification dans le texte
$b_{1dose.inf=10}$	Probabilité que le porc s'infecte si piqué par un stomoxe infectant (pour une dose infectieuse de 10 HAD)	$34 \cdot 10^{-4}$	Justification dans le texte
$b_{2dose.inf=10}$	Probabilité que le sang ingéré dans le jabot d'un stomoxe comprenne au moins une dose infectante	1	Justification dans le texte
$1/\tau$	Durée moyenne pendant laquelle un stomoxe reste infectant	Pert(0,5 ; 1 ; 2) jour	Justification dans le texte

❖ Comparaison des scénarios

Chacun des scénarios combinant transmission directe et transmission vectorielle mécanique ont été comparés au scénario impliquant la transmission directe uniquement par les mesures statistiques descriptives suivantes : durée entre l'introduction et le pic épidémique (où le nombre d'individus infectieux est maximal) et durée entre l'introduction et le moment où 10 % des porcs sont morts. Pour chaque scénario incluant la transmission vectorielle mécanique, la contribution relative de la transmission vectorielle a été calculée comme la proportion d'évènements d'infection réalisés par l'intermédiaire des stomoxes.

Annexe 6 : Développement du modèle probabiliste appliqué à un scénario de diffusion du virus de la faune sauvage à un élevage

❖ Le scénario d'introduction du virus de la PPA

Le scénario d'introduction du virus de la PPA par les stomoxes, considéré comme le plus vraisemblable par le GT et dont la probabilité de survenue est l'objet de cette partie est le suivant : un sanglier mâle solitaire, excréteur du virus de la PPA, évolue dans l'environnement direct d'un élevage avec un parcours extérieur pendant la durée de sa période infectieuse considérée à sept jours ; il se fait piquer par un stomoxe de l'élevage évoluant temporairement dans l'environnement direct de l'élevage ; le stomoxe se contamine ; le stomoxe se fait interrompre dans son repas sanguin et revient dans l'élevage pour finir son repas ; le virus est injecté à un porc de l'élevage.

Comme il est attendu que le rôle des stomoxes dans l'introduction du virus de la PPA soit directement dépendant de l'abondance des stomoxes dans l'élevage, le GT a défini des scénarios en faisant varier le nombre de stomoxes par porc de 5 (très faible infestation) à 100 (infestation massive pouvant être observée en élevages bovins ou équinés). De même, il est attendu que le risque d'introduction soit directement influencé par la prévalence chez les sangliers. Comme observé dans les pays Baltes et en Pologne, la prévalence de la PPA chez les sangliers tirés à la chasse est généralement inférieure à 5% (Depner et al. 2017). Le GT a donc défini trois scénarios pour la probabilité que le sanglier soit infecté par le virus de la PPA en considérant une situation de prévalence faible (1 %), élevée (5 %) et très élevée (10 %).

❖ Le modèle probabiliste

Un modèle probabiliste a été développé pour estimer la probabilité que le virus de la PPA soit transmis à au moins un porc d'un élevage plein air (ou bio) par au moins un stomoxe résident de l'élevage, lorsqu'un sanglier infectieux évolue dans l'environnement de l'élevage pendant la durée de sa période infectieuse considérée à sept jours. Le modèle est basé sur le schéma événementiel présenté en Figure 13, qui représente les sept étapes conduisant à l'introduction du virus dans l'élevage.

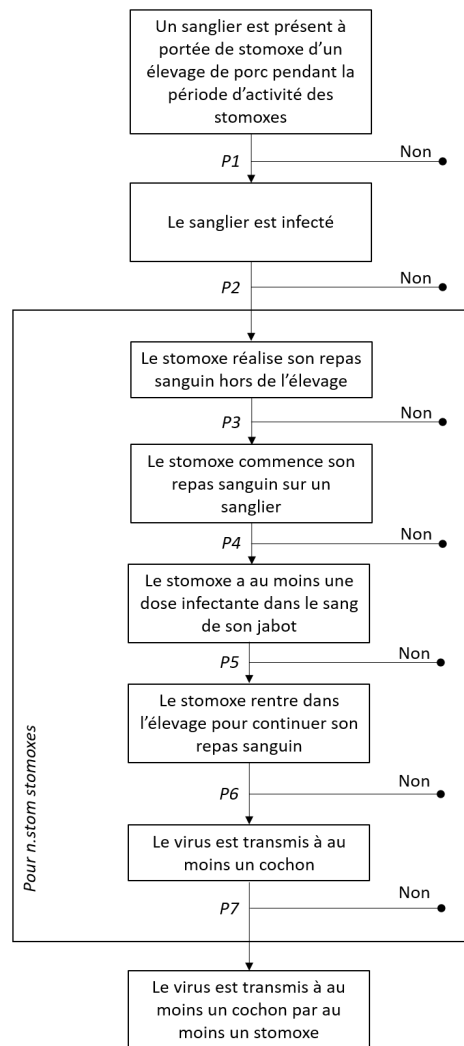


Figure 13: Schéma événementiel pour l'estimation probabiliste de la probabilité quotidienne que le virus de la PPA soit transmis d'un sanglier à au moins un porc d'un élevage ayant un parcours extérieur par au moins un stomoxe résident de l'élevage.

La probabilité P_{tot} qu'un stomoxe de l'élevage s'infecte sur un sanglier infecté évoluant dans l'environnement direct de l'élevage et transmette le virus à au moins un porc au cours d'une tentative de repas sanguin en élevage pendant la durée de la période infectieuse chez le sanglier (7 jours) est donnée par

$$P_{tot} = 1 - (1 - P)^7$$

avec P la probabilité quotidienne qu'un stomoxe de l'élevage s'infecte sur un sanglier infecté évoluant dans l'environnement direct de l'élevage et transmette le virus à au moins un porc au cours d'une tentative de repas sanguin en élevage et 7 la durée de la période infectieuse considérée chez le sanglier. La probabilité P est donnée par

$$P = \prod_{i=3}^7 P_i$$

où P_i est la probabilité conditionnelle associée à l'étape i . La probabilité P_{intro} qu'un sanglier évolue dans l'environnement direct de l'élevage, qu'il soit infecté et qu'au moins un stomoxe transmette le virus à au moins un porc de l'élevage est donc donnée par

$$P_{intro} = P_1 * P_2 * (1 - (1 - P)^{n.stom})$$

où $n.stom$ est le nombre total de stomoxes présents dans l'élevage, défini par le scénario d'infestation.

❖ Paramétrisation du modèle

P1 (probabilité quotidienne qu'un sanglier soit présent à portée de stomoxe d'un élevage de porc pendant la période d'activité des stomoxes). La période pendant laquelle les stomoxes sont principalement actifs correspond globalement à la plage horaire 8h – 20h pendant période chaude de mai à septembre. Le sanglier est une espèce inféodée au milieu forestier. Cependant, ils sont souvent amenés à fréquenter les zones agricoles, quelle que soit la saison de l'année. Une étude sur l'utilisation de l'interface forêt-plaine en Wallonie (Licoppe et al., 2018) a permis de déterminer que, entre mai et septembre, les sangliers de la zone d'étude passaient entre 5% et 12% de leur temps en zone de prairie (variabilité mensuelle, moyenne à 8,2%), entre 5 et 19% de leur temps en zone de culture (variabilité mensuelle, moyenne à 10,8%) et donc le reste du temps en zone forestière (moyenne à 81% entre mai et septembre). En considérant que les élevages de porcs sont situés en zone agricole (prairie ou culture), la probabilité qu'un sanglier soit présent à portée de stomoxe d'un élevage de porc est donc majorée par la valeur 19%. De mai à septembre, ces auteurs ont aussi montré que l'utilisation des zones de culture était constante au cours d'une journée mais que l'utilisation des zones de prairies s'opérait davantage pendant la nuit. Il a donc été considéré que 33% du temps que les sangliers passent en zone agricole s'opéraient entre 8h et 20h, soit pendant la période d'activité des stomoxes. Le paramètre P1 est donc majoré par la valeur $0,19 \times 0,33 = 0,06$. Le GT a donc décidé de lui associer une distribution Pert(0,02 ; 0,04 ; 0,06).

P2 (probabilité que le sanglier soit infecté). Comme mentionné ci-dessus, la valeur de ce paramètre est définie par le scénario de prévalence de la PPA chez les sangliers : faible (1%), élevée (5%) et très élevée (10%).

P3 (probabilité quotidienne que le stomoxe réalise son repas sanguin hors de l'élevage). Les stomoxes étant des arthropodes inféodés aux élevages (à l'inverse des taons qui n'entrent dans les élevages qu'occasionnellement), s'ils peuvent réaliser leur cycle sur l'élevage et réaliser leurs repas sanguins sur les porcs, la probabilité qu'un stomoxe quitte l'élevage pour aller réaliser un repas sanguin sur la faune sauvage potentiellement présente autour est relativement faible. A notre connaissance, pour un stomoxe inféodé à un élevage ayant un parcours extérieur, la proportion moyenne de repas sanguins réalisés hors élevage est inconnue. Le GT a donc attribué à P3 la valeur 0,05 (correspondant à 5% des repas sanguins pris en dehors de l'élevage) et avons inclus ce paramètre dans une analyse de sensibilité en le faisant varier à 0,01 ; 0,1 et 0,2.

