

MALADIES
INFECTIEUSES

JUIN 2025

ÉTAT DES CONNAISSANCES

ANALYSE DU RISQUE D'ÉMERGENCE

DU VIRUS OROPOUCHE (OROV)

EN AOÛT 2024 EN GUYANE ET DANS

LES ANTILLES FRANÇAISES

Points clés

Analyse du risque d'émergence du virus OROPOUCHE (OROV) en août 2024 en Guyane et dans les Antilles françaises

Ce rapport présente une première analyse réalisée en août 2024 et consolidée en décembre 2024, en terme de bibliographie et de suivi de l'évolution du risque en Amérique Latine. En l'état des connaissances à la date de sa rédaction :

- L'infection par le virus Oropouche (OROV) est une des causes d'arbovirose les plus importantes en Amérique du Sud après la dengue avec 2 à 5 millions de personnes directement exposées.
- Cette importance contraste avec les connaissances parcellaires ou peu précises sur le cycle de transmission, les vecteurs, les hôtes et réservoirs animaux, les aspects cliniques, les formes asymptomatiques et l'épidémiologie de l'infection à OROV.
- L'OROV est un virus segmenté appartenant aux Orthobunyavirus, avec un important potentiel d'évolutivité/ d'émergence reposant notamment sur sa capacité de réassortiment.
- L'explosion et l'extension épidémique observées en 2023-2024 (incluant la Caraïbe) sont liées à un virus réassorti avec, pour la première fois, le signalement de décès et de formes materno-fœtales avec malformations, et ainsi que d'un possible risque de transmission sexuelle.
- Le virus a étendu sa zone de circulation sous l'influence de l'altération de l'environnement et de la biodiversité, de l'évolution démographique et de la mobilité humaine.
- Le vecteur principal connu et les vecteurs potentiels ont une distribution bien plus large que les foyers actuels, notamment en Guyane et en Martinique.
- Le risque d'importation à la faveur des voyages et de dissémination dans les Collectivités Françaises d'Amérique (CFAs) a été estimé être élevé en août et décembre 2024.
- Les *Culicoides*, moucherons vecteurs d'Orbivirus et d'Orthobunyavirus aux ruminants domestiques et sauvages (fièvre Catarrhale Ovine [FCO], maladie hémorragique épidémique (MHE), maladie à virus de Schmallenberg [SBV]) peuvent se disperser avec les vents sur de très longues distances au-dessus des masses d'eau et donc être responsables de l'introduction de virus sur des territoires indemnes. Ce mode de dissémination est à étudier pour *C. paraensis* dans le cadre de la transmission d'OROV.
- Le risque d'émergence de l'infection humaine à OROV dans les CFAS a pu être évalué dans ce rapport pour tous les CFAS sauf Saint Martin et Saint Barthélémy par manque de données. Le rapport conclut à un risque d'épidémie élevé en Guyane, Martinique et Guadeloupe, l'incertitude de cette analyse étant forte en Guyane et en Martinique et faible en Martinique.
- Le rehaussement sensible du risque pour les CFAs en 2024 souligne la nécessité de préparation, impliquant des mesures de gestion. Parmi celles-ci, les mesures à court terme concernent notamment la capacité diagnostique, la surveillance et l'alerte, la protection individuelle et collective contre les vecteurs, ainsi que les investigations épidémiologiques et entomologiques. Le niveau de risque estimé en août 2024 devra être réactualisé pour les CFAs dans les mois qui viennent en fonction de l'évolution de l'épidémie en Amérique du Sud et dans la Caraïbe. Il n'existe pas de traitement ou vaccin spécifique contre la maladie à virus Oropouche et le traitement est symptomatique.

MOTS CLÉS : ARBOVIROSES, RISQUE, ÉPIDÉMIOLOGIE, ÉMERGENCE, OROPOUCHE, VECTEURS, CULICOÏDES

Key points

Risk analysis for the emergence of the Oropouche virus (OROV) in August 2024 in French Guiana and the French West Indies

This report presents an initial analysis carried out in August 2024 and consolidated in December 2024, in terms of bibliography and monitoring how the risk evolved in Latin America. Based on the state of knowledge at the time of writing.

- Oropouche virus (OROV) infection is one of the most significant arboviral diseases in South America after dengue fever, with 2 to 5 million people directly exposed.
- This magnitude stands in contrast to the fragmented or imprecise knowledge about the transmission cycle, vectors, animal hosts and reservoirs, clinical aspects, asymptomatic forms and epidemiology of OROV infection.
- OROV is a segmented virus belonging to the family Orthobunyavirus, characterised by a high potential for evolution/emergence, due in particular to its capacity for reassortment.
- The explosion and spread of the epidemic observed in 2023-2024 (including the Caribbean) are linked to a reassortant virus, with the first ever reports of deaths and cases of foetal malformations, as well as a possible risk of sexual transmission.
- Due to the alteration of the environment and biodiversity, demographic change and human mobility, the circulation zone of the virus has expanded.
- The main known vector and potential vectors have a much wider distribution than the current outbreaks, particularly in French Guiana and Martinique.
- The risk of importation through travel and of spread throughout the French Collectivities of America (CFAs) was estimated to be high in August and December 2024.
- Culicoides, midges that transmit orbiviruses and orthobunyaviruses to domestic and wild ruminants (bluetongue, epidemic haemorrhagic disease, Schmallenberg virus disease) can be dispersed by the wind across very long distances and over bodies of water. They can therefore be responsible for the introduction of viruses into disease-free areas. This mode of dissemination should be studied for *C. paraensis* in the context of OROV transmission.
- This report assesses the risk of emergence of OROV infection in humans within all CFAs, except Saint Martin and Saint Barthélémy due to a lack of data. The report concludes that there is a high risk of an epidemic in French Guiana, Martinique and Guadeloupe, with the uncertainty of this analysis being high for French Guiana and Martinique and low for Martinique.
- The substantial increase in risk identified for CFAs in 2024 highlights the need for preparedness, including prevention and control measures. Among these, short-term measures include diagnostic capacity, surveillance and alert, individual and collective protection against vectors, as well as epidemiological and entomological investigations. The level of risk estimated in August 2024 will need to be updated for CFAs in the coming months to follow the epidemic's evolution in South America and the Caribbean. There is no specific treatment or vaccine for Oropouche virus disease and treatment is symptomatic.

KEY WORDS: ARBOVIRUSES, RISK, EPIDEMIOLOGY, EMERGENCE, OROPOUCHE, VECTORS, CULICOIDES

Rédaction

Jean Claude Desenclos, Jonathan Bastard, Marie-Claire Paty, Henriette de Valk. Santé publique France, Direction Maladies Infectieuses

Lucie Léon, Frédérique Dorléans, Mathilde Melin (Santé publique France, Direction des régions, Cellule régionale Antilles)

Sophie Devos, Audrey Andrieu, Julie Prudhomme, Santé publique France, Direction des régions, Cellule régionale Guyane et le traitement est symptomatique

Personnes consultées

Entomologie : Jean-Bernard Duchemin (Institut Pasteur de Guyane), Johana Restrepo (Collectivité Territoriale de Guyane), Nonito Pagès (Cirad Guadeloupe), Yves Thôle (ARS Guadeloupe), Anubis Vega-Rúa (Institut Pasteur de Guadeloupe), Manuel Etienne (Collectivité Territoriale de Martinique), Claire Garros et Thierry Baldet, Cirad Montpellier et Christophe Paupy (IRD Montpellier).

Virologie et infectiologie : Dominique Rousset (Institut Pasteur de Guyane, laboratoire associé du CNR Arbovirus), Xavier de Lamballerie, Gilda Grard, Guillaume Durand (CNR Arbovirus), Raymond Césaire (CHU de Guadeloupe) et André Cabié (CHU de Martinique)

Sciences vétérinaires : Sylvie Lecollinet (Cirad Guadeloupe)

Résumé

Justification de l'analyse de risque et rappel sur l'infection par le virus Oropouche (OROV)

Ce rapport est consacré à l'analyse du risque d'émergence de l'infection humaine à OROV dans les Collectivités françaises d'Amérique (CFAs incluant la Guadeloupe, la Martinique, la Guyane, Saint-Martin et Saint-Barthélemy). Elle a été initiée en 2020 suite à la survenue d'une épidémie d'infection à OROV dans le village de Saül en Guyane (Gaillet et al 2024). Cette analyse de risque n'ayant pu être finalisée du fait de la priorité donnée à l'épidémie de COVID-19. Elle a été reprise et actualisée en août et décembre 2024 dans le contexte épidémique d'Oropouche que connaît l'Amérique du Sud et la Caraïbe depuis 2023 et de l'alerte pour les CFAs déclenchée devant la survenue, pour la première fois, d'une épidémie à Cuba, pays avec lequel existent des liaisons aériennes avec les Antilles Françaises.

Virus appartenant au genre Orthobunyavirus, et en son sein, au sérogroupe Simbu (qui inclut le virus Schmallenberg [SBV]), OROV a un ARN segmenté (segments S, M et L) permettant des réassortiments avec des virus suffisamment similaires pour générer de nouveaux virus émergents.

En 2023-2024, l'infection par OROV est la deuxième arbovirose en termes de fardeau de santé publique après la dengue, en Amérique du Sud. Historiquement, la majorité des cas et des épidémies survenaient dans les zones du bassin amazonien, principalement au Brésil. Son importance est très vraisemblablement sous-estimée du fait de manque de capacité diagnostique, de sa symptomatologie frustre, de la proximité de son tableau clinique avec celui d'autres arboviroses répandues dans les pays de sa zone de circulation et des limites de la surveillance épidémiologique qui en résultent.

Deux cycles de transmission, péri-urbain/urbain et selvatique, sont décrits. Le cycle péri-urbain/urbain est le mieux connu avec une transmission interhumaine via des vecteurs anthropophiles urbains, particulièrement les moucherons *Culicoides paraensis*. Le rôle possible d'autres vecteurs anthropophiles et largement répandus, comme les moustiques *Culex quinquefasciatus*, est débattu. Les espèces hôtes et vectrices qui maintiennent le cycle selvatique d'OROV sont mal connues. A partir d'un réservoir animal (primate, rongeurs, oiseaux), les vecteurs qui assurent la transmission aux hôtes animaux pourraient inclure les moustiques *Coquillettidia venezuelensis*, *Aedes (Ochlerotatus) serratus*, et les moucherons du genre Culicoides, dont *Culicoides paraensis*, voire *Culex quinquefasciatus* (dans des zones habitées par l'Homme).

Les symptômes de l'infection par l'OROV sont très similaires à ceux des autres arboviroses (fièvre, céphalées, douleurs articulaires et musculaires et rash cutané) avec cependant une évolution biphasique fréquente (Wesselman 2024). Ils apparaissent après une incubation de 3 à 8 jours, et durent en général de 2 à 7 jours. Des complications neurologiques peuvent survenir, à type de méningites et d'encéphalites. Le diagnostic est réalisé par RT-PCR pendant la période de virémie (J1 à J7) et par sérologie (IgM spécifique ou mise en évidence d'une séroconversion sur deux prélèvements successifs à 8-15 jours d'intervalle) dans le sérum et le liquide cérébrospinal. On ne dispose pas de test RT-PCR commercial. Les tests sérologiques commercialisés sont encore rares¹ et le diagnostic repose sur des techniques « maison » développées notamment par le centre national de référence des arboviruses. La PCR sur urine et ou sang total permet d'identifier l'ARN du virus sur des délais plus longs (30 jours).

Les années 2023 et surtout 2024 connaissent un fort développement épidémique de l'infection par OROV en Amérique du Sud (Brésil, Pérou, Colombie, Bolivie) avec une extension au-delà du bassin amazonien et à la Caraïbe en 2024 (Cuba et la République Dominicaine) ainsi que des importations

¹ Euroimmun commercialise des kits ELISA ANTI-OROPOUCHE VIRUS IgM et ELISA ANTI-OROPOUCHE VIRUS IgG. En cours d'évaluation par le CNR des Arbovirus (source CNR Arbovirus, 2024)

de cas chez des voyageurs en Europe et aux États-Unis. Un nouveau sous-lignage d'OROV issu du réassortiment de plusieurs OROV est responsable de cette vague épidémique. Ce sous-lignage aurait une meilleure capacité de réPLICATION (et potentiellement de transmission et diffusion) et pourrait échapper plus facilement à la protection conférée par l'immunité acquise lors d'infections passées. Des formes sévères avec décès et des cas de transmission materno-fœtales avec malformations congénitales ont été signalés pour la première fois lors des épidémies de 2024 au Brésil, de même que des syndromes de Guillain-Barré à Cuba, et l'hypothèse d'une possible transmission sexuelle a été soulevée.

Analyse du risque d'émergence d'infection OROV aux Antilles françaises et en Guyane, août 2024

L'émergence dans une zone donnée peut résulter (i) de la transmission d'un hôte animal du cycle selvatique à l'Homme (spill-over) (ii) de l'importation d'infections humaines par des voyageurs revenant de zones/pays épidémiques (actuellement l'Amérique du Sud [Brésil, Pérou, Bolivie, Colombie] et la Caraïbe [Cuba]) ou (iii) par l'introduction de *Culicoides* infectés dispersés sur de longues distances. L'occurrence de cas humains sporadiques est définie par la survenue, suite à des cas importés, de cas en nombre limité par transmission vectorielle interhumaine autochtone (pas plus de 2 générations de cas secondaires). La survenue d'une flambée épidémique résulte de la transmission vectorielle inter-humaine soutenue, à partir de premiers cas humains sporadiques transmis localement. La survenue de cas sporadiques et d'épidémie résulte de la combinaison de l'importation de voyageurs infectieux et de la présence de vecteurs compétents. C'est donc sur l'analyse de ces deux paramètres combinés que repose la méthode d'analyse de risque qualitative. Un niveau de risque est ainsi établi parmi 4 niveaux, nul, faible, modéré et élevé sur la base de la littérature scientifique (articles publiés et littérature grise), des connaissances et de l'expérience d'experts. Chaque niveau de risque estimé est associé à un indice d'incertitude parmi les options suivantes : incertitude faible, incertitude moyenne, incertitude forte et absence de données (on ne peut alors pas proposer de valeur de risque dans ce cas). Le niveau de risque doit être interprété en fonction de l'indice d'incertitude : ainsi, la différence entre un niveau de risque modéré et élevé devient très relative si l'incertitude est forte. L'analyse des paramètres mentionnés ci-dessus début août 2024 et consolidée en décembre 2024 amène à proposer les niveaux de risque et leur indice d'incertitude selon les territoires (Guyane, Martinique et Guadeloupe, tableau 1). A noter que pour Saint-Martin et Saint-Barthélemy, les données disponibles actuellement sur les vecteurs ne permettent pas de statuer sur le niveau de risque d'instauration de chaînes de transmission.

Tableau 1. Récapitulatif du risque d'émergence d'OROV en Guyane et aux Antilles, début août 2024

	Guyane		Antilles françaises
	Intérieur ¹	Littoral ¹	
Risque de cas sporadiques	Risque élevé (incertitude moyenne)		Risque élevé (incertitude faible) en Martinique et Guadeloupe
Risque d'épidémie	Risque élevé (incertitude forte)	Risque élevé (incertitude forte)	Risque élevé en Martinique (incertitude faible) et modéré en Guadeloupe (incertitude forte)

¹Voir les définitions dans le rapport détaillé.

Options pour la préparation de la réponse

Les options de gestion à considérer sont présentées ci-dessous (liste non exhaustive) selon leur niveau de priorité et de temporalité de mise en œuvre (à court et moyen terme). Elles nécessitent d'être approfondies dans une perspective inter-sectorielle (One Health) avec les acteurs de terrain (cliniciens, laboratoires, entomologistes, épidémiologistes, opérateurs de la lutte anti-vectorielle, acteurs de prévention et de la promotion de la santé) ainsi que les institutions (ARS, DGS...) et Agences qui en ont la charge.

À court terme

- Mise à disposition d'une capacité diagnostique par RT-PCR aux laboratoires hospitaliers et de ville. Il s'agit de la mesure la plus immédiate et prioritaire.
- Développement et mise à disposition d'une technique sérologique nécessaire en particulier pour l'évaluation des éventuelles formes materno-fœtales.
- Mise en place d'un algorithme de recherche de l'OROV chez les patients fébriles.
- Développement par Santé publique France d'une surveillance épidémiologique intégrée à la surveillance entomologique et animale (One Health) sur les quatre territoires des Antilles et en Guyane.
- Contribution/Coordination/Pilotage par Santé publique France de la préparation de protocole pluridisciplinaire d'investigation d'épidémies, en particulier pour évaluer les taux d'attaques, les facteurs et comportements à risque, les formes asymptomatiques (notamment par des études sérologiques), et d'investigations entomologiques de terrain.
- Évaluation clinique approfondie des formes sévères et d'éventuelles formes materno-fœtales avec atteintes fœtales sur la base d'un protocole défini.
- Sécurisation des produits issus du corps humain à considérer, dans le contexte de la Guyane et des Antilles en 2024, et en cas de survenue de cas ou d'épidémie.
- Sensibilisation des soignants, du système de soins et de la population à ce risque émergent par une communication adaptée au contexte des territoires concernés.
- Promotion des comportements de protection individuelle et collective contre les vecteurs impliqués dans la transmission de l'OROV en mobilisant les acteurs de la lutte anti-vectorielle et de la promotion de la santé des différents territoires.
- Recommandations de prévention de la potentielle transmission sexuelle aux personnes infectées.
- Conseils aux voyageurs et aux femmes enceintes.
- Études sur le terrain pour compléter l'inventaire des vecteurs potentiels et l'évaluation de leur compétence vectorielle dans l'ensemble des CFAs.

À moyen terme

- Actualisation et approfondissement de l'analyse de risque en fonction des éléments nouveaux, en particulier l'évolution de la dynamique épidémique en Amérique du Sud et la Caraïbe et les connaissances sur le virus, la biologie, l'écologie et les capacités de dispersion des vecteurs et leur compétence vectorielle.
- Conduite de travaux de recherche en modélisation sur les *Culicoides* pour l'aide à la décision.
- Prise en compte des mesures de lutte anti-vectorielle pour lesquelles il existe des données probantes en faveur de leur application et/ou de l'expérience issue des pays soumis au risque épidémique. Cette option implique une revue des évidences disponibles et probablement une expertise spécifique.
- Intégration de cette arbovirose dans le programme de la recherche sur les arboviroses de l'ANRS-MIE.

Conclusion

Dans le contexte épidémique d'Amérique du Sud et de la Caraïbe, les risques d'importation de l'infection par OROV et d'instauration de chaines de transmission ont été estimés élevés début août 2024, et confirmés en décembre 2024, en Guyane et aux Antilles (incertitude faible en Martinique, forte en Guadeloupe). Ces risques nécessitent des mesures de préparation à court terme. En anticipation, ces mesures de préparation à la menace sont donc en cours d'activation (PSAGE, dispositifs de Veille et Surveillance, Stratégie et capacité de diagnostic locales, problématiques de Lutte anti-vectorielle, etc) et devront être adaptées à l'évolution du risque.

Sommaire

Points clés	1
Key points	2
Rédaction, personnes consultées	3
Résumé	4
INTRODUCTION	9
MÉTHODE.....	10
SYNTÈSE DES CONNAISSANCES	12
Le virus Oropouche (OROV)	12
Répartition géographique et dynamique temporo-spatiale de l'infection par OROV	12
Facteurs ayant favorisé l'émergence 2023-2024	14
Proportion de formes symptomatiques et séroprévalence en population	16
Évolution du virus par réassortiment	17
Transmission	17
Réservoir animal	19
Vecteurs	19
Maladie	20
Diagnostic	22
Synthèse	23
DESCRIPTION DE L'ÉPISODE D'ÉMERGENCE D'INFECTION PAR OROV À SAÜL, GUYANE, SEPTEMBRE 2020.....	24
Contexte géographique et sanitaire de la Guyane	24
Description épidémiologique de l'épidémie par OROV à Saül	24
Bilan des investigations entomologiques	26
ANALYSE DU RISQUE D'ÉMERGENCE D'OROV EN GUYANE ET DANS LES ANTILLES FRANÇAISES.....	28
Méthodologie employée	28
Analyse du risque en Guyane	30
Analyse du risque en Guadeloupe et en Martinique	36
Tableau récapitulatif du risque d'émergence	40
Discussion	41
RECOMMANDATIONS	43
Études	43
Outils diagnostiques	44
Dispositif de surveillance	44
Contrôle et prévention	44
CONCLUSION.....	46
Bibliographie	47
ANNEXES	55
Annexe A. Détails sur la méthodologie employée pour l'analyse de risque	55
Annexe B. Détails sur les activités humaines en forêt en Guyane	58

INTRODUCTION

Ce rapport est consacré à l'analyse du risque d'émergence de l'infection humaine à OROV dans les Collectivités Françaises d'Amérique (CFAs) incluant la Guadeloupe, la Martinique, la Guyane, Saint-Martin et Saint-Barthélemy. Elle a été initiée en 2020 suite à la survenue d'une épidémie d'infection à OROV dans le village de Saül en Guyane (Gaillet et al 2024). Cette analyse de risque n'ayant pu être finalisée du fait de la priorité donnée à l'épidémie de COVID-19, elle a été reprise et actualisée avec la même méthodologie en juillet et août 2024 dans le contexte épidémique d'Oropouche que connaissent l'Amérique du Sud et la Caraïbe depuis 2023 (PAHO, 2024) et de l'alerte pour les CFAs représentée par la survenue, pour la première fois, d'une épidémie à Cuba, pays avec lequel il y a des échanges touristiques et des vols aériens avec les Antilles françaises.

Après avoir fait la synthèse des connaissances sur OROV actualisée à la date du 31 octobre 2024, nous décrirons dans le détail l'émergence épidémique de ce virus à Saül et les résultats des investigations conduites à cette occasion. Ces deux premières parties visent à éclairer la démarche d'analyse de risque d'émergence d'OROV dans les CFAs sur la base d'une démarche qualitative (annexe I). Après une discussion de l'apport et des limites de la démarche d'analyse du risque, nous mettons en perspectives les implications de celle-ci avec des premières recommandations pour la préparation face à ce nouveau risque d'arbovirose dans les CFAs et des travaux de recherche qu'il serait nécessaire de conduire pour réduire les nombreuses incertitudes identifiées dans l'analyse de risque. Il importe aussi de noter que le niveau de risque estimé en 2024 n'est pas figé : il pourra varier selon l'évolution de l'épidémie dans le contexte régional et les connaissances acquises.

MÉTHODE

Démarche d'expertise institutionnelle interne

La démarche utilisée pour cette analyse de risque face à une menace d'émergence épidémique par OROV dans les CFAs est celle de l'expertise institutionnelle interne telle que décrite dans le référentiel sur l'expertise à Santé publique France : processus mis en œuvre en application de la Charte de l'expertise sanitaire (Santé publique France 2024). Cette expertise interne a été conduite conjointement par la Direction des maladies infectieuses (Unité EAZ) et la Direction des régions (Cellules régionales Antilles et Guyane). Il s'agissait, dans un contexte d'urgence de porter un jugement sur un risque d'émergence épidémique sur la base des meilleures connaissances et une méthodologie d'analyse de risque (cf. ci-dessous et pages 30-33) pour l'élaboration d'une note d'aide à la décision publique avec des recommandations de l'Agence qui a été transmise par la Direction Générale de Santé publique France à la Direction Générale de la Santé le 29 aout 2024 (Santé publique France 2024). Des personnalités parmi celles qualifiées en appui aux activités scientifiques et d'expertise de l'Agence, ou des partenaires de l'Agence issus d'organismes publics (cliniciens, Centre national de référence et laboratoire associé, entomologistes, groupe de travail permanent vecteurs (« GT Vecteurs ») de l'Anses...) ont été consultés (cf. page 4). Ces personnalités qualifiées soumettent un déclaration publique d'intérêt dans le cadre de l'exercice de leur expertise publique.

Méthode d'analyse de risque

La méthode utilisée repose sur une approche qualitative (Plee L et al. 2024) qui apprécie le risque de survenue de cas sporadique d'une part et d'épidémie d'autre part. Ce risque dans les CFAs résulte de la combinaison de l'importation de sujets (voyageurs) infectieux ou de la présence de réservoir animal infecté et de la présence de vecteurs compétents. C'est donc sur l'analyse de ces paramètres combinés que repose la méthode d'analyse de risque qualitative. Les principes méthodologiques sont décrits dans la section analyse de risque pages 30 à 33 et dans deux annexes (Annexe A, page 62-65 et Annexe B, page 66-68)

Recherche bibliographique et documentaire

L'analyse de risque qualitative d'émergence épidémique dans les CFAs nécessitait une revue documentaire actualisée. Pour cela, le dossier documentaire sur l'infection par OROV de l'unité EAZ de la Direction des Maladies Infectieuses constitué à partir de la veille bibliographique des épidémiologistes en charge de la surveillance des arboviroses a été consulté dans un premier temps et a permis d'initier l'analyse de la littérature scientifique sur cette infection, son épidémiologie, ses aspects cliniques et virologiques, son cycle de transmission, son écologie, les vecteurs impliqués, les mesures de lutte anti-vectorielle. Elle a été complétée par les références listées dans les articles scientifiques concernant Oropouche, notamment la revue de Sakkas et al. 2018 (82 références).

Ce dossier documentaire a ensuite été enrichi par l'interrogation à partir de juillet 2024 de la base Pubmed avec le mot clé « Oropouche » (n=197) et les références de la revue de Wesselman KM et al (n=148) sur Oropouche publiée en juillet 2024 dans le Lancet (Wesselman KM et al 2024). A partir de juillet 2024, la base PubMed a été interrogée chaque lundi matin du fait de la situation d'urgence (jusqu'au mois de décembre 2024) pour compléter la revue documentaire en temps réel avec les articles récemment publiés sur l'épidémie actuelle sévissant en Amérique du Sud et la Caraïbe (n = 38).

Les sites web de Preprint ([medRxiv.org - the preprint server for Health Sciences](https://medRxiv.org) et <https://www.biorxiv.org/>) ont aussi été suivis chaque semaine de juillet 2024 à fin janvier 2025 pour identifier les articles soumis à publication et n'ayant pas encore fait l'objet d'une évaluation par les pairs (n = 7 et 2, respectivement, en 2024).

Les sites de la PAHO (<https://www.paho.org/en/topics/oropouche-virus-disease>), de l'ECDC, de Promed (<https://promedmail.org/>) de l'US-CDC (Arbonet ; <https://www.cdc.gov/mosquitoes/php/arbonet/index.html>) ont été consultés régulièrement pour suivre la dynamique des cas importés et ses conseils aux voyageurs.

Pour explorer de manière plus approfondie les connaissances sur les moucherons vecteurs du genre *Culicoides*, certaines espèces du genre étant vecteur principal impliqué dans la transmission d'OROV, une consultation de la littérature sur les virus épizootiques transmises par *Culicoides* (Virus Schmallenberg, Fièvre Catarrhale Ovine [FCO] et Maladie Hémorragique Épizootique [MHE]) a aussi été réalisée via la base PubMed.

Au final 90 références, articles ou documents jugés pertinents ont été retenus pour la revue des connaissances (sur la base du titre et de la lecture du résumé quand le titre n'était pas suffisamment explicite) sur un total d'environ 300 références identifiées après élimination des doublons.

SYNTÈSE DES CONNAISSANCES

Le virus Oropouche (OROV)

L'OROV est un virus à ARN simple brin, appartenant à la famille des *Peribunyaviridae* et au genre *Orthobunyavirus* et, dans ce genre, au sérogroupe Simbu, de même que les virus La Crosse et Schmallenberg (SBV) (Travassos da Rosa et al. 2017 ; Sakkas et al. 2018 ; Wesselman KM et al. 2024).

Comme les autres *Orthobunyavirus*, il a un ARN segmenté (segments S (small), M (medium) et L(large) permettant des réassortiments avec des virus suffisamment similaires pour générer de nouveaux virus. Ce fût le cas par exemple des virus Iquitos (IQT), Madre de Dios (MDDV) et Perdoes (PEDV) (Sakkas et al. 2018 ; Wesselman KM et al. 2024).

Quatre génotypes sont décrits : le génotype I au Brésil et à Trinidad et Tobago, le génotype II au Brésil, au Panama et au Pérou, le génotype III au Brésil et au Pérou et enfin, le génotype IV seulement au Brésil ; ces quatre génotypes ont par ailleurs été subdivisés en 8 sous-génotypes (Travassos da Rosa et al. 2017).

Répartition géographique et dynamique temporo-spatiale de l'infection par OROV

Dans le contexte de cette analyse de risque, nous distinguons la période avant 2020 et les années récentes depuis 2020 caractérisées par la forte croissance et l'extension épidémique d'OROV en Amérique du Sud et dans la Caraïbe.

Avant le début des années 2020

Ce virus a été isolé pour la 1re fois en 1955 chez un travailleur forestier sur l'île de Trinidad (Vega de Oropouche). Il a uniquement été détecté en Amérique du Sud et centrale, où jusqu'en 2020 plus de 30 épidémies ont été décrites depuis son isolement, majoritairement au Brésil mais aussi au Panama (1989), au Pérou (1992), en Équateur et en Bolivie (Wesselman KM et al. 2024). Le virus a aussi été isolé chez une enfant malade à Haïti en 2014 (Elbrady et al. 2021). Pour la Guyane, les données historiques non publiées du Centre national de référence (CNR) laboratoire associé des arbovirus de Guyane indiquent quelques isolements et sérologies positives chez des patients pour des Bunyavirus, y compris OROV entre 2001 et 2005 (CNR laboratoire associé des arbovirus, communication personnelle 2024). Au Brésil, avec une estimation de plus de 500 000 cas entre 1955 et la fin des années 2010, l'infection à OROV était considérée comme la 2e arbovirose la plus répandue après la dengue (Sakkas et al. 2018 ; Romero-Alvarez et Escobar 2018 ; Wesselman et al 2024).