P4 (probabilité que le stomoxe commence son repas sanguin sur un sanglier). Le contexte défini par le GT prévoit qu'un sanglier mâle soit attiré par les femelles de l'élevage et donc évolue dans l'environnement direct de l'élevage. Pour quantifier la probabilité P4, le GT s'est placé dans un scénario pessimiste où les stomoxes qui sortiraient de l'élevage pour réaliser un repas sanguin se dirigeraient vers le sanglier avec une probabilité de 1.

P5 (probabilité que le stomoxe ait au moins une dose infectante dans le sang contenu dans son jabot). Comme dans le modèle précédent, le GT a considéré une dose infectante de 10 HAD₅₀, une virémie moyenne de 10⁵ HAD₅₀/mL et un volume du jabot des stomoxes de 2 µL. Ces éléments nous ont permis d'estimer que la probabilité que le volume de sang ingéré et stocké dans le jabot contienne au moins une dose infectante est de 1 et que la concentration en virus dans ce volume est la même que chez l'hôte, soit 10⁵ HAD₅₀/mL (voir les justifications dans la partie précédente).

P6 (probabilité que le stomoxe rentre dans l'élevage et pique un porc avant la fin de sa période d'activité quotidienne). Le stomoxe réalisant son cycle de reproduction en élevage, il a été considéré que, suite à sa tentative de repas sanguin hors élevage, le stomoxe rentrait dans l'élevage pour

pondre, lui permettant ainsi de piquer des porcs avant la fin de sa période d'activité quotidienne. Ainsi, il a été assigné à P6 la valeur 1.

P7 (probabilité que le stomoxe infectant de retour dans l'élevage transmette le virus à au moins un porc). En cohérence avec la partie précédente (modèle de transmission intra-élevage), la force d'infection exercée par un stomoxe infectant sur un porc susceptible est définie par

$$\lambda_c = a * \frac{b_1}{N_c}$$

avec a le nombre moyen quotidien de piqûres infectantes par les stomoxes pendant leur période d'activité en élevage (Pert(4 ; 6 ; 8)), b_1 la probabilité que le porc s'infecte si piqué par un stomoxe infectant ($4.e^{-4}$) et N_c le nombre total de porcs présents dans l'élevage (200). La probabilité qu'un stomoxe infectant transmette le virus à au moins un porc d'un élevage entièrement susceptible peut donc s'exprimer sous la forme

$$P7 = 1 - \exp\left(-\frac{\lambda_c * N_c}{2}\right) = 1 - \exp\left(-\frac{a * b_1}{2}\right)$$

Noter le rapport 2 dans l'exponentielle pour prendre en compte le fait que, en moyenne, un stomoxe deviendra infectant au milieu de sa période d'activité, réduisant ainsi son nombre de piqûres infectantes sur porc par un facteur 2. Le paramètre P7 est donc distribué tel qu'illustré dans la Figure 14.

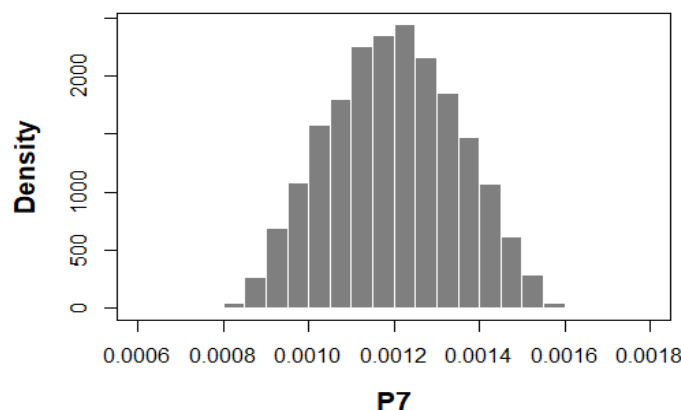


Figure 14 : Distribution de la probabilité qu'un stomoxe infectant de retour dans l'élevage transmette le virus à au moins un porc (P7).

❖ Analyse de sensibilité

Certains paramètres définissant le modèle sont associés à une incertitude importante. Ces paramètres incluent la proportion moyenne de repas sanguins réalisés hors élevage (P2), la dose infectante (définissant b_1 et donc P7), la fréquence de régurgitation des stomoxes (définissant b_1 et donc P7) et le volume de sang régurgité (définissant b_1 et donc P7). Une analyse de sensibilité a été conduite pour évaluer l'effet individuel de l'incertitude associée à ces quatre paramètres sur l'estimation du risque d'introduction. Les valeurs de ces paramètres inclus dans l'analyse de sensibilité sont résumées dans le Tableau 13.

Tableau 13 : Résumé des scénarios de l'analyse de sensibilité

Paramètre	Définition	Valeur de référence	Unité	Valeurs incluses dans l'analyse de sensibilité
P3	Proportion moyenne de repas sanguins réalisés hors élevage	0,05	sans unité	0,01 0,1 0,2
r	Probabilité de regurgitation des stomoxes	0,05	sans unité	0,01
Di	Dose infectante	10	HAD ₅₀	1 HAD ₅₀ 20 HAD ₅₀ 100 HAD ₅₀
vol.reg	Volume régurgité par les stomoxes	40	nL	20 nL 10 nL

Annexe 7 : Synthèse des différents paramètres biologiques des différents arthropodes hématophages considérés dans ce rapport

Arthropodes (famille ou genre)	Genre ou espèces présentes en France métropolitaine potentiellement retrouvées sur des suidés	Mode de vie	Durée de vie	Période d'activité	Capacité de dispersion	Préférences trophiques	Pic d'activité	Repas sanguin: fréquence (F), durée (D) et volume (V)	Possibilité de repas interrompus
<i>Ornithodoros</i>	NA	nidicole voir endophile	jusqu'à 5 à 10 ans	/	très sédentaires	opportunistes	plutôt nocturne	(F) NA (D) 20 à 40min (V) pas de données	pas de données
<i>Ceratopogonidae</i> (culicoïdes)	84 sont présentes en France dont <i>C. imicola</i>	exo et endophile	10 à 20 jours (adultes) max à basse T°C de 3 mois	avril à novembre	<500m dispersion passive par les vents possible sur plusieurs centaines de km	mammophiles	crépusculaire à nocturne	(F) 3 à 5 jours (D) pas de données (V) 0,1µL	pas de données
<i>Culicidae</i> (moustiques)	<i>Aedes</i> , <i>Anopheles</i> , <i>Culex</i>	exo et endophile	jusqu'à 3 mois	été et automne	quelques km	opportunistes selon les espèces humains et oiseaux, possibilités d'autres mammifères	diurne (<i>Ae</i>) ; crépusculaire à nocturne (<i>An</i>) ; nocturne (<i>Cu</i>)	(F) 3 à 7 jours (D) 2 à 5 minutes (V) jusqu'à 10µL	oui

Arthropodes (famille ou genre)	Genre ou espèces présentes en France métropolitaine potentiellement retrouvées sur des suidés	Mode de vie	Durée de vie	Période d'activité	Capacité de dispersion	Préférences trophiques	Pic d'activité	Repas sanguin: fréquence (F), durée (D) et volume (V)	Possibilité de repas interrompus
<i>Ixodidae</i>	<i>Ixodidae</i> et <i>Amblyommidae</i> (<i>Dermacentor</i> sp., <i>Rhipicephalus</i> sp., <i>Haemaphysalis</i> sp., et <i>Hyalomma</i> sp.)	exophile (larve et nymphe de <i>Dermacentor</i> et <i>Hyalomma</i> sont endophiles)	jusqu'à 3 ans	printemps et automne	dispersion passive à l'exception de <i>H. marginatum</i> (dispersion active)	triphases (se gorgent sur différents hôtes à chaque stade)	plutôt diurne	(F) quelques mois à années (D) 3 à 12 jours (V) 1mL (difficilement évaluable)	pas de données
<i>Muscidae</i>	<i>Stomoxys calcitrans</i>	exo et endophile	de 2 à 4 semaines	en élevage tout au long de l'année mais avec densités plus élevées entre mai et novembre	quelques km	opportunistes (?)	diurne (avec pic d'activité en début d'après-midi)	(F) 1 à 2 par jour (D) 2 à 30 minutes (V) 7 à 15µL	oui
<i>Phlebotominae</i>	<i>Phlebotomus</i> et <i>Sergentomyia</i>	exophile	de 2 semaines à 2 mois	de mai à octobre	<1km par vol actif	opportunistes vertébrés homéothermes	crépusculaire à nocturne	(F) de 3 à 5 jours (D) 30 secondes à 5 minutes (V) pas de données	repas interrompus non documentés mais envisagés
<i>Phthiraptera</i>	<i>Haematopinus suis</i> (pou du porc)	inféodés aux suidés	adultes vivent 1 mois	toute l'année sans variations saisonnières	très sédentaire	strictes uniquement suidés	?	(F) environ toutes les heures (D) 10 à 15 minutes par repas (V) 0,1 µL	pas de données