Les foyers et les épidémies étaient essentiellement localisés dans le bassin amazonien. Les épidémies répertoriées les plus importantes ont toutes été enregistrées au Brésil avec entre 6 000 et plus de 100 000 cas recensés en 1979-1980 à Belém (Figure 1), mais ces chiffres sont probablement sous-estimés, puisque bon nombre de cas ne sont pas diagnostiqués en raison des caractéristiques cliniques similaires à d'autres arboviroses (dengue, West Nile, fièvre jaune, Zika...) co-circulant dans certaines régions, du peu de tests diagnostiques à disposition et de l'existence de formes pauci et asymptomatiques. Une épidémie a été enregistrée en 2009 dans l'État de l'Amapa, État du Brésil frontalier avec la Guyane, avec environ 650 cas suspects et 450 cas confirmés (Tilstion-Lunel et al. 2015). Le premier isolement du virus dans la Caraïbe, en Haïti en 2014 (Elbadry et al. 2021) a eu lieu lors d'une évaluation virologique d'infections fébriles chez les élèves d'une

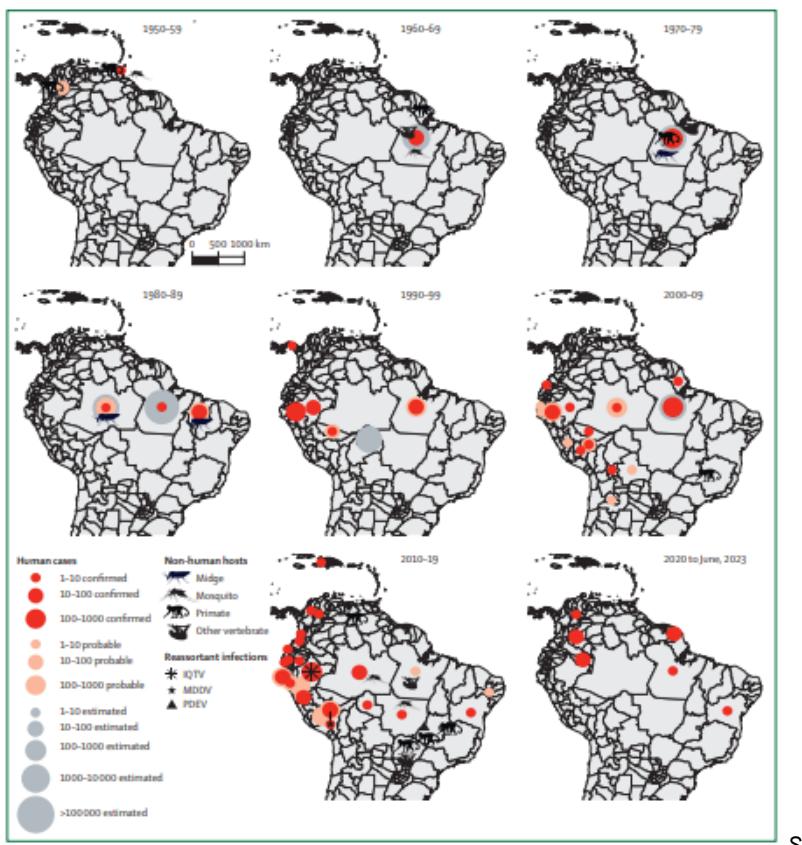
école. L'analyse phylogénique de l'OROV isolé à Haïti indiquait qu'il était paraphylétique² à une séquence de génotype I du Brésil. Une autre analyse indiquait une forte proximité avec des souches virales isolées au Brésil.

Depuis le début des années 2020

Le premier fait marquant est la survenue d'une épidémie d'infections à OROV à Saül en Guyane en août-septembre 2020 (Gaillet et al. 2021). L'épidémie est décrite en détail ci-dessous aux pages 25-28 de ce document.

Depuis 2023, on assiste à une forte augmentation de l'incidence et du nombre d'épidémies en Amérique du Sud dans la zone du bassin amazonien et au-delà avec 1) des taux d'attaque très élevés (supérieurs aux décennies précédentes) dans les régions où la transmission du virus a eu lieu dans le passé et 2) une forte tendance à l'extension à des zones du bassin amazonien qui n'avaient pas été touchées auparavant et 3) au-delà, dans d'autres pays d'Amérique du Sud et à Cuba (PAHO 2024). Lors des 48 premières semaines de 2024, 13 014 cas confirmés Oropouche, dont deux décès, ont été rapportés à la PAHO dans 11 pays et un territoire de la région des Amériques : la Barbade (n = 2 cas), Bolivie (État plurinational de) (n = 356 cas), Brésil (n = 10 940 cas, dont 2 décès), Canada (n = 2 cas importés), Colombie (n = 74 cas), Cuba (n = 603 cas), Équateur (n = 3 cas), États-Unis d'Amérique (n = 94 cas importés), Guyana (n = 2 cas), les îles Caïmans (n = 1 cas importé), le Panama (n = 1 cas) et Pérou (n = 936 cas). Après une baisse du nombre de cas rapportés avec un minimum en août et septembre, on assiste à une recrudescence sensible des cas depuis la mi-octobre, tout particulièrement au Brésil (PAHO, 2024) (Figure 2).

Figure 1. Distribution géographique des isolements d'OROV chez l'homme, les autres hôtes vertébrés, et les vecteurs, 1950 et 2023

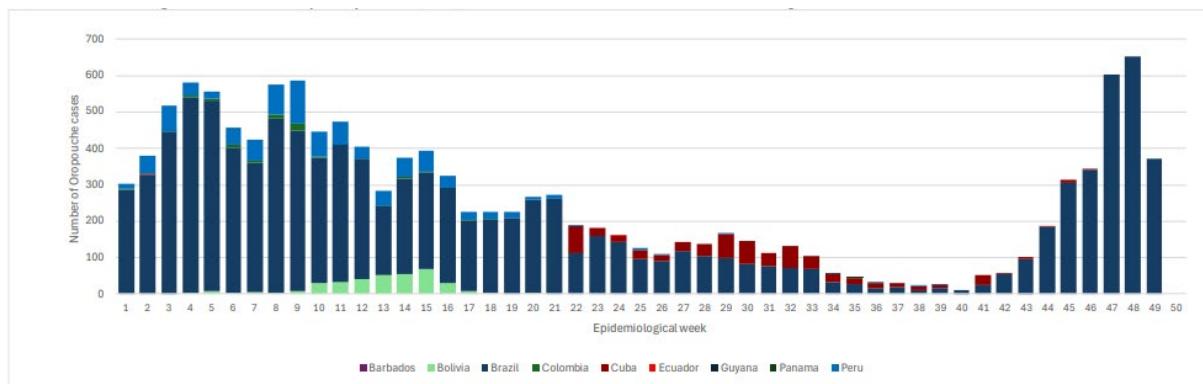


Source : Wesselman KM et al. 2024

S

² « Ne rassemblant pas tous les descendants de l'espèce souche qu'il contient ».

Figure 2. Nombre de cas autochtones confirmés d'infection Oropouche par pays et semaine épidémiologique de début des signes, région des Amériques, 2024. Source PAHO, 2024



L'importance de l'épidémie de Cuba est initialement sous-estimée par les données déclarées à la PAHO, des données publiées dans une lettre au Lancet indiquant 3 393 cas de patients fébriles à Cienfuegos à Cuba lors de la semaine 22 (2024) dans un contexte de diagnostic positif pour OROV pour quelques cas testés alors que le niveau de circulation de la dengue y était faible (Toledo ME et al. 2024). En République Dominicaine, le Ministère de la santé de la (Ministère de la Santé de la République Dominicaine. 2024) a émis une alerte le 28 août 2024 après la détection d'OROV dans des échantillons stockés dans la sérothèque du Laboratoire National de Référence (ces tests étaient initialement négatifs pour la dengue). L'épidémie de Cuba signe l'extension de l'épidémie aux pays de la Caraïbe (où un premier cas fut documenté à Haïti en 2014) en lien, selon toute vraisemblance avec la recrudescence et l'extension de l'épidémie 2023-2024 à partir du bassin amazonien.

Importation de cas en Europe et aux États Unis

En miroir de l'épidémie en Amérique du Sud et à Cuba, trente-huit cas importés d'infections symptomatiques à OROV à la date du 22 octobre 2024 ont été signalés pour la première fois au sein de l'Union Européenne (UE). Les pays touchés sont l'Espagne (21 cas), Italie (6 cas), Allemagne (3 cas), Autriche (1 cas) et Pays Bas (1 cas). En France, 6 cas ont été identifiés, tous de retour de Cuba. Trente-sept des cas avaient voyagé récemment à Cuba et un seul au Brésil (ECDC 2024). Aux États Unis, 21 cas importés de Cuba à la date du 16 août ont été décrits par les Centers for Diseases Control and Prevention (Morrison A et al. 2024). Dans le dernier bilan de cas importés aux États Unis d'Arbonet, le nombre de cas importés chez des voyageurs revenant de zones épidémiques est de 94, dont 90 en Floride (CDC, 2024). La majorité des cas importés a eu lieu en juillet 2024. Une part importante des cas sont survenus dans les environs de Miami après un retour de Cuba, qui compte une importante communauté cubaine (Promed 2024).

La détection des cas importés est directement influencée par le nombre de voyageurs revenant des pays touchés par l'épidémie d'Amérique du sud et de la Caraïbe, des capacités et critères diagnostiques mis en œuvre pour détecter OROV chez un patient fébrile au retour de zones de circulation du virus et du système de surveillance. En France, depuis juillet-août 2024 le CNR des arbovirus a identifié 6 cas d'infection par 'OROV chez des patients fébriles au retour d'un pays touché d'Amérique Latine et négatifs pour les autres arboviroses. Ils revenaient tous de Cuba (Source CNR des arboviroses, décembre 2024).

Facteurs ayant favorisé l'émergence 2023-2024

Trois articles (dont deux preprint, mrXriv, août 2024) consacrés à l'épidémie 2023-2024 et issus d'équipes brésiliennes apportent des premiers éléments importants, convergents et complémentaires qui permettent de mieux comprendre la dynamique spatio-temporelle de la

recrudescence d'Oropouche depuis 2023 au Brésil, de son intensité et de son extension épidémique au-delà du bassin amazonien (Scachetti et al. 2024 ; Naveca FG et al. 2024, de Melo Iani FC et al. 2024). Le virus à l'origine est une souche réassortie qui aurait une meilleure capacité de réPLICATION et donc de transmission et diffusion. Cette première propriété serait complétée par une moindre - voire absence de - protection par l'immunité acquise par l'infection par des virus qui ont circulé auparavant au Brésil. Naveca et al 2024) propose par ailleurs une reconstruction phylogénique de l'histoire de cette émergence : le sous-lignage réassorti responsable de l'épidémie 2023-2024 du Brésil aurait émergé entre 2010 et 2015 et après une diffusion silencieuse (ou non détectée) et deux premières occurrences reconnues – Tajè, Brésil en 2015 (Naveca et al. 2018) et lors de l'épidémie de Saül en Guyane en 2020 (Gaillet et al. 2021) - ce sous-lignage est la cause des vagues épidémiques de 2023-2024 avec une transmission active qui dure maintenant depuis deux saisons des pluies successives, phénomène inhabituel pour ce virus.

À ce stade (décembre 2024), on dispose encore de peu d'informations approfondies sur les épidémies d'OROV en Bolivie, Colombie, Pérou et Cuba. Cependant, l'article de Melo Iani et al (2024) indique qu'un virus de l'épidémie du Pérou et un autre importé en Italie de Cuba par un voyageur malade appartiennent au sous-lignage 2023-2024, indiquant que l'épidémie de Cuba est liée au même sous-lignage émergent. Cette hypothèse est confirmée par une publication issue d'équipes cubaines, mise en ligne début septembre (Benitez AJ et al. 2024) : le virus impliqué à Cuba est proche phylogénétiquement de celui identifié au Brésil en 2023. Enfin, un article en preprint (Usuga J et al. 2024) indique la co-circulation de 2 OROV lors d'une épidémie de syndromes infectieux aigus au sein d'une localité colombienne proche du Brésil, dont le virus impliqué dans l'épidémie brésilienne 2023-2024. La co-circulation des 2 OROV lors de cette épidémie pourrait favoriser l'émergence d'OROV réassortis possiblement plus transmissibles. Enfin, trois cas de syndrome de Guillain et Barré associé à une infection par OROV ont été rapportés pour la première fois dans la littérature médicale lors de l'épidémie de Cuba (de Armas Fernandez et al. 2024).

L'étude de Molina Iani et al (2024) reconstitue la diffusion spatio-temporelle au Brésil et au-delà à partir de l'analyse de 133 séquences du génome entier d'OROV, incluant des souches provenant de régions situées en dehors du bassin amazonien. Elle suggère un mouvement spatial d'OROV nord-sud des régions d'endémie historique aux régions non touchées jusque-là. L'inclusion dans ce travail du génome d'OROV issu de l'épidémie du Pérou de 2024 et importé en Italie en 2024 montre que l'épidémie au Pérou s'inscrit dans la dynamique de diffusion à partir du Brésil. Le fait que la souche d'OROV isolée chez un autre cas importé en Italie après un séjour à Cuba (Deiana M et al. 2024), appartienne au même clade que celui du Brésil, indique, indirectement que l'épidémie cubaine est liée au virus réassorti 2023-2024. Selon toute vraisemblance c'est aussi le cas pour les épidémies de 2024 de Colombie et de Bolivie. Cette étude, en complément des études de Scachetti et al (2024) et Naveca et al (2024), montre la capacité d'adaptation du virus à de nouveaux environnements avec propagation rapide de nouveaux génotypes à plus de 3 500 km (au Brésil et au-delà) sur le continent américain). Bien que l'OROV soit issu d'un cycle selvatique, ces trois études soulèvent l'hypothèse que l'émergence d'Oropouche dans les zones jusque-là indemnes serait plutôt le fait d'importation du virus via le déplacement de personnes virémiques provenant de zones épidémiques plutôt que de spill-over à partir de virus issus d'un cycle selvatique. Enfin, les résultats de ces 3 études suggèrent qu'au-delà de l'adaptation virale, la déforestation et le réchauffement du climat ont contribué à l'accélération de la propagation d'OROV au-delà du bassin amazonien, éléments déjà mis en exergue par de nombreux autres auteurs (Bloomberg LSP et al. 2020 ; Ellwanger JH et al. 2020 ; Gibbs R et al. 2024 ; Jones K et al. 2008 ; Lorenz C et al. 2021 ; Lowe R et al. 2023 ; Vittor AY et al. 2009), soulignant la nécessité d'investir dans une surveillance épidémiologique et génomique coordonnée de ce virus chez l'Homme, les animaux et les vecteurs (dans les cycles péri-urbain/urbain et selvatique) au niveau national, continental et global, en particulier dans les zones urbaines et péri-urbaines.

Utilisant des approches phylogéographiques, le travail en preprint de Tegally H et al (2024) indique un processus d'expansion multi-échelles avec des événements de dispersion à courte et longue distance, et des vitesses de diffusion en phase avec les déplacements humains, notamment aériens pour la dispersion à longue distance. Le couvert forestier, la culture de bananes et de cacao, la

température et la densité de population humaine apparaissent comme les principaux facteurs environnementaux associés à l'expansion d'OROV. Le virus a ainsi circulé dans des zones où l'écologie était favorable à sa diffusion, immédiatement avant son expansion épidémique explosive en Amazonie par son introduction simultanée dans des régions densément peuplées et à l'environnement favorable en Amazonie et une propagation au-delà de l'Amazonie ensuite.

Dans un travail alliant la génomique et l'épidémiologie sur les cas d'OROV de janvier 2023 à juillet 2024 à partir des données des laboratoires de santé publique du Brésil, Gräf T et al. (2024) évalue la relation entre la dynamique épidémique d'OROV avec la superficie agricole et les plantations notamment de banane. Les données épidémiologiques montrent qu'en dehors de la région amazonienne, la fréquence des cas d'OROV était substantiellement plus élevée dans les petites municipalités que les grandes. Les superficies plantées de certains produits agricoles, comme la banane et le manioc, étaient positivement corrélés avec les cas d'infection à OROV. L'analyse phylogénétique de 32 nouveaux génotypes d'OROV indique de multiples événements d'exportation du nouveau lignage de l'OROV réassorti de l'Amazonie à d'autres régions brésiliennes entre janvier et mars 2024. L'analyse de l'horloge moléculaire a estimé que les introductions virales se sont produites entre 50 à 100 jours avant la détection des foyers dans chaque État. Ces résultats confirment que la lignée réassortie de OROV s'est propagée de l'Amazonie à d'autres régions début 2024, en établissant avec succès la transmission locale. Le fait que des éclosions aient été plutôt observées dans de petites municipalités que les grands centres urbains, suggère que les conditions écologiques locales y étaient idéales pour le vecteur d'OROV et la transmission à l'Homme. Le succès du virus dans l'établissement de sa présence dans les petites municipalités intérieures plutôt que de grands centres urbains indique le rôle majeur de facteurs écologiques, comme la proximité des zones forestières et les activités agricoles locales, qui sont distinctes des autres arbovirus urbains. Le fait que l'environnement des plantations de bananes apparaisse comme facteur favorable à la diffusion d'OROV dans cette étude est très cohérent avec les connaissances de l'écologie de *C. paraensis* dont l'habitat larvaire préférentiel est décrit associé à la matière organique en décomposition dans les plantations de bananes ou de cacao (Postigo-Hidalgo I et al. 2024). La compréhension de ces facteurs est importante pour informer les futures interventions préventives adaptées et les campagnes de santé publique visant à prévenir ou à contrôler de nouvelles épidémies d'OROV dans des zones non endémiques (Gräf T et al. 2024).

Proportion de formes symptomatiques et séroprévalence en population

Dans le contexte de la ré-emergence d'OROV en Amérique du Sud et la Caraïbe, Ricco M et al. (2024) ont conduit une revue systématique de littérature et une méta analyse des études rapportant la proportion de détection de l'infection par OROV (anticorps anti-OROV, détection du virus par cultures virales et/ou RT-qPCR) chez les patients fébriles d'une part et la population générale d'autre part et comparé avec les taux de détection de la dengue dans les mêmes études quand disponibles. Quarante-sept études réalisées entre 1975 et 2024 en Amérique du Sud (1 en dans la Caraïbe) ont été retenues. Chez des personnes avec un syndrome fébrile, la prévalence était de 0,45 % (intervalle de confiance à 95 % [IC95 %] 0,16 - 1,12) pour l'isolement du virus, 12,21 % (IC à 95 %, 4,96 à 27,09) pour la sérologie positive (incluant les IgM et IgG) et 12,45 % (IC95 % 3,28 à 37,39) pour les IgM seuls. La séroprévalence en population générale était de 24,45 % (IC à 95 %, 7,83 à 55,21) pour les anticorps IgG. Le taux de détection d'OROV dans les fluides céphalo-rachidiens des cas suspects d'encéphalite virale a été estimé à 2,40 % (IC à 95 % : 1,17 à 5,03). L'identification de l'infection OROV était constamment plus faible que celle d'infections par les virus de la dengue (DENV), du chikungunya (CHIKV) et Zika (ZIKV) chez les personnes fébriles (Ratio de risque [RR] 24,82, IC à 95 % 21,12 à 29,16 ; RR 2,207, IC à 95 % 1,427 à 3,412 ; et RR 7,900, IC à 95 % 5,386 à 11,578, respectivement). La même tendance était observée pour la séroprévalence en population générale (RR 23,614, IC à 95 % 20,58 à 27,13 ; RR 3,10, 95 % CI 2,06 à 4,68 ; et RR 49,50, IC à 95 % 12,26 à 199,92, respectivement). Cette méta-analyse indique une fréquence d'isolement d'OROV faible chez les patients fébriles mais avec une proportion de sérologie positive beaucoup

plus élevée (environ 12 %). La séroprévalence en population était de l'ordre de 25 % indiquant une transmission passée du virus substantielle avec la majorité de ces infections non-identifiées. Ces paramètres pour OROV étaient cependant bien inférieurs à ceux observés pour la dengue, le chikungunya et l'infection à virus Zika. Ces estimations doivent, cependant, être interprétées avec grande prudence du fait de nombreux biais : représentativité des échantillons testés, hétérogénéité des échantillons évalués, techniques utilisées, études couvrant une période de 40 ans, biais de surveillance... Ces biais ainsi que la performance des techniques sérologiques utilisées contribuent très certainement à sous-estimer l'importance de cette infection en santé publique en Amérique du Sud.

Évolution du virus par réassortiment

L'OROV est un virus tri-segmenté (cf. ci-dessus) qui est susceptible de réassortiment en situation de co-infection avec un autre Orthobunyavirus du sérogroupe Simbu dans une même cellule hôte, notamment d'un insecte vecteur compétent tel que *Culicoides paraensis*. Ce mécanisme est un facteur important de divergence génétique pouvant influer la compétence vectorielle, la sévérité de la maladie, la capacité de détection du virus par les tests diagnostic et la réaction immunitaire acquise à son encontre (Wesselman KM et al. 2024). Trois virus réassortis d'OROV ont ainsi été caractérisés (IQTV, MDDV et PEDV ; Wesselman KM et al. 2024). Les travaux récents (cf. ci-dessus) indiquent qu'un nouveau virus réassorti est à l'origine de l'épidémie du Brésil 2023-2024 (Naveca et al., Scachetti et al. 2024, de Melo Iani et al. 2024).

Des travaux expérimentaux *in vitro* (Tilston Lunel et al. 2017) suggèrent par ailleurs que, dans un contexte épidémiologique favorable (circulation concomitante de 2 virus au sein d'un même vecteur), un réassortiment entre le SBV et l'OROV est possible. Ce résultat expérimental doit cependant être pondéré par le fait que SBV est un virus animal présent uniquement en Europe, qu'il n'y a, à ce jour, pas de zones sympatriques de co-circulation des 2 virus ou de vecteurs communs et qu'OROV n'a à ce jour pas été retrouvé chez des ruminants.

Transmission

Vectorielle

Deux cycles de transmission, péri-urbain/urbain et selvatique, sont décrits (figure 3).

Le cycle péri-urbain/urbain est le mieux connu : la transmission se fait d'Homme à Homme, le plus souvent par des vecteurs anthropophiles urbains, particulièrement *Culicoides paraensis* (Sakkas et al. 2018). Le rôle possible d'autres vecteurs anthropophiles et largement répandus, comme *Culex quinquefasciatus*, est débattu (voir le paragraphe « Vecteurs » ci-dessous). Aucun hôte animal n'a été formellement mis en évidence au sein de ce cycle de transmission urbain.

Les espèces hôtes et vectrices qui maintiennent le cycle selvatique d'OROV sont mal connues. Celui-ci se fait à partir d'un réservoir animal (voir paragraphe « Réservoir animal ») par des vecteurs qui pourraient inclure *Coquillettidia venezuelensis*, *Aedes (Ochlerotatus) serratus*, mais aussi des moucherons du genre *Culicoides*, dont *Culicoides paraensis*, voire potentiellement *Culex quinquefasciatus* dans des zones habitées, ce moustique étant une espèce fortement associée aux habitats humains (Sakkas et al. 2018 ; Romero-Alvarez et Escobar 2018).

Le lien entre le cycle selvatique et le cycle urbain anthropique se ferait par des humains virémiques infectés lors d'un séjour en forêt. Le rôle de vecteurs « bridge » dans des contextes ruraux à l'interface entre les cycles selvatique et anthropique est peu décrit.

De nombreuses lacunes persistent sur les connaissances du cycle de transmission. Cela concerne les faibles taux d'isolement des OROV de *C. paraensis* lors d'épidémies [Travasos et al. 2017], le rôle des animaux sauvages ainsi que celui des oiseaux dans la propagation potentielle de l'OROV notamment entre pays/continents (Sakkas et al. 2018). D'après la littérature, OROV semble circuler à bas bruit dans la faune et chez l'Homme. Les perturbations de l'environnement (écosystèmes, biodiversité, perte de végétation/déforestation, perte d'habitat...) et/ou au sein de la communauté (déplacements humains et/ou animaux) seraient à l'origine des émergences des foyers d'OROV (Sakkas et al. 2018). Ainsi, la transmission péri-urbaine/urbaine pourrait être sporadique et temporaire, mais pourrait aussi être maintenue parmi les populations urbaines pour des périodes plus longues ou de façon permanente, à un niveau d'activité relativement faible sans pouvoir être reconnues (Tesh et al. 1994 ; De Melo Iani et al. 2024). Ainsi, après une première introduction au début de 2015, le nouveau sous-lignage responsable de la recrudescence 2023-2024 est resté non détecté au Brésil, probablement du fait d'une capacité de détection de routine limitée et de surveillance insuffisante d'OROV.

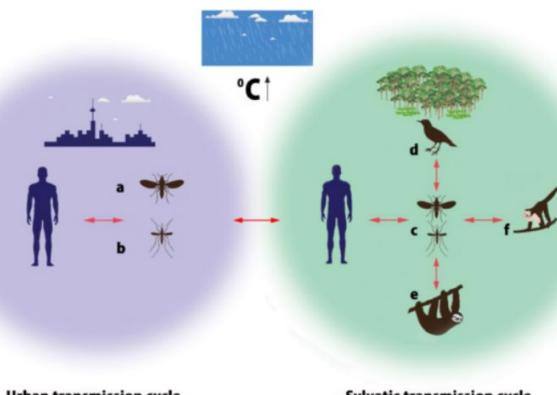
Le travail de Scachetti et al conduit sur l'épidémie 2023-2024 au Brésil indique que la diffusion spatio-temporelle par transmission dans un faible rayon (2 km, rayon d'action du vecteur) expliquerait environ 80 % des cas et que le reste de la transmission sur des zones plus larges (10 km et plus) serait le fait des déplacements des personnes infectées ou de la dispersion des *Culicoides* qui contribuent à diffuser l'OROV aux vecteurs compétents dans d'autres zones. Ceci souligne le rôle de l'environnement, de l'altération de la biodiversité, l'impact de la déforestation et de l'évolution climatique (saison des pluies, rôle du phénomène El Niño...) sur les populations des vecteurs et des déplacements humains et de leurs contacts bien plus intenses qu'auparavant avec la forêt (construction récente de route, urbanisation...).

Autres modes de transmission

Une transmission de l'OROV par les dons de sang prélevés chez des donneurs virémiques sans signes cliniques est en théorie, comme pour d'autres arboviroses, possible. La mise en évidence de l'OROV par RT-PCR sur le sang total jusqu'à 71 jours après le début des signes (Courjault C et al. 2024, Barbiero A et al. 2024, Castilletti C et al. 2024, Igloï Z et al. 2024, Colavita F et al. 2024) est un élément à considérer en faveur de cette hypothèse.

Deux études conduites chez des voyageurs infectés par OROV après leur retour (Igloï Z et al. 2024, Castilletti C et al. 2024) ont montré que le virus était détectable dans le sperme par RT-PCR (jusqu'à 32 et 58 jours, respectivement). Le virus était cultivable 16 jours après la date de début des signes dans l'étude de Castilletti mais pas dans l'étude d'Igloï (prélèvements 17 et 32 jours après le début des signes). (Castilletti C et al 2024) soulevant ainsi l'hypothèse d'une possible transmission interhumaine par voie sexuelle d'OROV (Pareek A et al. 2024).

Figure 3. Représentation des cycles de transmissions périurbains/urbains et selvatiques d'OROV



Vecteurs - a : *C. paraensis* ; b : *Cx. quinquefasciatus* ; c : *Culicoides midges*, *Cq. venezuelensis*, *Ae. serratus*, *Cx. quinquefasciatus*.
Hôtes- d : oiseaux ; e : paresseux, f : primates non humains

Source Sakkas et al. 2019

Réervoir animal

Les données de la littérature sont limitées concernant les réservoirs animaux d'OROV (Sakkas et al. 2018, Wesselman KM et al. 2024.). Les réservoirs animaux identifiés à ce jour sont principalement des espèces de mammifères et d'oiseaux. En effet, des anticorps dirigés contre l'OROV ont été retrouvés chez le paresseux à trois doigts (*Bradypus tridactylus*), chez des primates non humains tels que capucins (*Sapajus spp.*), singes hurleurs (*Alouatta caraya*), ouistitis à pinceaux noirs (*Callithrix penicillata*), ou encore des rongeurs (*Proechimys spp.*) et des oiseaux (*Fringillidae*, *Thaurapidæ*, *Columbidae*) (Sakkas et al. 2018 ; Romero-Alvarez et Escobar 2018). Cependant, le rôle précis des différentes espèces animales, notamment des oiseaux, dans le cycle de transmission selvatique est encore peu connu.

Le cycle de transmission péri-urbain/urbain semble n'impliquer que des humains, des études ayant exclu le rôle des animaux domestiques (chats, chiens, poulets) dans ce cycle (Sakkas et al. 2018). On ne dispose pas d'informations sur l'éventuel rôle d'animaux dans le passage entre le cycle selvatique et urbain ni du rôle éventuel de l'Homme dans le lien entre le cycle urbain et le cycle selvatique pour les hôtes animaux.

Vecteurs

Le vecteur principal d'OROV est considéré être un moucherón hématophage anthropophile du genre *Culicoides*. L'espèce *Culicoides paraensis* a été le principal vecteur retrouvé pour le cycle urbain et péri-urbain en Amérique du Sud et centrale (Sakkas et al. 2018). Cette espèce de moucherón est décrite comme très associée aux plantations de bananiers et de cacao, où les stades immatures se développent dans le matériel végétal en décomposition (feuilles de bananiers au sol, enveloppes du cacao). L'espèce a une activité diurne-crépusculaire avec une plus grande abondance et activité en période des pluies (Feitoza LHM et al. 2023). La compétence vectorielle de *C. paraensis* (sous-genre *Haematomyidium*) pour OROV a été montrée en laboratoire (Pinheiro et al. 1982 ; 1981). Au laboratoire, l'espèce nord-américaine *C. sonorensis* (sous-genre *Monoculicoides*) montre un fort taux de dissémination mais un faible potentiel de transmission, probablement avec une barrière salivaire forte (McGregor, Connelly, et Kenney 2021).