Arthropodes (famille ou genre)	Genre ou espèces présentes en France métropolitaine potentiellement retrouvées sur des suidés	Mode de vie	Durée de vie	Période d'activité	Capacité de dispersion	Préférences trophiques	Pic d'activité	Repas sanguin: fréquence (F), durée (D) et volume (V)	Possibilité de repas interrompus
<i>Siphonaptera</i>	<i>Ctenocephalides felis</i> <i>Pulex irritans</i>	inféodés à leurs hôtes	3 à 4 semaines (<i>C. felis</i>)	toute l'année avec augmentation des populations au cours des mois d'été chaud	<i>C. felis</i> : très sédentaire <i>P. irritans</i> : sédentaire	<i>C. felis</i> : chat <i>P. irritans</i> : mais opportuniste (sur homéothermes)	?	(F) 4 par jours à 1 repas tous les 3/4 jours (D) repas en quelques minutes (V) 1 à 1,5 µL	pas de données
<i>Tabanidae</i>	<i>Silvius</i> , <i>Nemorius</i> , <i>Chrysops</i> , <i>Hybomitra</i> , <i>Atylotus</i> , <i>Tabanus</i> et <i>Haematopota</i>	exophile	2 à 4 semaines	actif de fin mai à août-septembre; pic d'activité juin-juillet	quelques km	opportuniste principalement grands mammifères	diurne (avec pic d'activité vers midi)	(F) entre 5 à 7 jours (D) ? (V) 20 à 600µL	oui

Annexe 8 : Classification⁵¹ des arthropodes hématophages

Suite à l'exercice d'élicitation d'experts, un arbre de régression (Figure 15) a été réalisé sur la base de la moyenne des médianes des notes pondérées données par les experts pour chacun des arthropodes hématophages. L'objectif de cet exercice était d'arriver à des regroupements d'arthropodes hématophages les plus homogènes possibles, c'est-à-dire avec la plus faible déviation standard au sein de chaque groupe (nœud terminal).

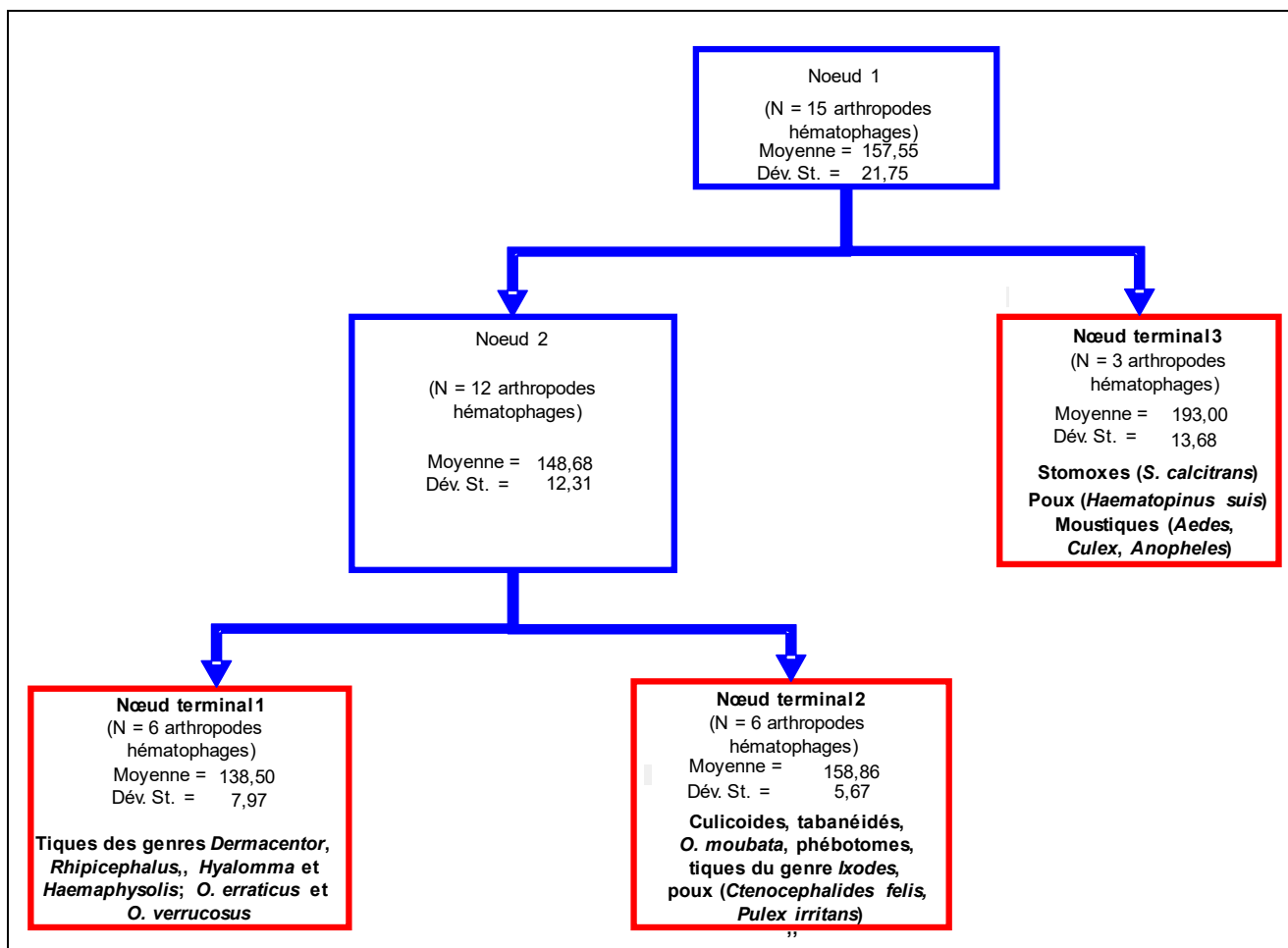


Figure 15 : Arbre de régression basé sur la moyenne des médianes des notes globales pondérées pour chacun des familles/genres arthropodes hématophages

D'après les experts élicités, il ressort de l'arbre de régression trois groupes de familles/genres d'arthropodes hématophages susceptibles d'être vecteurs du virus de la PPA qui sont présentés ci-dessous par ordre décroissant de probabilité :

- Groupe 1 (N=3) : stomoxes (*Stomoxys calcitrans*), poux (*Haematopinus suis*) et moustiques (*Aedes*, *Culex*, *Anopheles*) ;

⁵¹ Classification : Action de distribuer les arthropodes hématophages par classes (chaque classe étant différente).

- Groupe 2 (N=6) : culicoïdes, tabanidés, *O. moubata*, phlébotomes, tiques dures du genre *Ixodes* et puces (*Ctenocephalides felis*, *Pulex irritans*).
- Groupe 3 (N=6) : tiques dures des genres *Dermacentor*, *Rhipicephalus*, *Hyalomma* et *Haemaphysalis* et deux espèces de tiques molles : *O. erraticus* et *O. verrucosus*.

Annexe 9 : Profil des experts ayant participé à l'élicitation des connaissances d'experts

Nom	Prénom	Institution	Pays	Mot_1	Mot_2	Mot_3
Bonnet	Sarah	INRA	France	Entomologie médicale et vétérinaire	Parasitologie	Tiques
Bouhsira	Emilie	Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse	France	Puces	Stomoxes	Transmission mécanique
De Deken	Réginald	IMT Anvers	Belgique	Mouche tsé tsé	Insectes hématophages	Tiques
De Regge	Nick	Sciensano	Belgique	Virologie	Maladies vectorielles	Diagnostic de laboratoire
Duvallet	Gérard	Université Paul-Valéry Montpellier 3	France	Stomoxyinae	Tabanidae	Entomologie médicale et vétérinaire
Farougou	Souaïbou	Université d'Abomey-Calavi	Bénin	Pathologies animales	Acarologie	Microbiologie
Haddad	Nadia	Ecole Nationale Vétérinaire de Maisons-Alfort	France	Zoonoses	Infectiologie, particulièrement maladies vectorisées	Epidémiologie
Jori	Ferran	CIRAD	France	Sanglier	Interface	Epidemiologie
Jourdain	Elsa	INRA	France	Flavivirus	Coxiella-Coxiella-like	Epidémiologie
Le Potier	Marie-Frédérique	Anses	France	Peste porcine africaine	Virologie-immunologie	Porc-sanglier
Lempereur	Laetitia	ULiège	Belgique	Parasitologie	Arthropodes	Vector borne diseases
Liénard	Emmanuel	Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse	France	Transmission mécanique	Stomoxys calcitrans	<i>Ctenocephalides felis</i>
Plantard	Olivier	INRA	France	Tique	Ecologie	Biologie évolutive
Yessinou	Roland Eric	Université d'Abomey-Calavi	Bénin	Peste Porcine Africaine	Compétence vectorielle	France métropolitaine