La compétence vectorielle des moustiques anthropophiles *Culex quinquefasciatus*, *Aedes aegypti* et *Aedes albopictus* a été étudiée en conditions expérimentales (Hoch et al. 1987; de Mendonça et al. 2021 ; McGregor, Connelly, et Kenney 2021). Ces études suggèrent que, pour les souches virales testées, la transmission d'OROV est limitée par la barrière intestinale chez ces trois grandes espèces de moustiques urbains, et donc que ces dernières peuvent difficilement être en l'état, considérées comme des vecteurs capables d'entretenir une transmission épidémique d'Homme à Homme qu'elle soit biologique ou mécanique. En effet, elles montrent que l'OROV est capable de se répliquer efficacement lorsqu'il est injecté par voie intra-thoracique chez ces trois espèces, mais pas lorsqu'il est ingéré lors d'un repas sanguin (de Mendonça et al. 2021). Il conviendrait de vérifier ces résultats avec un plus grand nombre de souches de moustiques et de virus (si possible correspondant aux différents génotypes). Une revue systématique de littérature des études expérimentales de la compétence vectorielle portant sur OROV publiées avant 2024 (Galichote E et al. 2024) a retrouvé seulement sept études et montre que seule une espèce de moucherons (*Culicoides paraensis*) démontre une compétence vectorielle forte pour transmettre l'OROV alors que les moustiques (y compris *Aedes* et *Culex spp.*, en particulier *C. quinquefasciatus*) avaient lors des études de compétence vectorielle un taux d'infection constamment inférieur à ~20 %, et ont montré une transmission limitée de l'OROV aux animaux exposés. Sur plus de 28 000 *C. quinquefasciatus* testés pour OROV pendant des épidémies sur une période de 14 années, seulement trois (0.01 %) ont été trouvés positifs pour OROV (Galichotte E et al. 2024). A noter, cependant, que deux études réalisées lors d'épidémies récentes, l'une au Brésil (Feitoza LHM et al. 2024) et l'autre à Cuba (Benitez AJ et al. 2024), ont mis en évidence des pools de *C. quinquefasciatus* positifs pour OROV par RT-PCR.

Il est, cependant possible, que dans certains contextes la faible compétence vectorielle de ces moustiques puisse être compensée par leur abondance et leur agressivité pour l'Homme (Gallichote E et al. 2024 ; Freitoza LHM et al. 2024). Cela mérite d'être objectivé par des travaux expérimentaux et des approches de modélisation. Les réassortiments d'OROV peuvent aussi contribuer à mieux adapter ces vecteurs anthropophiles à la transmission du virus. Des travaux de recherche expérimentaux et de compétence vectorielle pour les OROV émergents, sont donc nécessaires en particulier pour l'OROV responsable des épidémies 2023-2024.

L'étude Gräf T et al. (2024) indique que les zones touchées par la propagation d'OROV en dehors de l'Amazonie offrent un environnement écologique favorable à *C. paraensis*. Les cas ont été enregistrés principalement dans les petites villes rurales, en particulier celles avec des plantations de bananiers et de manioc à proximité et les superficies plantées de certains produits agricoles, comme la banane et le manioc, étaient positivement corrélées avec les cas d'infection à OROV (Gräf T et al. 2024). Ces plantes et plantations produisent une quantité importante de végétation en décomposition ce qui est un habitat idéal pour la reproduction et le développement de *C. paraensis*. En zones péri-urbaines et urbaines, ceci pourrait permettre des abondances fortes de populations de *Culicoides* et de favoriser la propagation du virus. D'autres experts pensent qu'il est possible qu'un vecteur complètement différent, non encore identifié (*Culicoides* ou autre), puisse être impliqué dans la propagation d'OROV lors de ces épidémies récentes (Quaglia S. 2024).

Maladie

Les symptômes classiques de l'infection par l'OROV ne se distinguent pas des autres arboviroses et associent fièvre, céphalées, douleurs articulaires et musculaires et rash cutané. Ils apparaissent après une incubation de 3 à 8 jours, et durent en général de 2 à 7 jours. Une résurgence des symptômes peut être observée dans les 10 jours suivant leur première apparition (Sakkas et al. 2018). Cette résurgence peut concerner jusqu'à 70 % des cas cliniques (Guagliardo et al 2024). Des complications neurologiques peuvent survenir, à type de méningites et encéphalites (Chiang et al. 2021). Leur fréquence a été estimée à 4,1 % lors d'une épidémie en 1980 dans l'État de Para au Brésil (Sakkas et al. 2018).

Le taux d'attaque peut être élevé, il a été estimé à plus de 70 % (patients fébriles avec des IgM positives) lors d'épidémies (Sakkas et al. 2018). Dans l'épidémie brésilienne de 2023-2024, les nombres de cas incidents rapportés apparaissent beaucoup plus élevés que ceux constatés lors des épidémies précédentes (près de 200 fois supérieurs à ceux observés lors des 10 dernières années ; Scachetti et al. 2024). Mais un biais de surveillance peut contribuer à expliquer cela. La distribution des taux d'incidence par âge et genre montre que ceux-ci sont les plus élevés et de manière homogène entre 20 et 50 ans sans différences majeures et systématiques entre les hommes et les femmes. Ils sont les plus faibles avant 10 ans et diminuent après 50 ans (Scachetti et al. 2024).

Les données sur la virémie sont limitées. D'après l'expérience du laboratoire associé de Guyane au CNR des arbovirus, la virémie (à partir de prélèvements de sérum) paraît similaire à celle de la dengue et plus faible que celle du chikungunya. La durée de la virémie ne semble pas très prolongée, de l'ordre de 4 à 5 jours. A noter que l'OROV réassorti 2023-2024 aurait un niveau de réPLICATION plus élevé en culture cellulaire et plus précoce que le virus prototype, utilisé pour la comparaison (Scachetti et al. 2024). L'impact sur l'efficacité de la transmission vectorielle de ce résultat reste incertain à ce stade, mais il est possible que cela ait pu contribuer à un taux d'infection plus élevé des vecteurs compétents et à l'augmentation de la transmission et de l'incidence.

Les connaissances sur la proportion des formes infracliniques des infections à OROV sont lacunaires car cet aspect n'est quasiment pas étudié à ce jour, l'extrême majorité des études concernent des séries de cas cliniques. On ne dispose en particulier pas d'éléments issus d'études sérologiques rétrospectives ou mieux d'études de cohortes de personnes exposées à la transmission du virus. Une étude de 1979 au Brésil (Freitas et al. 1980) indique que la proportion de

formes symptomatiques était de 63 % (49/78) mais sa méthodologie est très peu documentée pour permettre d'en évaluer la robustesse. Elle est par ailleurs ancienne et il est possible que la proportion des formes infracliniques puissent varier selon les génotypes et l'évolution du virus. Une investigation rétrospective d'épidémie d'infections aigues fébriles plus récente au Brésil (Carvahlo VL et al. 2022) rapporte que sur 47 patients positifs pour OROV (diagnostic par sérologie principalement), six (12,8 %) étaient asymptomatiques, mais le détail méthodologique de l'étude est peu documenté. A noter que lors de l'épidémie de Saül, le nombre de cas symptomatiques était élevé parmi les habitants de ce village (Gaillet et al. 2021).

Sévérité clinique

Aucun décès lié à une infection par OROV n'a été rapporté entre 1960 et 2023. Si le travail de Naveca et al (2024) conduit sur la vague épidémique de 2023-2024 au Brésil n'est pas en faveur d'une sévérité plus importante qu'auparavant de la maladie, la PAHO (PAHO 2024) a rapporté le signalement en juillet 2024 de deux décès liés à l'infection par OROV au Brésil (l'étude de Naveca et al (2024) ne couvre pas la période épidémique au-delà de mars 2024). Les deux décès concernent des femmes résidant dans des villes différentes de l'état de Bahia, âgées respectivement de 24 et 21 ans sans maladies sous-jacentes connues. Ces deux épisodes survenus en mars et mai 2024 sont confirmés par RT-PCR, les prélèvements étant négatifs pour DENV, ZIKV, CHIKV et Mayaro (MAYVV) (tests moléculaires et sérologiques). Pour les deux cas, après un épisode infectieux aigu, l'état clinique s'est aggravé en quelques jours vers un tableau clinique jugé très similaire à celui d'une forme hémorragique sévère de dengue (Bandeira AC et al. 2024).

Si à ce stade, l'alerte sur les formes graves rapportées au Brésil doit être mieux caractérisée et évaluée (biais possible dans un contexte d'épidémie beaucoup plus intense que par le passé et biais de surveillance), l'hypothèse de la survenue de formes graves via un mécanisme d'« Antigen dependent enhancement (ADE) », tel qu'observé pour la dengue, a été suggérée (Wesselman KM et al. 2024 ; Scachetti et al. 2024, Bandeira AC et al. 2024). Des expériences chez la souris et des observations chez des patients ont montré que les sérum contre IQTV, un virus réassorti d'OROV, neutralisaient que faiblement l'OROV prototype utilisé pour la comparaison suggérant des épitopes conservés mais insuffisants pour la protection croisée. L'absence potentielle de protection croisée associée à une antigénicité partagée entre les virus réassortis pourraient entraîner des formes aggravées par un mécanisme d'ADE. Il serait donc possible que le mécanisme d'ADE puisse être impliqué dans les épidémies 2023-2024 dans laquelle l'immunité acquise dans le passé par l'infection par d'autres variants d'OROV ne semble pas protéger, du moins suffisamment contre le nouveau virus (Scachetti et al. 2024).

Formes materno-fœtales avec atteintes fœtales

Jusque 2024, aucune forme materno-fœtale avec atteintes fœtales, notamment des malformations, telles que celles décrites pour l'infection par ZIKV, n'a été rapportée pour OROV. Ce constat semble être remis en question au Brésil en 2024 : début août 2024, le ministère de la santé du Brésil a confirmé un cas de décès d'un fœtus par transmission verticale d'OROV dans l'État de Pernambuco à la 30e semaine de grossesse chez une femme âgée de 30 ans. Le Brésil a aussi indiqué que 8 autres cas de transmission verticale d'OROV étaient en cours d'évaluation (4 cas à Pernambuco, 1 à Bahia et 3 à Acre). Quatre de ces cas ont entraîné la mort du fœtus et quatre autres sont associés à des anomalies congénitales, notamment la microcéphalie. Une analyse rétrospective brésilienne de cas de nourrissons nés entre 2015 et 2021 avec microcéphalie et d'autres malformations congénitales sans cause confirmée ($n = 65$) et en 2024 ($n = 3$) a montré que six d'entre eux étaient associés à une infection par OROV (trois entre 2015 et 2021 et l'ensemble des 3 cas de 2024) (das Neves Martins et al. 2024). Si la causalité entre l'infection par OROV et la survenue de ces malformations fœtales n'est pas formellement établie, la survenue de tels événements lors d'une infection à OROV est à considérer. Il semble aussi possible que de telles malformations non reconnues aient pu survenir avant l'épidémie de 2023-2024 au Brésil. Par ailleurs l'existence de ces formes cliniques pour OROV n'est pas complètement inattendue, des virus proches d'OROV (tel

que le virus Akabane et le virus de Schmallenberg) sont connus pour provoquer des anomalies congénitales et des morts nés chez les ruminants (Moutinho S 2024 ; ECDC 2024).

Diagnostic

Comme pour les autres arboviroses, le diagnostic clinique d'une infection à OROV basé sur les symptômes et signes cliniques n'est pas discriminant (Durango-Chavez HV et al. 2022). Le diagnostic peut être réalisé par RT-PCR (segments S et M) pendant la période de virémie de J1 à J7 après le début des symptômes. Les tests RT-PCR peuvent être positifs pour une plus longue durée (1 mois voire plus) sur sang total (jusque 71 jours) et les urines (jusque 37 jours) ce qui peut être très utile pour un diagnostic tardif en cas de suspicion clinique, notamment lors d'une résurgence des symptômes (Courjault C et al. 2024, Barbiero A et al. 2024, Castilletti C et al. 2024, Iglói Z et al. 2024, Colavita F et al. 2024). Après la période de virémie, le diagnostic peut être porté par sérologie par l'identification d'IgM spécifique ou la mise en évidence d'une séroconversion sur deux prélèvements successifs séparés de 8 à 10 jours (PAHO 2024). La sérologie peut être réalisée dans le sérum et le liquide cérebrospinal.

On ne dispose pas de tests commercialisés pour la RT-PCR. Pour la sérologie un Kit commercial est disponible (cf. note de bas de page, page 3) (Rousset D, CNR Arbovirus). Le diagnostic repose donc avant tout sur des techniques « maison » développées par les laboratoires. Un dispositif de RT-PCR multiplexe permettant la détection simultanée des virus Mayaro et d'OROV a été décrit dans la littérature (Naveca et al. 2017).

Virus réassortis et diagnostic PCR

L'émergence de nouveaux sous-lignages par réassortiment peut en théorie mettre en défaut les outils de diagnostics moléculaires développés à partir des virus préexistants. Ainsi, Scachetti et al (2024) ont testés deux protocoles de RT-PCR et observé que les échantillons de 10 patients étaient positifs pour un protocole mais tous négatifs pour l'autre qui ciblait le segment S. Les incohérences entre le segment S des souches réassorties d'OROV 2023-2024 et les amorces et les sondes utilisées sont probablement responsables de cette discordance qui peut avoir une forte implication en termes de diagnostic, de surveillance et de détection des épidémies lors de l'émergence de virus réassortis. A noter que le CNR n'a pas constaté cette discordance avec la méthode PCR qu'il utilise.

Co-infections

Des co-infections OROV avec d'autres virus, notamment DENV, CHIKV, ZIKV, sont rapportés avec des fréquences variables en fonction du contexte épidémique (épidémie concomitante, notamment de DENV). Dans une étude de patients fébriles au Pérou (Martin-Lunas et al, 2020, n = 496), 10 % des patients testés systématiquement pour OROV, DENV, CHIKV et ZIKV étaient co-infectés et (49) 37,4 % des 131 patients OROV+ étaient infectés par un autre arbovirus. La co-infection la plus fréquente était avec le DENV (36, 7,3 % des patients testés et 27,5 % des 131 co-infections). Lors de l'épidémie 2023-2024 du Brésil, la co-infection la plus fréquente était avec le DENV-2 et DENV-1 (Naveca et al. 2024).

Synthèse

En 2023-2024, l'OROV est la deuxième cause d'infection transmise par un vecteur en Amérique du Sud, après la dengue. Avec un nombre estimé de 2 à 5 millions de personnes directement exposées, OROV contribue substantiellement au fardeau infectieux dans cette partie du Monde (Romero-Alvarez et al. 2023). La fréquence de cette infection, son poids en santé publique, son extension géographique sur le continent américain, la survenue d'importantes épidémies urbaines en particulier en 2023 et 2024, contrastent avec les connaissances qui restent parcellaires ou peu précises, en particulier sur les vecteurs, les hôtes et réservoir animaux et sur le cycle de transmission, en particulier selvatique. Les connaissances manquent aussi sur la fréquence des formes asymptomatiques et les complications (sévérité, formes materno-fœtales...).

La capacité de réassortiment de ce virus segmenté, la diversité vectorielle pouvant potentiellement être impliquée, l'altération de l'environnement, de la biodiversité, l'évolution démographique et la mobilité humaine donnent un caractère fortement émergent et de menace épidémique à cette arbovirose. Si pour le moment, la dissémination d'OROV est limitée à l'Amérique du Sud et centrale et la Caraïbe, le vecteur principal (*C. paraensis*) et les vecteurs anthropophiles potentiels ont une distribution bien plus large, état soulignant le risque de foyers sporadiques et d'épidémies dans d'autres parties du monde, à la faveur des voyages, en particulier de virus réassortis qui pourraient avoir acquis une meilleure adaptation aux vecteurs anthropophiles. La dispersion des populations de *Culicoides* depuis les territoires épidémiques vers des zones indemnes est un élément connu et décrit dans les épizooties animales et qui doit être évalué pour la zone de circulation actuelle d'OROV.

Dans la limite des données disponibles, notamment le peu d'éléments consolidés sur d'autres espèces qui pourraient être impliquées, les vecteurs urbains sont considérés être essentiellement des *Culicoides*, notamment l'espèce *C. paraensis*. Cette espèce a été incriminée dans des épidémies importantes ayant pu atteindre jusqu'à 100 000 personnes au Brésil. Le faible taux d'infection des populations locales de *C. paraensis* relevé lors d'épidémies est compensé par leurs fortes densités et leur agressivité pour l'Homme (Sakkas et al. 2018). *Culicoides paraensis* a une distribution large en zones tropicales et subtropicales d'Amérique et une forte capacité à se reproduire en zone semi-urbaine végétalisée. Il mord plutôt en fin d'après-midi. Les travaux épidémiologiques récents au Brésil indiquent une association écologique avec la taille des municipalités à la faveur des petites villes en proximité de forêt, et la diffusion d'OROV et avec les plantations notamment de bananes qui offrent des écosystèmes favorables à *C. paraensis*. *Culex quinquefasciatus* est évoqué comme pouvant contribuer à la transmission urbaine d'OROV, son ARN ayant été retrouvé chez certains de ces moustiques sur le terrain, mais des travaux expérimentaux (en laboratoire) indiquent qu'il ne peut probablement pas être incriminé comme vecteur, du fait d'une trop faible efficacité à transmettre le virus (de Mendonça et al. 2021, Gallichote E et al. 2024, Hoch Al et al 1987, Pinhero FP et al 1981, Roberts DR et al. 1981). Reste à évaluer la compétence vectorielle des populations de *Culex quinquefasciatus* avec les génotypes circulants.

En milieu selvatique, l'OROV a été retrouvé dans des spécimens de plusieurs espèces de moustiques : *Culex quinquefasciatus*, *Coquillettidia venezuelensis* et *Aedes (Ochlerotatus) serratus* (Sakkas et al. 2018 ; Travassos da Rosa et al. 2017). Par ailleurs, le segment S du virus a été retrouvé chez d'autres espèces de moustiques, dans des spécimens capturés en milieu forestier : *Psorophora cingulata*, *Haemagogus tropicalis* (Pereira-Silva et al. 2021).

DESCRIPTION DE L'ÉPISODE D'ÉMERGENCE D'INFECTION PAR OROV À SAÜL, GUYANE, SEPTEMBRE 2020

Contexte géographique et sanitaire de la Guyane

La Guyane, Collectivité Territoriale Unique d'outre-mer, est localisée en Amérique du Sud, dans le bassin amazonien. Elle est frontalière du Brésil à l'est et au sud, du Suriname côté ouest et bordée par l'océan Atlantique au nord et par les fleuves Lawa et Maroni à l'ouest et Oyapock à l'est. C'est le plus vaste département de France, avec une superficie de plus de 80 000 km², recouvert à 96 % par la forêt tropicale humide (ONF 2021). La Guyane est divisée en 22 communes et administrée par la préfecture de Cayenne et la sous-préfecture de Saint Laurent du Maroni. La population, estimée par l'INSEE à 288 090 habitants au 1er janvier 2020, se concentre essentiellement sur la zone littorale. Le territoire connaît une croissance démographique élevée, liée à un fort taux de natalité (DREES 2014). La population guyanaise est fortement cosmopolite, composée de communautés diverses, reflet des migrations anciennes et récentes et de l'histoire du territoire : peuples autochtones amérindiens, peuples Noirs marrons, Créoles guyanais et antillais, Hmong, Métropolitains, Chinois, Haïtiens, Brésiliens, Surinamais, etc. (Insee 2006). La situation socio-sanitaire de la Guyane, bien que meilleure que dans les pays frontaliers, est moins favorable qu'en France métropolitaine (DREES 2014 ; Ville et Brousse 2014). L'offre de soins est inférieure à la moyenne nationale et se concentre prioritairement sur la zone littorale, où se trouvent les trois centres hospitaliers de la région, situés à Cayenne, à Kourou et à Saint-Laurent-du-Maroni. Dans les communes isolées de l'intérieur du territoire, dépourvues de centres hospitaliers et de cabinets de médecine libérale, un total de 18 Centres Délocalisés de Prévention et de Soins (CDPS), coordonnés par l'hôpital de Cayenne, assurent le maillage sanitaire (Ville et Brousse 2014).

Description épidémiologique de l'épidémie par OROV à Saül

Cet épisode a fait l'objet d'une publication qui présente la plupart des éléments et l'analyse aussi décrits ici (Gaillet et al. 2021). C'est suite à une augmentation du nombre des consultations au Centre délocalisé de prévention et de soins (CDPS) de Saül pour syndrome dengue-like observée depuis mi-aout 2020, qu'une mission a été menée par le CH de Cayenne aux alentours de mi-septembre 2020, en lien avec l'ARS et la Cellule Régionale de Santé publique France en Guyane. Ces investigations clinico-épidémiologiques ont permis de réaliser des prélèvements sanguins chez 24 patients. Parmi eux, 9 avaient une date de début des signes (DDS) inférieure à 5 jours et leurs prélèvements ont donc pu être analysés en PCR par le Centre National de Référence (CNR) de l'Institut Pasteur de la Guyane pour une recherche d'arboviroses. Cette recherche a permis d'identifier 7 prélèvements positifs en PCR pour OROV alors que l'ensemble des recherches d'autres arbovirus était négatives (dengue, zika, chikungunya, fièvre jaune, Tonate, Mayaro).

L'investigation s'est poursuivie et au total entre le 11 août et le 15 octobre 2020, 41 cas ayant consulté pour syndrome dengue-like ont été rapportés. Un prélèvement sanguin a pu être réalisé chez 28 de ces 41 patients. Le diagnostic d'infection par OROV a pu être confirmé pour 23 (82 %) de ces 28 patients (cas confirmés) : par PCR positive seule pour 7 d'entre eux (absence de prélèvement tardif permettant de vérifier la séroconversion), par séronutralisation seule pour 12 d'entre eux (pas de prélèvement précoce permettant une détection de virus) ou encore par PCR et séronutralisation positives pour 4 d'entre eux. Pour les 5 autres patients prélevés, négatifs en PCR, l'apparition d'anticorps neutralisants n'a pas pu être testée en l'absence de prélèvement tardif. Ces 5 cas ainsi que les 18 cas n'ayant pas eu de prélèvement sanguin ont été qualifiés de cas probables (patients symptomatiques ayant consulté au CDPS mais pour lesquels les analyses biologiques

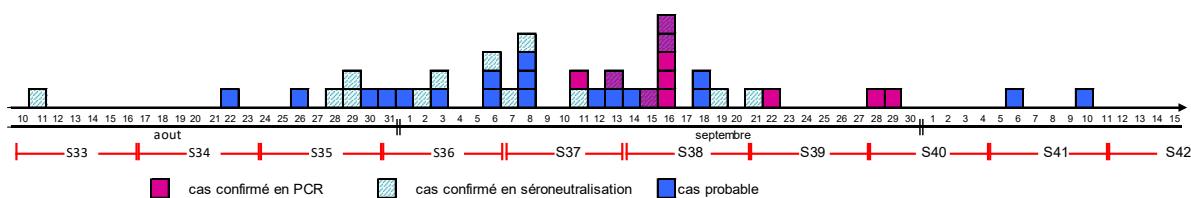
n'étaient pas contributives ou non effectuées). Il y a donc eu au total 23 cas confirmés et 18 cas probables.

L'âge moyen des patients était de 38 ans [3ans – 82ans] et le sex-ratio de 1,6. Les symptômes rapportés par les patients sont fièvre (95 %), maux de tête (93 %), myalgies (71 %), fatigue (71 %), douleur rétro-orbitaire (46 %), anorexie (41 %), nausées (32 %), frissons (22 %), diarrhées (20 %), rash cutané (17 %), arthralgies (10 %) et douleur abdominale (10 %). Comme indiqué dans la littérature (Sakkas et al. 2018), les patients ont déclaré que les symptômes ont débuté avec une phase aigüe de 2 à 4 jours, suivie d'une rémission de quelques jours puis d'une reprise des signes 7 à 10 jours après la date de début des signes. Près de 75 % des patients ont déclaré une fatigue persistante. Au total 3 cas (1 cas confirmé par PCR et 2 cas confirmés par séroneutralisation) ont été hospitalisés, leur évolution a été favorable.

Par ailleurs, 17 personnes du village ont déclaré avoir présenté des signes cliniques compatibles mais n'ont jamais consulté au CDPS, et sont considérés comme cas possibles.

Le pic de l'épidémie a été atteint le 16 septembre (Figure 4), la majorité des cas ayant une DDS antérieure. Des actions de lutte anti-vectorielle ont eu lieu le 23 septembre puis le 6 et le 13 octobre, celles-ci ayant peut-être eu un impact sur la dynamique de l'épidémie (Gaillet et al. 2021).

Figure 4. Courbe épidémique des cas probables et confirmés à OROV, selon leur date de début des signes ; août-octobre 2020 ; Saül, Guyane



Saül est un petit village de 160 habitants (source Insee) isolé au centre de la Guyane, accessible seulement par voie aérienne. En raison de l'épidémie de COVID19, les liaisons ont été interrompues et environ 95 habitants étaient présents au village au moment de l'épidémie. Le taux d'attaque estimé est donc de 43,2 % (41/95), voire de 61 % en incluant les 17 cas possibles n'ayant pas consulté.

La répartition spatiale des cas était homogène sur l'ensemble du village (bourg et écarts). Le cas index résidait en bordure de forêt. A noter qu'aucun cas n'a été observé sur le littoral ou ailleurs en Guyane.

Aux alentours du village, les réservoirs animaux connus dans la littérature sont présents, notamment singes et paresseux.

Le travail de Naveca et al (2024) qui a inclus la séquence de l'OROV de l'épidémie de Saül indique que le virus réassorti 2023-2024 du Brésil a émergé en 2010 avec une diffusion silencieuse et deux premières occurrences épidémiques, l'une au Brésil (Tefé en 2015) et l'autre en Guyane à Saül en 2020. Le séquençage d'un OROV chez un voyageur italien revenu malade d'un séjour à Cuba en 2024 a par ailleurs montré que la séquence la plus proche est celle du virus isolé lors de l'épidémie de 2020 à Saül en Guyane (Deiana M et al. 2024). Ces résultats sont très en faveur d'une importation du virus à Saül en 2020 via la circulation des personnes en lien avec les pays voisins, Brésil en particulier.

C'est la première fois qu'un foyer d'infection à OROV est formellement identifié et investigué en Guyane. Des données historiques non publiées indiquent quelques isolements et sérologies de *Bunyavirus* y compris OROV entre 2001 et 2005, mais ces données sont parcellaires

(communication personnelle, Laboratoire associé au CNR des Arbovirus, 2024). Aucun cas n'a été identifié depuis ce signal, ni à Saül ni sur le reste du territoire guyanais, mais le risque d'une nouvelle épidémie ailleurs en Guyane n'est pas à exclure, vecteurs et réservoirs étant présents sur la grande majorité du territoire.

Bilan des investigations entomologiques

Dans le cadre de ce foyer épidémique, des recherches entomologiques ont été effectuées par les équipes de l'Institut Pasteur de Guyane et de la Collectivité territoriale de Guyane du 30 septembre au 2 octobre 2020.

Les objectifs de cette mission étaient d'apprécier :

- 1) la présence de vecteurs potentiels, avec mise en évidence du virus par technique moléculaire et, si possible, mesure de la compétence vectorielle au laboratoire, à terme ;
- 2) les facteurs de distribution spatiale et temporelle des vecteurs potentiels, et notamment l'importance de la zone à cacaoyers située à proximité du bourg ;
- 3) le degré du contact homme/vecteur et notamment la présence de vecteurs potentiels à proximité des habitations.

Pour cela, 19 pièges ont été déployés sur la zone pendant deux nuits et ont permis de réaliser 35 nuits-pièges : 23 avec BG-sentinel, 11 avec pièges lumineux (lumière blanche et UV) et 1 avec Mosquito Magnet. Plusieurs gîtes larvaires naturels et artificiels ont été échantillonnés, avec la capture de larves de plusieurs espèces de *Culex* et quelques spécimens d'*Anopheles*.

Les vecteurs potentiels capturés en tant qu'adultes agressifs étaient presque exclusivement des *Culex quinquefasciatus*. D'après les entomologistes, la présence de *Culex quinquefasciatus*, pourtant fréquente ailleurs en Guyane, n'avait pas été documentée à Saül jusqu'ici. Celui-ci semblait se situer davantage au niveau du bourg du village que dans la périphérie.

Un seul *Culicoides paraensis* (ou une espèce proche) a été capturé lors de cette mission, hors de la zone identifiée à cacaoyers.

Aucun *Aedes aegypti* n'a été capturé dans le bourg au moment de la mission. Quelques autres *Culicoides* ($n = 27$), principalement des espèces *C. guttatus* et *C. hylas* du sous genre *Hoffmannia*, ont été capturés, en zone forestière.

Les entomologistes ont conclu que peu de *Culicoides* étaient présents sur site au moment de l'investigation, même en zone de cacaoyers. Le vecteur (*C. paraensis*) majoritairement diurne aurait pu échapper aux pièges lumineux. Néanmoins, il n'a pas été observé, au moment de l'investigation de nuisance de piqûres par *Culicoides* sur le village, de jour ou de nuit. Cette absence de collecte n'est pas synonyme d'absence totale sur le site, mais n'est pas en faveur d'une abondance forte d'un vecteur connu pour être anthropophile. Par ailleurs, *Cx quinquefasciatus* était largement présent sur le bourg mais peu en périphérie. Or, cette espèce, qui pourrait être nouvellement arrivée dans la zone, est un vecteur suspecté dans la littérature et pourrait donc être le vecteur de cet épisode.