Annexe 10 : Notes, indices d'incertitude et pondérations attribués par les experts concernant les critères de la capacité vectorielle des familles/genres d'arthropodes hématophages susceptibles de jouer un rôle dans la transmission du virus de la PPA en France métropolitaine

Expert	Vecteur	C1	I1	C2	I2	C3	I3	C4	I4	C5	I5	C6	I6	C7	I7	C8	I8	C9	I9	C10	I10	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P1_10	Note pondérée	Incertitude médiane	
1	01_O. erraticus	2	3	0	1	2	2	2	2	3	1	1	2	1	2	3	1	1	1	1	1	1	20	15	5	10	5	15	10	10	5	5	100	145,05	1,5
1	02_O. moubata	3	1	0	1	2	2	2	2	3	1	1	2	1	2	3	1	1	1	1	1	1	20	15	5	10	5	15	10	10	5	5	100	165,05	1
1	03_O. verrucosus	2	3	0	1	2	2	2	2	3	1	1	2	1	2	3	1	1	1	1	1	1	20	15	5	10	5	15	10	10	5	5	100	145,05	1,5
1	04_Stomoxes (Stomoxys calcitrans)	3	1	3	1	3	3	2	2	2	1	3	1	3	1	2	1	2	1	1	1	1	20	15	5	10	5	15	10	10	5	5	100	255,05	1
1	05_Tabanidés	2	2	3	1	3	3	2	2	2	1	3	1	3	1	2	4	1	1	3	2	20	15	5	10	5	15	10	10	5	5	100	230,15	1,5	
1	06_Ixodes	1	2	3	1	2	2	3	1	3	1	1	1	1	1	2	1	1	2	2	2	20	15	5	10	5	15	10	10	5	5	100	170,1	1	
1	07_Rhipicephalus	1	2	3	1	2	2	2	3	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	20	15	5	10	5	15	10	10	5	5	100	150,1	1,5	
1	08_Haemaphysalis	1	2	2	1	2	2	2	3	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	20	15	5	10	5	15	10	10	5	5	100	135,1	1,5	
1	09_Hyalomma	1	2	1	1	3	2	3	1	3	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	20	15	5	10	5	15	10	10	5	5	100	135,1	1		
1	10_Dermacentor	1	2	3	1	3	2	3	1	3	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	20	15	5	10	5	15	10	10	5	5	100	165,1	1		
1	11_Culicoïdes	2	3	3	1	2	2	2	2	2	1	2	2	3	1	2	2	2	2	2	2	3	20	15	5	10	5	15	10	10	5	5	100	215,1	2
1	12_Phlébotomes	2	3	3	1	2	2	3	3	2	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	3	20	15	5	10	5	15	10	10	5	5	100	215,1	2
1	13_Moustiques (Aedes, Culex, Anopheles)	2	3	3	1	3	2	3	3	2	1	3	1	2	2	2	2	2	2	2	2	3	20	15	5	10	5	15	10	10	5	5	100	235,1	2
1	14_Poux (Haematopinus suis)	1	3	3	1	1	1	2	1	2	1	3	1	1	1	3	1	3	1	3	1	20	15	5	10	5	15	10	10	5	5	100	200,15	1	
1	15_Puces (Ctenocephalides felis, Pulex irritans)	1	3	2	2	1	1	2	1	3	1	2	1	1	1	2	1	3	1	1	1	20	15	5	10	5	15	10	10	5	5	100	165,05	1	
2	01_O. erraticus	1	2	0	2	2	3	2	3	3	1	1	1	1	2	2	1	2	2	2	2	50	5	2	2	2	6	3	10	10	10	100	103,2	2	
2	02_O. moubata	3	1	0	1	2	3	2	3	3	1	1	1	1	3	1	1	2	2	2	2	50	5	2	2	2	6	3	10	10	10	100	213,2	1	
2	03_O. verrucosus	1	2	0	2	2	3	2	3	3	1	1	1	1	2	2	1	2	2	2	2	50	5	2	2	2	6	3	10	10	10	100	103,2	2	
2	04_Stomoxes (Stomoxys calcitrans)	3	1	2	2	3	3	3	3	2	1	2	1	2	1	2	2	2	2	1	2	50	5	2	2	2	6	3	10	10	10	100	234,1	2	
2	05_Tabanidés	2	4	2	2	2	3	2	3	2	2	2	1	2	1	3	2	1	2	3	2	50	5	2	2	2	6	3	10	10	10	100	180,3	2	
2	06_Ixodes	1	1	3	1	3	3	3	1	3	1	1	1	3	1	3	1	2	1	3	1	50	5	2	2	2	6	3	10	10	10	100	148,3	1	
2	07_Rhipicephalus	1	1	2	1	2	2	2	2	3	1	1	1	3	1	2	1	1	2	1	2	50	5	2	2	2	6	3	10	10	10	100	119,1	1	
2	08_Haemaphysalis	1	1	1	1	2	2	2	2	3	1	1	1	3	1	2	2	1	2	2	2	50	5	2	2	2	6	3	10	10	10	100	114,2	1,5	
2	09_Hyalomma	1	1	1	1	3	1	3	1	3	1	1	1	3	1	2	2	1	2	1	2	50	5	2	2	2	6	3	10	10	10	100	118,1	1	
2	10_Dermacentor	1	1	2	1	3	3	3	2	3	1	1	1	3	1	2	2	2	2	2	2	50	5	2	2	2	6	3	10	10	10	100	133,2	1	
2	11_Culicoïdes	1	4	2	2	2	3	2	3	2	1	2	1	2	1	2	3	2	3	2	3	50	5	2	2	2	6	3	10	10	10	100	130,2	3	
2	12_Phlébotomes	1	4	2	1	3	3	3	3	2	1	2	1	3	2	3	2	3	2	3	2	3	50	5	2	2	2	6	3	10	10	10	100	157,3	2
2	13_Moustiques (Aedes, Culex, Anopheles)	1	4	3	1	3	2	3	2	2	1	2	1	3	1	2	2	2	2	2	2	50	5	2	2	2	6	3	10	10	10	100	142,2	2	
2	14_Poux (Haematopinus suis)	1	3	2	1	2	3	2	3	2	1	3	1	1	1	3	1	3	1	3	1	50	5	2	2	2	6	3	10	10	10	100	153,3	1	
2	15_Puces (Ctenocephalides felis, Pulex irritans)	1	4	2	1	2	3	2	3	2	1	2	1	1	1	2	1	2	1	2	1	50	5	2	2	2	6	3	10	10	10	100	127,2	1	

Expert	Vecteur	C1	I1	C2	I2	C3	I3	C4	I4	C5	I5	C6	I6	C7	I7	C8	I8	C9	I9	C10	I10	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P1_10	Note pondérée	Incertitude médiane
3	01_O. erraticus	2	1	1	2	1	2	1	2	3	1	3	1	1	1	1	1	1	2	2	2	50	5	3	3	2	2	2	10	20	3	100	155,06	1,5
3	02_O. moubata	1	1	0	3	1	3	1	3	3	1	3	1	1	1	1	1	1	2	2	2	50	5	3	3	2	2	2	10	20	3	100	100,06	1,5
3	03_O. verrucosus	2	1	1	2	1	2	1	2	3	1	3	1	1	1	1	1	1	2	2	2	50	5	3	3	2	2	2	10	20	3	100	155,06	1,5
3	04_Stomoxes (Stomoxys calcitrans)	3	2	1	2	2	2	2	3	2	4	2	1	2	4	1	1	2	2	2	2	50	5	3	3	2	2	2	10	20	3	100	229,06	2
3	05_Tabanidés	0	2	1	2	2	2	2	3	3	4	2	1	3	4	1	4	2	2	3	1	50	5	3	3	2	2	2	10	20	3	100	83,09	2
3	06_Ixodes	1	1	1	2	2	2	2	2	3	2	3	1	1	2	2	1	2	2	1	2	50	5	3	3	2	2	2	10	20	3	100	141,03	2
3	07_Rhipicephalus	1	1	1	2	2	2	2	2	3	2	3	1	1	2	2	1	2	2	1	2	50	5	3	3	2	2	2	10	20	3	100	141,03	2
3	08_Haemaphysalis	1	1	1	2	2	2	2	2	3	2	3	1	1	2	2	1	2	2	1	2	50	5	3	3	2	2	2	10	20	3	100	141,03	2
3	09_Hyalomma	1	1	1	2	2	2	2	2	3	2	3	1	1	2	2	1	2	2	1	2	50	5	3	3	2	2	2	10	20	3	100	141,03	2
3	10_Dermacentor	1	1	1	2	2	2	2	2	3	2	3	1	1	2	2	1	2	2	1	2	50	5	3	3	2	2	2	10	20	3	100	141,03	2
3	11_Culicoïdes	2	1	1	2	2	3	2	2	2	4	2	1	3	1	1	4	2	2	2	4	50	5	3	3	2	2	2	10	20	3	100	181,06	2
3	12_Phlébotomes	0	1	1	2	2	3	2	3	2	1	2	1	3	1	2	1	2	2	2	4	50	5	3	3	2	2	2	10	20	3	100	91,06	1,5
3	13_Moustiques (Aedes, Culex, Anopheles)	1	4	2	2	2	3	3	3	2	1	3	1	3	1	1	2	3	1	2	4	50	5	3	3	2	2	2	10	20	3	100	161,06	2
3	14_Poux (Haematopinus suis)	2	1	3	2	2	2	2	2	2	1	3	1	1	2	3	1	3	1	1	2	50	5	3	3	2	2	2	10	20	3	100	229,03	1,5
3	15_Puces (Ctenocephalides felis, Pulex irritans)	1	1	2	2	2	2	2	2	3	4	3	1	1	2	3	1	3	1	1	2	50	5	3	3	2	2	2	10	20	3	100	176,03	2
4	01_O. erraticus	1	4	0	4	2	4	2	4	3	4	1	4	1	4	2	4	1	4	1	4	20	5	5	8	12	15	8	11	8	8	100	135,08	4
4	02_O. moubata	1	4	0	4	2	4	2	4	3	4	1	4	1	4	1	4	1	4	1	4	20	5	5	8	12	15	8	11	8	8	100	124,08	4
4	03_O. verrucosus	1	4	0	4	2	4	2	4	3	4	1	4	1	4	1	4	1	4	1	4	20	5	5	8	12	15	8	11	8	8	100	124,08	4
4	04_Stomoxes (Stomoxys calcitrans)	2	1	3	1	3	1	3	1	3	1	3	1	3	1	1	3	2	3	1	2	20	5	5	8	12	15	8	11	8	8	100	226,08	1
4	05_Tabanidés	2	3	3	1	3	2	3	2	3	2	2	2	3	2	1	3	2	3	2	3	20	5	5	8	12	15	8	11	8	8	100	211,16	2
4	06_Ixodes	1	4	2	3	2	4	1	4	3	4	1	1	2	4	1	4	1	4	2	4	20	5	5	8	12	15	8	11	8	8	100	134,16	4
4	07_Rhipicephalus	1	4	2	4	2	4	2	4	3	4	1	1	2	4	1	4	1	4	2	4	20	5	5	8	12	15	8	11	8	8	100	142,16	4
4	08_Haemaphysalis	1	4	1	4	2	4	2	4	3	4	1	1	2	4	1	4	1	4	2	4	20	5	5	8	12	15	8	11	8	8	100	137,16	4
4	09_Hyalomma	1	4	1	4	3	4	3	4	3	4	1	1	2	4	1	4	1	4	2	4	20	5	5	8	12	15	8	11	8	8	100	150,16	4
4	10_Dermacentor	1	4	2	4	2	4	2	4	3	4	1	1	2	4	1	4	1	4	2	4	20	5	5	8	12	15	8	11	8	8	100	142,16	4
4	11_Culicoïdes	2	4	2	4	2	4	2	4	2	4	2	4	3	4	1	4	1	4	1	4	20	5	5	8	12	15	8	11	8	8	100	173,08	4
4	12_Phlébotomes	1	4	2	4	2	4	2	4	2	4	2	4	3	4	1	4	1	4	1	4	20	5	5	8	12	15	8	11	8	8	100	153,08	4
4	13_Moustiques (Aedes, Culex, Anopheles)	2	4	2	1	3	2	3	2	2	4	2	1	2	3	2	4	2	3	2	3	20	5	5	8	12	15	8	11	8	8	100	197,16	3
4	14_Poux (Haematopinus suis)	2	4	2	4	2	4	2	4	3	4	1	4	2	4	3	1	3	1	3	1	20	5	5	8	12	15	8	11	8	8	100	200,24	4
4	15_Puces (Ctenocephalides felis, Pulex irritans)	1	4	2	4	2	4	2	4	3	4	2	4	2	4	1	2	1	4	2	4	20	5	5	8	12	15	8	11	8	20	112	157,4	5

Expert	Vecteur	C1	I1	C2	I2	C3	I3	C4	I4	C5	I5	C6	I6	C7	I7	C8	I8	C9	I9	C10	I10	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P1_10	Note pondérée	Incertitude médiane
5	01_O. erraticus	2	1	0	1	2	1	2	1	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	15	20	5	5	10	15	10	0	10	10	100	115,1	1
5	02_O. moubata	3	1	0	1	2	1	2	1	3	1	1	1	1	1	2	1	1	1	1	1	15	20	5	5	10	15	10	0	10	10	100	130,1	1
5	03_O. verrucosus	1	2	0	1	2	1	2	1	3	1	1	1	1	1	2	1	1	1	1	1	15	20	5	5	10	15	10	0	10	10	100	100,1	1
5	04_Stomoxes (Stomoxys calcitrans)	2	2	2	2	2	2	2	2	2	1	3	1	2	2	1	1	2	2	1	2	15	20	5	5	10	15	10	0	10	10	100	195,1	2
5	05_Tabanidés	2	3	2	2	2	2	2	2	2	1	2	1	3	1	1	1	2	2	3	2	15	20	5	5	10	15	10	0	10	10	100	190,3	2
5	06_Ixodes	1	1	2	1	2	3	2	3	3	2	1	1	2	2	1	2	2	2	2	2	15	20	5	5	10	15	10	0	10	10	100	160,2	2
5	07_Rhipicephalus	1	1	2	2	2	3	2	3	3	2	1	1	2	2	1	2	1	2	2	2	15	20	5	5	10	15	10	0	10	10	100	150,2	2
5	08_Haemaphysalis	1	1	2	2	2	3	2	3	3	2	1	2	2	2	1	2	1	2	2	2	15	20	5	5	10	15	10	0	10	10	100	150,2	2
5	09_Hyalomma	1	1	2	2	2	3	2	3	3	2	1	2	2	2	1	2	1	2	2	2	15	20	5	5	10	15	10	0	10	10	100	150,2	2
5	10_Dermacentor	1	3	2	2	2	3	2	3	3	2	1	2	2	2	1	2	1	2	2	2	15	20	5	5	10	15	10	0	10	10	100	150,2	2
5	11_Culicoïdes	1	1	3	1	2	2	3	2	1	2	2	1	3	1	1	1	2	2	2	2	15	20	5	5	10	15	10	0	10	10	100	190,2	1,5
5	12_Phlébotomes	1	3	2	2	2	2	2	2	2	1	2	1	1	2	1	1	2	2	2	2	15	20	5	5	10	15	10	0	10	10	100	155,2	2
5	13_Moustiques (Aedes, Culex, Anopheles)	1	2	3	1	2	2	2	2	2	1	3	1	3	1	1	1	2	2	2	2	15	20	5	5	10	15	10	0	10	10	100	210,2	1,5
5	14_Poux (Haematopinus suis)	1	2	2	2	2	2	2	2	2	1	3	1	1	1	1	1	3	1	2	2	15	20	5	5	10	15	10	0	10	10	100	180,2	1,5
5	15_Puces (Ctenocephalides felis, Pulex irritans)	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	1	1	1	1	1	2	2	2	2	15	20	5	5	10	15	10	0	10	10	100	155,2	2
6	01_O. erraticus	1	3	0	1	2	2	3	3	3	1	2	1	1	1	1	1	1	2	1	3	22	15	4	4	9	9	9	8	10	10	100	114,1	1,5
6	02_O. moubata	3	1	0	1	2	1	2	2	3	1	2	1	1	1	3	1	1	2	1	3	22	15	4	4	9	9	9	8	10	10	100	170,1	1
6	03_O. verrucosus	1	3	0	1	2	2	3	3	3	1	2	1	1	1	1	1	1	2	1	3	22	15	4	4	9	9	9	8	10	10	100	114,1	1,5
6	04_Stomoxes (Stomoxys calcitrans)	3	2	3	1	2	3	2	3	2	2	3	1	3	1	2	3	2	3	1	3	22	15	4	4	9	9	9	8	10	10	100	235,1	2,5
6	05_Tabanidés	1	4	2	3	2	3	2	3	1	1	1	1	3	1	2	3	2	2	2	3	22	15	4	4	9	9	9	8	10	10	100	149,2	3
6	06_Ixodes	1	2	3	1	3	2	3	2	3	1	1	1	3	1	2	2	1	2	3	1	22	15	4	4	9	9	9	8	10	10	100	180,3	1,5
6	07_Rhipicephalus	1	2	2	1	3	3	3	2	3	1	1	1	3	1	2	2	1	2	3	2	22	15	4	4	9	9	9	8	10	10	100	165,3	2
6	08_Haemaphysalis	1	3	2	2	3	3	3	2	3	1	1	1	3	1	2	2	1	2	3	2	22	15	4	4	9	9	9	8	10	10	100	165,3	2
6	09_Hyalomma	1	3	1	2	3	2	3	2	3	1	1	1	3	1	3	2	1	3	3	2	22	15	4	4	9	9	9	8	10	10	100	158,3	2
6	10_Dermacentor	1	2	3	1	3	2	3	2	3	1	1	1	3	1	2	2	1	2	3	2	22	15	4	4	9	9	9	8	10	10	100	180,3	2
6	11_Culicoïdes	1	4	3	1	3	2	3	2	2	1	2	1	2	2	1	2	3	2	2	2	22	15	4	4	9	9	9	8	10	10	100	183,2	2
6	12_Phlébotomes	1	4	2	2	3	3	3	3	2	1	2	1	3	1	2	2	2	3	2	3	22	15	4	4	9	9	9	8	10	10	100	175,2	2,5
6	13_Moustiques (Aedes, Culex, Anopheles)	1	4	3	1	3	2	3	2	2	1	3	1	3	1	1	2	2	3	3	3	22	15	4	4	9	9	9	8	10	10	100	191,3	2
6	14_Poux (Haematopinus suis)	1	4	3	3	2	3	2	3	2	1	3	1	1	1	3	1	3	1	3	2	22	15	4	4	9	9	9	8	10	10	100	191,3	1,5
6	15_Puces (Ctenocephalides felis, Pulex irritans)	1	4	3	4	2	4	2	4	2	2	2	1	1	2	1	2	1	4	2	4	22	15	4	4	9	9	9	8	10	10	100	146,2	4