Pour compléter le descriptif de l'épidémie de Saül une deuxième investigation entomologique ponctuelle a été menée par l'IP Guyane en juillet 2022 - c'est à dire à la période immédiatement antérieure à l'épidémie de 2020, et suite à la mention de nuisances par des "yinyins" (*Culicoides*) dans le village. Plusieurs spécimens de *C. paraensis* ont alors pu être capturés sur homme (hors épidémie) en milieu de journée et en plusieurs points du village, attestant de la présence du vecteur dans l'environnement de Saül (Duchemin JB, 2024)

Les résultats de l'investigation entomologique, avec les approches utilisées, n'ont pas pu documenter la présence de *Culicoides* dans l'environnement de vie des personnes résidentes à Saül au moment de l'épidémie. L'hypothèse d'une transmission possible par *Cx quinquefasciatus* était soulevée bien que les travaux sur la compétence vectorielle des moustiques anthropophiles tels que *Culex quinquefasciatus* suggèrent, pour les souches virales testées, que la transmission d'OROV est très limitée par la barrière intestinale et que ces dernières peuvent difficilement, en l'état des connaissances, être considérées comme des vecteurs capables d'entretenir une transmission épidémique d'Homme à Homme (cf. ci-dessus ; Mendonça et al. 2021, Callichote E et al. 2024). Les conditions locales décrites lors de l'investigation, notamment d'abondance et d'agressivité de ce vecteur pour l'Homme ont pu compenser la compétence vectorielle théoriquement limitée. Par ailleurs, l'OROV impliqué dans cette épidémie est un virus réassorti émergent qui aurait pu acquérir des capacités d'adaptation à des vecteurs tel que *Cx. quinquefasciatus*. Des travaux de recherche plus approfondis sont nécessaires pour tester cette hypothèse. Cependant, la documentation *C. Paraensis* en 2022 dans le village de Saül lors de la période précédant celle de l'épidémie de 2020 est un argument en faveur de la présence de ce vecteur et de son rôle potentiel dans l'épidémie de 2020.

Suite à la mission, les préconisations initiales des entomologistes ont été de baisser la pression vectorielle, surtout dans le bourg, pour limiter la transmission et les infections humaines ; puis à moyen terme de mettre en place une surveillance pour évaluer le risque de prolongation ou de nouvelle épidémie.

Une épidémie à OROV n'avait jamais été détectée précédemment en Guyane et l'épidémie est restée circonscrite à Saül. Sur la base des travaux de Naveca et al (2024), ce serait l'une des premières épidémies documentées par le virus réassorti responsable des épidémies de 2023-2024 en Amérique Latine et à Cuba. L'hypothèse prédominante à l'époque de l'investigation en 2020 était celle d'un événement d'importation à l'origine du foyer, d'autant que les mouvements illégaux d'orpailleurs avaient pu augmenter dans le contexte du confinement et de la diminution des forces armées (Gaillet et al. 2021). Les résultats des travaux de recherche d'épidémiologie moléculaire sur l'OROV 2023-2024 est très en faveur de cette hypothèse (Naveca et al, Scachetti et al, de Meli et al. 2024).

ANALYSE DU RISQUE D'ÉMERGENCE D'OROV EN GUYANE ET DANS LES ANTILLES FRANÇAISES

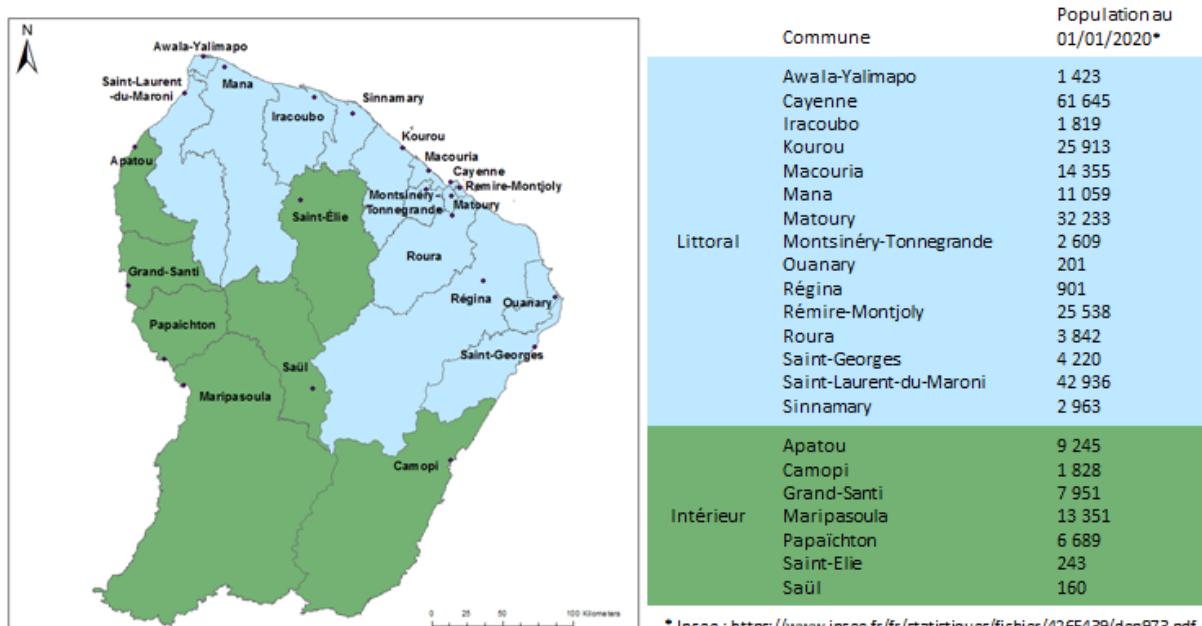
Méthodologie employée

Définition du risque évalué

L'objectif est d'évaluer le risque d'émergence d'OROV sous la forme de cas sporadique autochtone d'une part et épidémique d'autre part et ce, en Guyane et dans les Antilles françaises (Guadeloupe et Martinique).

Pour prendre en compte les aspects écologiques, géo-climatiques et démographiques spécifiques à la Guyane, et la possibilité de spill-over du virus de la Guyane Intérieur vers le Littoral (du cycle selvatiche vers le cycle urbain), nous avons différencié l'analyse de risque pour la zone Littoral d'une part, et la zone Intérieur d'autre part, comme représentées dans la carte en Figure 5. Le détail des communes incluses dans l'un ou l'autre des secteurs est fourni en Annexe A.

Figure 5. Division de la Guyane en zones Littoral et Intérieur pour les besoins de l'analyse de risque



Pour chacune de ces situations (zone et virus), nous avons différencié deux types d'émergence qui sont liés :

- l'occurrence de cas humains sporadiques, pouvant correspondre à des cas importés (importation dans la zone étudiée) ou à des transmissions de l'animal à l'Homme (spill-over), avec possibilité de transmissions interhumaines limitées à l'origine d'une ou deux générations de cas secondaires au plus ;
- l'occurrence d'une flambée épidémique due à une transmission interhumaine soutenue, (au-delà de deux générations) induite par des cas sporadiques infectés et virémiques malades ou asymptomatiques.

Ces différentes décompositions de la situation nous amènent donc à évaluer un total de valeurs de paramètre de risque (voir Tableau 2).

Tableau 2. Six niveaux de risque évalués dans ce rapport

Pour chaque région, nous évaluons le risque de cas humains sporadiques d'une part, et d'épidémie (avec transmission interhumaine soutenue) d'autre part, provoqués par OROV, en séparant les zones Intérieur ou Littoral pour la Guyane.

Type de risque	Guyane		Antilles françaises (Guadeloupe et Martinique)
	Zone Intérieur	Zone Littoral	Zones rurales et urbaines confondues
Risque de cas humains sporadiques	Niveau de risque n° 1	Niveau de risque n° 2	Niveau de risque n° 5
Risque d'épidémie (transmission interhumaine)	Niveau de risque n° 3	Niveau de risque n° 4	Niveau de risque n° 6

Mesure qualitative du risque et incertitude

Le caractère qualitatif et parcellaire des données relatives à cette saisine nous conduit à évaluer le risque de manière qualitative plutôt que quantitative. Pour chacun des 6 risques décrits plus haut (voir Tableau 2), notre objectif est d'attribuer un des niveaux (ou valeurs) de risque suivants (Plee et al. 2009) :

- Risque nul (0)
- Risque faible (1)
- Risque modéré (2)
- Risque élevé (3)

Ces valeurs sont établies sur la base de la littérature scientifique (articles publiés et littérature grise), ainsi que sur les connaissances d'experts à partir de consultations auprès de ceux-ci ou de réunions. Nous avons systématiquement recherché le consensus entre la littérature scientifique et la consultation multidisciplinaire (niveau de risque et incertitude).

En fonction de la quantité et de la qualité des données disponibles sur lesquelles s'appuyer et du degré de consensus scientifique, chacune de ces valeurs de risque est rattachée à un indice d'incertitude parmi les options suivantes (Anses 2020), définies plus précisément en Annexe A :

- incertitude faible (***)
- incertitude moyenne (**)
- incertitude forte (*)
- absence de données : on ne peut alors pas proposer de valeur de risque dans ce cas.

Décomposition du risque

Le risque d'émergence d'OROV est complexe à évaluer car il repose sur de nombreux facteurs virologiques, biologiques, écologiques, humains, environnementaux et sociaux.

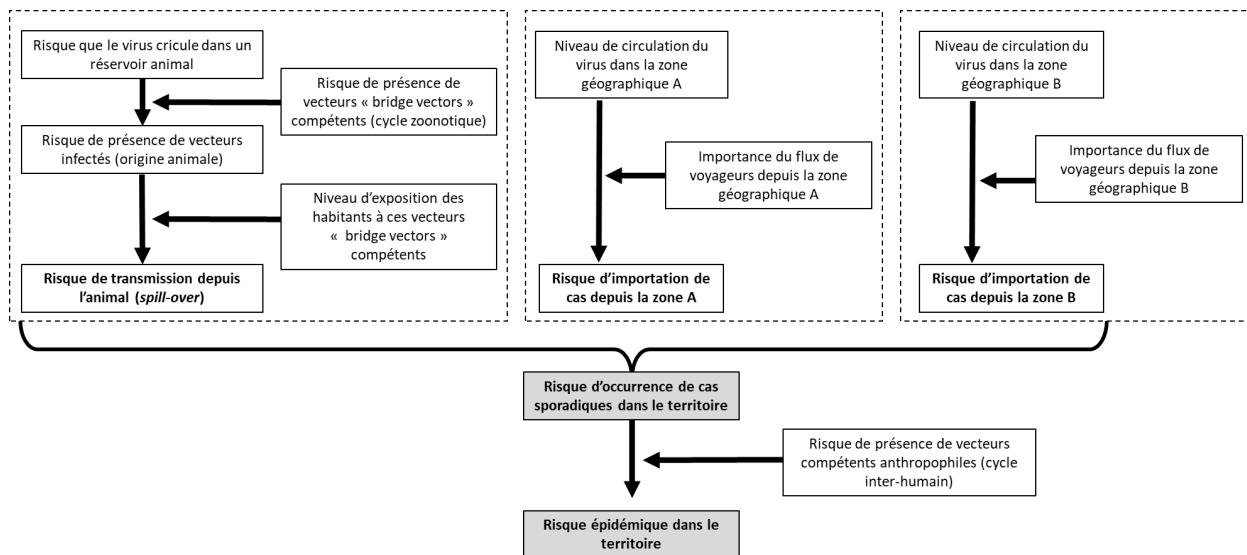
Nous avons décomposé chaque risque en sous-éléments pour lesquels il a été jugé possible d'y adjoindre un niveau de risque en y associant un indice d'incertitude, comme définies au paragraphe précédent. La combinaison de ces valeurs de risque permet d'estimer le risque d'émergence (voir logigramme en Figure 6), selon des règles détaillées en Annexe A.

Pour un virus donné dans une zone donnée (voir détails en Annexe A) :

- Le risque d'occurrence de cas sporadiques d'infection au virus dans ce territoire résulte :
 - du risque d'une transmission à l'Homme depuis l'animal ou spill-over et/ou,
 - du risque d'importation de cas humains dans la zone
- Le risque d'occurrence d'une flambée épidémique (chaîne de transmission sur plus de 2 générations) résulte de la combinaison :
 - du risque d'occurrence de cas sporadiques (précédemment estimé) et
 - de la probabilité que des vecteurs compétents anthropophiles soient présents dans la zone, et que les humains y soient exposés

Cette méthode consiste donc à combiner entre elles des valeurs qualitatives de risque (voir Figure 8), dont les règles de combinaison sont détaillées dans l'Annexe A.

Figure 6. Logigramme de l'analyse du risque d'émergence pour un virus donné dans un territoire donné



Analyse du risque en Guyane

Exposition de l'Homme aux vecteurs forestiers en Guyane : activités humaines en forêt

Avec un territoire recouvert à 90 % par la forêt, la vie des Guyanais implique de nombreuses activités forestières, qui peuvent être regroupées en trois grandes catégories :

- les activités de subsistance,
- les activités professionnelles,
- les activités récréatives.

Les activités de subsistance correspondent à des activités pratiquées traditionnellement par les communautés les plus anciennes de Guyane, dont l'objectif premier est l'autosubsistance : l'agriculture sur abattis, la chasse, la pêche et la cueillette. Les activités professionnelles en forêt incluent l'exploitation forestière, l'orpailage (légal et illégal), l'agriculture, la chasse, les activités militaires et des missions scientifiques ou d'entretien. Les activités récréatives en forêt, pratiquées majoritairement par les urbains du littoral, incluent randonnées, baignade dans les criques, nuits en carbet, chasse et pêche. Ces trois types d'activités sont détaillées en Annexe B.

Les habitants de l'Intérieur ont ainsi une interaction forte avec la forêt, que ce soit via les activités de subsistance du fait du mode de vie traditionnel basé sur la culture en abattis, la chasse, la pêche, la cueillette, ou via les activités professionnelles légales ou les activités illégales (orpailage...). Les habitants du Littoral ont en grande partie des activités en forêt, via les activités récréatives ou professionnelles, mais en proportion moindre que les habitants de l'Intérieur, et avec des activités qui se font en partie dans des forêts plus proches des villes et/ou plus anthropisées.

Concernant l'exposition aux vecteurs forestiers, l'espèce *Culicoides paraensis*, principal vecteur d'OROV, est davantage active l'après-midi (Romero-Alvarez et Escobar 2018). Concernant Cx. *Quinquefasciatus*, son activité est principalement nocturne (Chen CD et al. 2014). La quantification de l'exposition de l'Homme est néanmoins difficile et incertaine, les données étant très peu nombreuses.

Ainsi, le niveau d'exposition de l'Homme aux vecteurs forestiers (potentiels « bridge vectors » dans le cycle zoonotique), via ses activités en forêt, est donc qualifié d'élevé (avec un niveau d'incertitude fort) pour l'Intérieur, et de faible (avec un niveau d'incertitude fort) pour le Littoral (3*).

Flux de personnes depuis l'étranger vers la Guyane, et de l'Intérieur vers le Littoral au sein de la Guyane

Les mouvements migratoires légaux et illégaux vers la Guyane sont nombreux en provenance de pays sud-américains ou caribéens, en particulier depuis le Brésil et le Suriname (Insee 2006).