Expert	Vecteur	C1	I1	C2	I2	C3	I3	C4	I4	C5	I5	C6	I6	C7	I7	C8	I8	C9	I9	C10	I10	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P1_10	Note pondérée	Incertitude médiane	
7	01_O. erraticus	2	3	2	1	2	3	1	3	3	1	1	2	1	3	1	3	1	3	1	3	45	20	4	2	1	3	4	10	6	5	100	166,05	3	
7	02_O. moubata	3	1	2	1	2	3	2	3	3	1	1	2	1	3	1	3	1	3	1	3	45	20	4	2	1	3	4	10	6	5	100	213,05	3	
7	03_O. verrucosus	1	3	2	1	2	3	1	3	3	1	1	2	1	3	1	3	1	3	1	3	45	20	4	2	1	3	4	10	6	5	100	121,05	3	
7	04_Stomoxes (Stomoxys calcitrans)	2	3	3	1	3	3	2	3	2	1	3	1	1	2	2	2	1	3	1	3	45	20	4	2	1	3	4	10	6	5	100	207,05	2,5	
7	05_Tabanidés	2	4	2	3	3	3	2	3	2	2	1	2	2	2	1	3	1	3	1	3	45	20	4	2	1	3	4	10	6	5	100	175,05	3	
7	06_Ixodes	0	2	3	1	2	2	3	2	3	1	1	1	3	2	2	3	1	3	2	3	45	20	4	2	1	3	4	10	6	5	100	118,1	2	
7	07_Rhipicephalus	0	2	2	1	3	3	3	2	3	2	1	1	3	2	1	3	1	3	1	3	45	20	4	2	1	3	4	10	6	5	100	92,05	2	
7	08_Haemaphysalis	0	2	2	3	2	3	3	3	3	2	1	1	3	3	1	3	1	3	1	3	45	20	4	2	1	3	4	10	6	5	100	88,05	3	
7	09_Hyalomma	0	2	1	1	3	3	3	2	3	2	1	1	3	2	1	3	1	3	1	3	45	20	4	2	1	3	4	10	6	5	100	72,05	2	
7	10_Dermacentor	0	2	2	1	3	3	3	2	3	2	1	1	3	2	1	3	1	3	1	3	45	20	4	2	1	3	4	10	6	5	100	92,05	2	
7	11_Culicoïdes	0	4	2	3	3	3	2	3	2	2	2	1	3	2	1	3	1	3	1	3	45	20	4	2	1	3	4	10	6	5	100	92,05	3	
7	12_Phlébotomes	0	4	2	3	2	3	3	3	2	1	2	1	3	1	1	3	1	3	1	3	45	20	4	2	1	3	4	10	6	5	100	90,05	3	
7	13_Moustiques (Aedes, Culex, Anopheles)	0	3	3	1	3	1	3	2	2	1	2	1	3	1	1	3	1	3	1	3	45	20	4	2	1	3	4	10	6	5	100	114,05	1,5	
7	14_Poux (Haematopinus suis)	2	3	3	2	2	3	2	3	2	1	3	1	1	1	3	1	3	1	3	1	3	45	20	4	2	1	3	4	10	6	5	100	225,15	1,5
7	15_Puces (Ctenocephalides felis, Pulex irritans)	1	4	3	2	2	3	2	3	2	1	3	1	1	1	1	3	1	3	1	3	45	20	4	2	1	3	4	10	6	5	100	148,05	3	
8	01_O. erraticus	3	2	3	2	3	2	1	4	3	1	3	2	1	1	3	1	3	1	3	1	14	7	7	8	10	8	7	14	12	13	100	231,39	1,5	
8	02_O. moubata	3	1	1	2	2	3	1	4	3	1	3	2	1	1	3	4	3	4	3	4	14	7	7	8	10	8	7	14	12	13	100	210,39	2,5	
8	03_O. verrucosus	3	1	1	2	1	4	1	4	3	1	3	2	1	1	3	4	3	4	3	4	14	7	7	8	10	8	7	14	12	13	100	203,39	3	
8	04_Stomoxes (Stomoxys calcitrans)	3	1	1	1	1	1	2	4	2	1	3	1	2	1	2	1	2	1	2	1	14	7	7	8	10	8	7	14	12	13	100	182,26	1	
8	05_Tabanidés	3	4	3	4	3	4	3	4	2	1	2	1	2	4	1	4	1	4	3	1	14	7	7	8	10	8	7	14	12	13	100	184,39	4	
8	06_Ixodes	1	1	3	1	3	1	3	4	3	1	3	1	1	4	3	1	3	1	3	1	14	7	7	8	10	8	7	14	12	13	100	219,39	1	
8	07_Rhipicephalus	2	3	3	1	3	1	3	4	3	1	3	1	1	4	3	1	3	1	3	1	14	7	7	8	10	8	7	14	12	13	100	233,39	1	
8	08_Haemaphysalis	2	3	3	1	3	1	3	4	3	1	3	1	1	4	3	1	3	1	3	1	14	7	7	8	10	8	7	14	12	13	100	233,39	1	
8	09_Hyalomma	2	3	3	1	3	1	3	4	3	1	3	1	1	4	3	1	3	1	3	1	14	7	7	8	10	8	7	14	12	13	100	233,39	1	
8	10_Dermacentor	1	1	3	1	3	1	3	4	3	1	3	1	1	4	3	1	3	1	3	1	14	7	7	8	10	8	7	14	12	13	100	219,39	1	
8	11_Culicoïdes	3	1	3	1	3	1	3	4	3	1	2	1	2	1	2	2	2	2	2	2	14	7	7	8	10	8	7	14	12	13	100	220,26	1	
8	12_Phlébotomes	3	4	3	2	3	2	2	4	3	2	2	2	3	2	3	1	3	1	3	1	14	7	7	8	10	8	7	14	12	13	100	245,39	2	
8	13_Moustiques (Aedes, Culex, Anopheles)	3	2	3	2	3	2	3	4	2	1	2	1	3	2	3	1	3	1	3	1	14	7	7	8	10	8	7	14	12	13	100	243,39	1,5	
8	14_Poux (Haematopinus suis)	3	2	3	1	3	1	3	4	2	1	3	1	3	1	3	1	3	1	3	1	14	7	7	8	10	8	7	14	12	13	100	251,39	1	
8	15_Puces (Ctenocephalides felis, Pulex irritans)	3	4	3	1	3	1	3	4	2	1	2	1	1	4	3	4	3	4	3	4	14	7	7	8	10	8	7	14	12	13	100	229,39	4	

Expert	Vecteur	C1	I1	C2	I2	C3	I3	C4	I4	C5	I5	C6	I6	C7	I7	C8	I8	C9	I9	C10	I10	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P1_10	Note pondérée	Incertitude médiane
9	01_O. erraticus	3	3	1	3	1	2	1	2	3	2	1	3	1	3	3	3	1	2	1	2	27	12	6	10	5	10	10	4	6	10	100	162,1	2,5
9	02_O. moubata	3	3	2	2	1	3	1	3	3	3	1	2	1	2	2	2	3	3	3	3	27	12	6	10	5	10	10	4	6	10	100	182,3	3
9	03_O. verrucosus	1	2	1	2	1	1	1	1	3	2	1	1	1	2	2	1	2	1	1	3	27	12	6	10	5	10	10	4	6	10	100	110,1	1,5
9	04_Stomoxes (Stomoxys calcitrans)	1	3	3	2	2	3	3	2	2	3	3	3	2	2	2	3	3	2	2	2	27	12	6	10	5	10	10	4	6	10	100	191,2	2,5
9	05_Tabanidés	0	3	2	3	2	2	2	1	1	1	3	2	3	2	2	1	2	1	2	1	27	12	6	10	5	10	10	4	6	10	100	141,2	1,5
9	06_Ixodes	0	3	3	3	3	3	3	3	3	2	1	2	3	2	2	2	2	2	2	2	27	12	6	10	5	10	10	4	6	10	100	159,2	2
9	07_Rhipicephalus	0	3	3	3	3	3	3	3	3	2	1	2	3	2	2	2	2	2	2	2	27	12	6	10	5	10	10	4	6	10	100	159,2	2,5
9	08_Haemaphysalis	0	3	3	3	3	3	3	3	3	2	1	2	3	2	2	2	2	2	1	3	27	12	6	10	5	10	10	4	6	10	100	159,1	2,5
9	09_Hyalomma	0	3	3	3	3	3	3	3	3	2	1	2	3	2	1	2	1	2	1	2	27	12	6	10	5	10	10	4	6	10	100	149,1	2
9	10_Dermacentor	0	3	3	3	3	3	3	3	3	2	1	2	3	2	3	2	3	2	3	2	27	12	6	10	5	10	10	4	6	10	100	169,3	2
9	11_Culicoïdes	0	3	2	3	3	2	3	2	1	1	2	2	3	3	1	4	1	4	1	4	27	12	6	10	5	10	10	4	6	10	100	137,1	3
9	12_Phlébotomes	0	3	2	3	3	2	3	2	2	3	1	2	3	3	2	2	3	2	2	1	27	12	6	10	5	10	10	4	6	10	100	148,2	2
9	13_Moustiques (Aedes, Culex, Anopheles)	0	3	3	3	3	3	3	3	1	3	2	3	3	3	2	2	2	1	2	4	27	12	6	10	5	10	10	4	6	10	100	159,2	3
9	14_Poux (Haematopinus suis)	0	3	2	2	2	2	2	2	1	3	3	3	1	2	3	2	3	2	2	1	27	12	6	10	5	10	10	4	6	10	100	131,2	2
9	15_Puces (Ctenocephalides felis, Pulex irritans)	0	3	2	3	2	2	2	2	2	2	2	2	1	3	2	1	2	2	1	1	27	12	6	10	5	10	10	4	6	10	100	116,1	2
10	01_O. erraticus	2	1	0	1	2	1	2	1	3	1	2	1	1	1	2	1	2	2	1	2	15	6	6	6	6	10	6	15	15	15	100	158,15	1
10	02_O. moubata	2	1	0	1	2	1	2	1	3	1	2	1	1	1	1	1	1	2	1	2	15	6	6	6	6	10	6	15	15	15	100	128,15	1
10	03_O. verrucosus	2	1	0	1	2	1	2	1	3	1	2	1	1	1	1	1	1	2	1	2	15	6	6	6	6	10	6	15	15	15	100	128,15	1
10	04_Stomoxes (Stomoxys calcitrans)	2	1	3	1	2	2	2	1	2	1	3	1	2	1	2	1	3	1	2	2	15	6	6	6	6	10	6	15	15	15	100	201,3	1
10	05_Tabanidés	2	1	2	1	2	2	2	1	2	1	1	1	3	1	2	2	2	2	3	2	15	6	6	6	6	10	6	15	15	15	100	166,45	1
10	06_Ixodes	1	1	3	1	3	2	3	2	2	1	1	1	3	1	2	2	2	2	3	1	15	6	6	6	6	10	6	15	15	15	100	169,45	1
10	07_Rhipicephalus	1	1	3	1	3	2	3	2	2	1	1	1	3	1	2	2	2	2	3	1	15	6	6	6	6	10	6	15	15	15	100	169,45	1
10	08_Haemaphysalis	1	1	3	1	3	2	3	2	2	1	1	1	3	1	2	2	2	2	3	1	15	6	6	6	6	10	6	15	15	15	100	169,45	1
10	09_Hyalomma	1	1	3	1	3	2	3	2	2	1	1	1	3	1	2	2	2	2	3	1	15	6	6	6	6	10	6	15	15	15	100	169,45	1
10	10_Dermacentor	1	1	3	1	3	2	3	2	2	1	1	1	3	1	2	2	2	2	3	1	15	6	6	6	6	10	6	15	15	15	100	169,45	1
10	11_Culicoïdes	1	2	2	2	3	2	3	2	2	1	1	1	2	1	1	2	2	2	2	2	15	6	6	6	6	10	6	15	15	15	100	142,3	2
10	12_Phlébotomes	1	3	2	2	3	2	3	2	2	1	1	1	2	1	2	2	2	2	2	2	15	6	6	6	6	10	6	15	15	15	100	157,3	2
10	13_Moustiques (Aedes, Culex, Anopheles)	1	2	3	1	3	1	3	1	2	1	1	1	2	1	1	2	2	2	2	2	15	6	6	6	6	10	6	15	15	15	100	148,3	1
10	14_Poux (Haematopinus suis)	1	2	2	2	2	2	2	2	2	1	3	1	3	1	3	1	3	1	1	1	15	6	6	6	6	10	6	15	15	15	100	201,15	1
10	15_Puces (Ctenocephalides felis, Pulex irritans)	1	1	1	1	2	1	2	2	2	1	3	1	2	1	1	1	1	1	1	1	15	6	6	6	6	10	6	15	15	15	100	129,15	1

Expert	Vecteur	C1	I1	C2	I2	C3	I3	C4	I4	C5	I5	C6	I6	C7	I7	C8	I8	C9	I9	C10	I10	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P1_10	Note pondérée	Incertitude médiane
11	01_O. erraticus	1	2	0	1	2	2	2	2	3	1	2	1	1	1	1	1	1	2	1	2	20	10	0	0	0	20	5	20	10	15	100	95,15	1,5
11	02_O. moubata	3	2	0	1	2	2	2	2	3	1	2	1	1	1	2	1	1	2	1	2	20	10	0	0	0	20	5	20	10	15	100	155,15	1,5
11	03_O. verrucosus	1	2	0	1	2	2	2	2	3	1	2	1	1	1	1	1	1	2	1	2	20	10	0	0	0	20	5	20	10	15	100	95,15	1,5
11	04_Stomoxes (Stomoxys calcitrans)	3	1	3	1	2	1	2	1	2	1	3	1	2	2	1	1	2	2	1	2	20	10	0	0	0	20	5	20	10	15	100	200,15	1
11	05_Tabanidés	2	4	2	1	2	2	2	2	2	1	1	2	3	1	1	2	1	2	2	1	20	10	0	0	0	20	5	20	10	15	100	125,3	2
11	06_Ixodes	0	2	3	1	2	1	2	1	3	1	1	1	1	1	1	2	1	2	2	2	20	10	0	0	0	20	5	20	10	15	100	85,3	1
11	07_Rhipicephalus	1	2	1	2	3	2	3	2	3	1	1	1	1	1	1	2	1	2	2	2	20	10	0	0	0	20	5	20	10	15	100	85,3	2
11	08_Haemaphysalis	1	2	1	2	3	2	3	2	3	1	1	1	1	1	1	2	1	2	2	2	20	10	0	0	0	20	5	20	10	15	100	85,3	2
11	09_Hyalomma	1	2	1	2	3	2	3	2	3	1	1	1	1	1	1	2	1	2	2	2	20	10	0	0	0	20	5	20	10	15	100	85,3	2
11	10_Dermacentor	0	2	2	1	3	2	3	2	3	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	20	10	0	0	0	20	5	20	10	15	100	85,3	2
11	11_Culicoïdes	1	4	3	1	2	1	2	1	2	1	2	2	3	1	1	2	1	2	3	2	20	10	0	0	0	20	5	20	10	15	100	135,45	1,5
11	12_Phlébotomes	1	4	2	2	3	2	3	2	2	1	2	1	3	1	2	1	2	2	3	2	20	10	0	0	0	20	5	20	10	15	100	155,45	2
11	13_Moustiques (Aedes, Culex, Anopheles)	1	4	3	1	3	1	3	1	2	1	2	1	3	1	2	2	1	2	3	2	20	10	0	0	0	20	5	20	10	15	100	155,45	1
11	14_Poux (Haematopinus suis)	1	4	2	1	2	2	2	2	2	1	2	1	1	1	3	1	3	1	2	3	20	10	0	0	0	20	5	20	10	15	100	175,3	1
11	15_Puces (Ctenocephalides felis, Pulex irritans)	1	4	1	2	2	2	2	2	2	2	3	1	1	1	1	2	1	2	1	2	20	10	0	0	0	20	5	20	10	15	100	125,15	2
12	01_O. erraticus	1	3	0	1	2	2	2	2	3	1	1	2	1	1	3	1	2	2	2	2	25	20	5	2	5	15	5	10	6	7	100	116,14	2
12	02_O. moubata	1	3	0	1	2	1	2	1	3	1	1	2	1	1	3	1	3	2	3	1	25	20	5	2	5	15	5	10	6	7	100	122,21	1
12	03_O. verrucosus	2	2	0	1	2	1	2	1	3	1	1	2	1	1	2	2	2	2	2	2	25	20	5	2	5	15	5	10	6	7	100	131,14	1,5
12	04_Stomoxes (Stomoxys calcitrans)	0	3	3	1	3	1	3	1	2	1	3	1	1	1	2	1	1	1	1	1	25	20	5	2	5	15	5	10	6	7	100	167,07	1
12	05_Tabanidés	0	1	3	1	3	1	2	2	2	1	2	1	3	2	1	3	1	1	2	2	25	20	5	2	5	15	5	10	6	7	100	150,14	1
12	06_Ixodes	0	3	3	1	3	2	2	2	3	1	1	1	1	1	1	2	1	2	2	2	25	20	5	2	5	15	5	10	6	7	100	130,14	2
12	07_Rhipicephalus	1	3	1	1	3	3	3	2	3	1	1	1	1	1	1	2	1	2	1	1	25	20	5	2	5	15	5	10	6	7	100	117,07	1,5
12	08_Haemaphysalis	1	4	1	1	3	4	3	4	3	1	1	2	1	1	1	2	1	3	2	3	25	20	5	2	5	15	5	10	6	7	100	117,14	2,5
12	09_Hyalomma	1	3	1	2	3	4	3	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	3	25	20	5	2	5	15	5	10	6	7	100	117,14	2
12	10_Dermacentor	0	3	2	1	2	2	2	2	3	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	3	25	20	5	2	5	15	5	10	6	7	100	105,14	1,5
12	11_Culicoïdes	1	4	3	1	3	2	2	2	2	1	2	1	3	1	1	1	1	3	1	3	25	20	5	2	5	15	5	10	6	7	100	175,07	1,5
12	12_Phlébotomes	1	4	2	1	3	3	3	1	2	1	2	1	3	1	1	1	3	2	2	3	25	20	5	2	5	15	5	10	6	7	100	169,14	1
12	13_Moustiques (Aedes, Culex, Anopheles)	1	4	3	1	3	2	3	1	2	1	2	1	3	2	2	3	1	4	2	3	25	20	5	2	5	15	5	10	6	7	100	187,14	2
12	14_Poux (Haematopinus suis)	1	4	3	1	2	1	2	3	2	1	3	1	1	1	3	1	1	2	1	2	25	20	5	2	5	15	5	10	6	7	100	195,07	1
12	15_Puces (Ctenocephalides felis, Pulex irritans)	1	4	3	1	2	2	2	2	3	1	3	2	1	1	1	2	1	3	1	3	25	20	5	2	5	15	5	10	6	7	100	180,07	2

Expert	Vecteur	C1	I1	C2	I2	C3	I3	C4	I4	C5	I5	C6	I6	C7	I7	C8	I8	C9	I9	C10	I10	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P1_10	Note pondérée	Incertitude médiane	
13	01_O. erraticus	3	1	0	2	2	2	3	3	3	1	2	1	1	2	3	3	1	1	1	1	15	15	5	5	5	15	5	10	10	15	100	160,15	1,5	
13	02_O. moubata	2	2	0	1	2	2	2	3	3	1	2	1	1	2	3	3	1	1	1	1	15	15	5	5	5	15	5	10	10	15	100	140,15	1,5	
13	03_O. verrucosus	2	2	0	1	2	2	3	3	3	1	2	1	1	2	3	3	1	1	1	1	15	15	5	5	5	15	5	10	10	15	100	145,15	1,5	
13	04_Stomoxes (Stomoxys calcitrans)	3	1	2	2	3	3	3	3	3	1	3	2	3	1	2	2	3	1	3	1	15	15	5	5	5	15	5	10	10	15	100	230,45	1,5	
13	05_Tabanidés	2	3	2	2	2	3	2	3	3	1	2	3	3	1	2	2	3	1	3	1	15	15	5	5	5	15	5	10	10	15	100	190,45	2	
13	06_Ixodes	1	3	3	1	2	3	2	3	3	1	1	1	1	3	2	2	2	2	3	1	15	15	5	5	5	15	5	10	10	15	100	155,45	2	
13	07_Rhipicephalus	1	3	2	2	2	3	3	3	3	1	1	1	1	3	2	2	2	2	2	2	1	15	15	5	5	5	15	5	10	10	15	100	145,3	2
13	08_Haemaphysalis	1	3	2	2	2	3	3	3	3	1	1	1	1	3	2	2	2	2	3	1	15	15	5	5	5	15	5	10	10	15	100	145,45	2	
13	09_Hyalomma	1	3	2	2	2	3	3	1	3	1	1	1	1	3	2	2	2	2	3	1	15	15	5	5	5	15	5	10	10	15	100	145,45	2	
13	10_Dermacentor	1	3	2	2	2	3	2	3	3	1	1	1	1	3	2	2	2	2	3	1	15	15	5	5	5	15	5	10	10	15	100	140,45	2	
13	11_Culicoïdes	1	3	3	1	2	3	2	3	2	2	2	2	2	3	2	3	3	2	3	2	15	15	5	5	5	15	5	10	10	15	100	180,45	2,5	
13	12_Phlébotomes	1	3	2	2	2	3	3	1	2	2	2	2	1	2	2	3	3	2	3	2	15	15	5	5	5	15	5	10	10	15	100	165,45	2	
13	13_Moustiques (Aedes, Culex, Anopheles)	1	3	3	1	2	3	3	3	3	1	2	2	3	2	2	3	3	2	3	2	15	15	5	5	5	15	5	10	10	15	100	195,45	2	
13	14_Poux (Haematopinus suis)	1	3	2	3	2	2	2	3	2	1	3	1	1	3	3	1	3	1	2	3	15	15	5	5	5	15	5	10	10	15	100	185,3	2,5	
13	15_Puces (Ctenocephalides felis, Pulex irritans)	1	3	2	2	2	2	2	2	2	1	3	1	1	2	1	2	2	3	2	3	15	15	5	5	5	15	5	10	10	15	100	155,3	2	
14	01_O. erraticus	2	3	1	1	2	2	3	2	3	1	1	2	1	1	3	1	2	2	3	2	30	20	2	3	9	5	9	5	9	8	100	167,24	2	
14	02_O. moubata	3	1	0	1	2	2	3	2	3	1	1	1	1	1	3	1	2	2	3	1	30	20	2	3	9	5	9	5	9	8	100	177,24	1	
14	03_O. verrucosus	2	3	0	2	2	2	3	2	3	2	1	3	1	1	3	2	2	3	3	3	30	20	2	3	9	5	9	5	9	8	100	147,24	2	
14	04_Stomoxes (Stomoxys calcitrans)	1	4	3	1	2	1	2	1	2	1	2	2	3	1	2	1	3	1	2	2	30	20	2	3	9	5	9	5	9	8	100	192,16	1	
14	05_Tabanidés	1	4	2	1	2	2	2	3	2	1	3	1	2	3	1	2	1	1	3	2	30	20	2	3	9	5	9	5	9	8	100	145,24	2	
14	06_Ixodes	1	3	3	1	2	2	2	2	3	1	1	1	1	1	2	1	1	1	2	1	30	20	2	3	9	5	9	5	9	8	100	160,16	1	
14	07_Rhipicephalus	1	3	1	2	2	2	2	2	2	2	1	1	1	1	1	2	1	1	2	1	30	20	2	3	9	5	9	5	9	8	100	106,16	2	
14	08_Haemaphysalis	1	3	1	2	2	3	2	3	2	2	1	1	1	1	1	2	1	1	1	1	30	20	2	3	9	5	9	5	9	8	100	106,08	2	
14	09_Hyalomma	1	3	1	2	3	3	3	2	3	2	1	1	1	1	2	1	1	1	1	1	30	20	2	3	9	5	9	5	9	8	100	125,08	1,5	
14	10_Dermacentor	1	3	2	2	2	2	3	2	3	2	2	1	1	1	1	2	1	1	2	1	30	20	2	3	9	5	9	5	9	8	100	143,16	2	
14	11_Culicoïdes	1	4	3	1	3	3	2	2	1	2	2	1	1	1	2	2	3	1	3	2	30	20	2	3	9	5	9	5	9	8	100	167,24	2	
14	12_Phlébotomes	1	4	1	2	2	2	2	2	2	1	2	1	3	2	2	2	1	1	3	2	30	20	2	3	9	5	9	5	9	8	100	134,24	2	
14	13_Moustiques (Aedes, Culex, Anopheles)	1	4	2	2	3	3	2	2	1	2	2	1	2	3	2	3	1	1	2	2	30	20	2	3	9	5	9	5	9	8	100	138,16	2	
14	14_Poux (Haematopinus suis)	2	3	1	2	1	2	2	2	2	1	3	1	1	1	3	1	2	1	2	2	30	20	2	3	9	5	9	5	9	8	100	163,16	1,5	
14	15_Puces (Ctenocephalides felis, Pulex irritans)	1	4	1	2	1	2	2	2	2	2	3	1	1	1	1	2	1	2	1	2	30	20	2	3	9	5	9	5	9	8	100	114,08	2	

Légende : C1 à C10, les critères pris en compte dans la capacité vectorielle (ceux listés dans l'Encadré 3). I1 à I10, les indices d'incertitude tels que définis dans le Tableau 11. P1 à P10, les pondérations attribuées aux critères correspondants (C1 à C10). P1_10, la somme des pondérations des critères (devant être égale à 100).



Agence nationale de sécurité sanitaire
de l'alimentation, de l'environnement et du travail
14 rue Pierre et Marie Curie
F94701 Maisons-Alfort cedex
www.anses.fr
[@Anses_fr](https://twitter.com/Anses_fr)