Le flux de voyageurs en provenance d'autres pays d'Amérique Latine, notamment ceux limitrophes de la Guyane, est donc considéré élevé (incertitude faible). 3***

Par ailleurs, les déplacements des habitants de l'Intérieur vers le Littoral sont limités par l'absence de routes. Pour autant des flux humains existent via les voies aériennes et les voies fluviales. On peut citer les habitants de Saül dont beaucoup font des allers-retours réguliers vers les communes du littoral pour pallier l'isolement et l'approvisionnement difficile du village ; les habitants du Maroni qui peuvent faire des allers-retours réguliers à Saint-Laurent ; les orpailleurs qui partagent leur vie entre les camps d'orpailage en forêt et des « villages » sur le littoral dont notamment un site proche de l'agglomération de Kourou (sur la route de Dégrad Saramaca). La densité de ces échanges reste néanmoins difficilement quantifiable.

Le flux de personnes voyageant de l'Intérieur vers le Littoral peut donc être estimé modéré (avec un niveau d'incertitude moyen). 2**

Analyse du risque d'émergence d'OROV en Guyane

Un logigramme récapitulatif de cette analyse de risque est présenté en fin de chapitre.

Présence d'espèces animales réservoirs d'OROV en forêt

Les spécialistes locaux, confirment la présence en Guyane d'espèces animales potentiellement réservoirs d'OROV : *Bradypus tridactylus*, *Sapajus appella*, *Proechimys guyannensis* et *P. guyannensis* (de Thoisy et al. 2003 ; Catzeflis 2020). Les 3 familles d'oiseaux citées comme jouant potentiellement un rôle dans la transmission d'OROV (*Fringillidae*, *Thaurapidae*, *Columbidae*) (voir section I.A.) sont largement présentes en Amérique du Sud. Ils confirment qu'aucune étude de séroprévalence de l'infection par OROV n'a été effectuée sur la faune sauvage guyanaise. Cependant, des études de séroprévalence, bien que peu nombreuses, effectuées principalement au Brésil, pays limitrophe avec la Guyane, ont mis en évidence la présence d'anticorps chez ces espèces animales (Sakkas et al. 2018 ; Romero-Alvarez et Escobar 2018). Ainsi les animaux des mêmes espèces présents en Guyane pourraient donc être aussi porteurs d'OROV.

Le niveau de risque de circulation d'OROV dans des espèces hôtes en forêt en Guyane (zones Intérieur et Littoral) correspond donc à un risque modéré, avec un niveau d'incertitude fort. 2*

Présence de vecteurs compétents pour la transmission d'OROV

Les entomologistes Jean-Bernard Duchemin (Institut Pasteur de la Guyane) et Johana Restrepo (Collectivité Territoriale de Guyane) ont été consultés concernant la présence et la répartition en Guyane des différentes espèces suspectées de jouer un rôle de vecteur dans la transmission d'OROV. Les informations qui suivent sont issues des échanges avec ces deux entomologistes et reposent sur de la bibliographie qui remonte aux années 1960 et sur les données de collectes réalisées plus récemment, généralement présentées dans des rapports (Talaga et al. 2015).

Le Tableau 3 ci-dessous résume l'état des connaissances sur la présence en Guyane des vecteurs connus ou suspectés (candidats vecteurs) d'OROV.

En milieu forestier, la présence des candidats vecteurs *Coquillettidia venezuelensis*, *Aedes (Ochleratus) serratus*, *Psorophora cingulata* et *Haemagogus tropicalis* a été rapportée dans la littérature. Le vecteur principal *Culicoides paraensis*, bien que principalement urbain ou semi-urbain, notamment dans les zones végétalisées, peut aussi être retrouvé en forêt ainsi que d'autre espèces du même genre. Ainsi, le vecteur principal, *Culicoides paraensis* et l'ensemble des candidats vecteurs d'OROV en milieu forestier, à l'exception de *Haemagogus tropicalis*, ont été identifiés dans différentes zones en Guyane, sur les fleuves, dans l'intérieur et sur le littoral.

Le risque de présence de vecteurs compétents pour l'OROV en forêt (cycle selvifique, zones Intérieur et Littoral) correspond donc à un niveau de risque élevé (incertitude moyenne).

En milieu urbain et péri-urbain, les candidats vecteurs anthropophiles (pour lesquels la littérature scientifique rapporte la capture de spécimens porteurs d'OROV), *Culicoides paraensis*, *Culex quinquefasciatus* (dont la compétence vectorielle mesurée au laboratoire semble faible) et *Ochleratus (Aedes) serratus*, ont été identifiés en Guyane. Cependant, *C. paraensis* n'est pas fréquemment retrouvé en Guyane mais sa distribution est mal connue et hétérogène, cela peut être lié à des biais d'échantillonnage (piégeages, disponibilité de l'expertise Culicoides). Les autres candidats vecteurs anthropophiles sont distribués largement dans les villes et villages de Guyane. A noter que les données de la littérature scientifique concernant *Cx. quinquefasciatus*, sont discordantes (voir section I.A.).

Le risque de présence de vecteurs potentiellement compétents anthropophiles en Guyane correspond donc à un niveau de risque élevé (incertitude forte).

Tableau 3. Présence en Guyane des candidats vecteurs dont le rôle a été évoqué ou suspecté dans la transmission d'OROV

Genre ou espèce	Présence en Guyane	Dans quels milieux en Guyane	Zones où l'espèce a été identifiée	Isolement viral* (IV) ou Compétence testée au labo. (CTL)	Implication possible dans le cycle selvatique et/ou le cycle urbain ?
<i>Culicoides paraensis</i>	Oui	Urbain, urbain semi- et selvatique	Historiquement à Cayenne, récemment à Saül	IV, CTL (compétent)	Cycle urbain Vecteur présumé en Guyane Responsable d'épidémies urbaines ailleurs qu'en Guyane
<i>Culex quinquefasciatus</i>	Oui	Urbain et rural	Tout le littoral, Maroni, Saül	IV, CTL (peu compétent)	Cycle urbain, voire aussi selvatique ; suspecté sans être démontré pour l'épidémie de Saül
<i>Ochleratus (Aedes) serratus</i>	Oui	Urbain	Cayenne, Cacao, Macouria, Kourou, Iracoubo, Régina, Saint-Laurent, Matiti, Trois Sauts, Grand Santi, Maripasoula	IV	Cycles urbain et selvatique
Autres <i>Culicoides</i>	Oui	Selvatique, semi-urbain	Plusieurs espèces présentes sur le littoral et sur les fleuves frontières (Maroni et Oyapock)		Hypothétique : Cycle selvatique
<i>Coquillettidia venezuelensis</i>	Oui	Selvatique, semi-urbain	Largement distribué sur tout le littoral, Saint-Georges de l'Oyapock et Kaw	IV	Cycle selvatique
<i>Psorophora cingulata</i>	Oui	Selvatique	Régina, Camopi, St-Georges et Saül	IV	Cycle selvatique
<i>Haemagogus tropicalis</i>	Non				

* IV : Isolement du virus ou du segment S du virus

Risque de cas sporadiques d'infection par OROV en Guyane

Cas sporadiques d'origine zoonotique

En combinant le risque que l'OROV circule au sein d'espèces animales sauvages en forêt (section III.B.3.a) et le risque que des vecteurs forestiers d'OROV, et notamment *Culicoides paraensis*, soient présents dans les forêts de Guyane (section III.B.3.b), le risque que des vecteurs infectés par l'OROV (« bridge vectors ») se trouvent en forêt guyanaise est considéré modéré (incertitude moyenne), dans les zones Intérieur et Littoral. 2**

Combiné à l'exposition humaine à ces vecteurs forestiers en Guyane (section III.B.1), on estime un risque modéré (incertitude forte) d'occurrence de cas sporadiques d'origine zoonotique (spill-over) dans la zone Intérieur, et un risque faible (incertitude forte) dans la zone Littoral.

Cas sporadiques importés

L'OROV, jusqu'au début des années 2020 a été détecté en Amérique du Sud et Centrale, de manière plus marquée dans le bassin amazonien. Des épidémies ont été rapportées au Brésil avant le début des années 2020, notamment dans les États de Para et de l'Amapa (voir section I.A) qui sont géographiquement proches de la Guyane, avec plus d'interactions que d'autres États. Mais il faut maintenant considérer la forte recrudescence épidémique d'Oropouche 2023-2024 dans les pays voisins au sein de zones déjà touchées dans le passé et la diffusion à de nombreuses nouvelles zones, notamment au Brésil et dans les Caraïbes (Cuba). (www.paho.org 2024). Cela nous amène à considérer un niveau de circulation d'OROV comme actuellement élevé (incertitude faible) dans les régions amazoniennes d'Amérique Latine (hors Guyane) et modéré dans la Caraïbe globalement (incertitude modérée) sauf à Cuba où il est élevé (incertitude faible).

En combinant ce niveau de circulation avec les flux humains depuis ces régions (voir section III.B.2), **on estime alors que le risque d'importation de cas humains d'infection par l'OROV de l'étranger (régions amazoniennes d'Amérique du Sud auquel d'ajoute Cuba) vers la Guyane (zones Intérieur et Littoral) est élevé (incertitude faible)**. 3 ***

De plus, le risque d'importation de cas humains depuis la zone Intérieur de la Guyane vers la zone Littoral est estimé modéré (incertitude moyenne) (voir section III.B.2). 2**

Risque global de cas sporadiques en Guyane

Ainsi, en Guyane, **le risque d'occurrence de cas sporadiques d'infection par l'OROV (par importations de cas et/ou spill-over) est estimé élevé (incertitude moyenne), dans les zones Intérieur et Littoral.** Ce niveau devra être réévalué en fonction de la situation épidémiologique et de l'évolution du virus (réassortiment) dans le reste de l'Amérique Latine et des connaissances sur les vecteurs compétents en Guyane.

Risque d'épidémie par OROV en Guyane

Une flambée épidémique serait provoquée par l'occurrence de cas sporadiques associée à la présence de vecteurs anthropophiles compétents, qui ensemble pourraient déclencher un cycle de transmission inter-humaine persistant et donc entraîner une succession de cas secondaires.

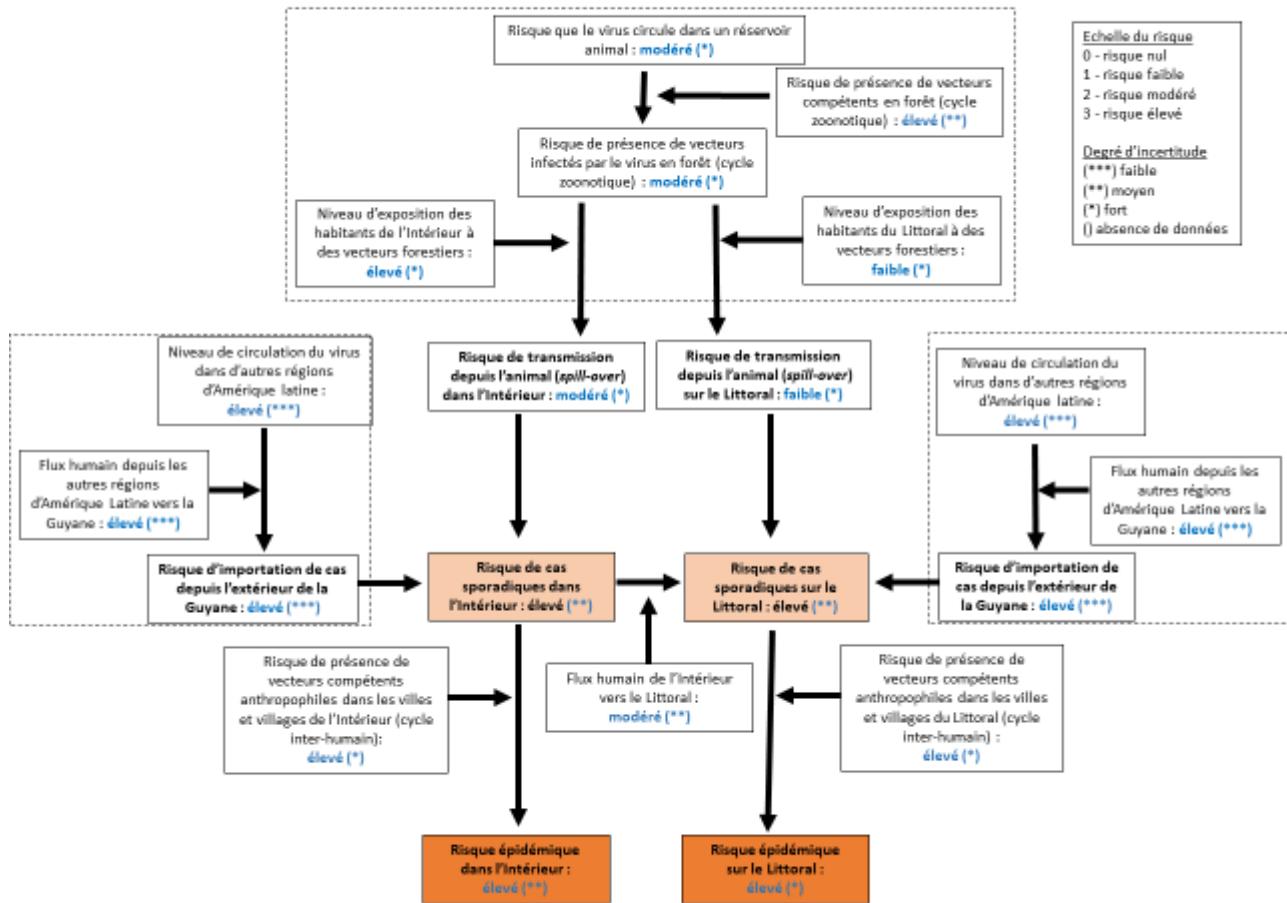
Le risque d'épidémie dépend donc de la combinaison entre le risque d'occurrence de cas sporadiques (section III.B.3.c) avec le risque que des vecteurs anthropophiles suffisamment compétents soient présents (voir section III.B.3.b).

Nous estimons ainsi un **risque élevé (incertitude forte) d'épidémie par l'OROV dans la zone intérieure et élevé dans la zone Littoral (incertitude forte).** L'analyse de ce risque peut être amenée à évoluer, en fonction (i) de la situation épidémique d'OROV en Amérique Latine, (ii) de la survenue de cas (en zone Intérieur) et (iii) de l'évolution des connaissances scientifiques (et notamment la compétence et/ou capacité vectorielle des vecteurs anthropophiles vis-à-vis d'OROV).

De plus, le risque épidémique est modulé par la proportion de personnes non immunisées contre le virus, dans la population : plus cette proportion est faible, plus le risque épidémique est fort (du point de vue du risque de survenue d'une épidémie et de l'ampleur de celle-ci le cas échéant). Cependant, aucune étude de séroprévalence n'a été faite en Guyane concernant l'OROV (excepté à Saül) faute d'outil sérologique facilement disponible. Si un outil venait à être développé, il serait très utile de mener ce genre d'étude pour estimer la part de personnes immunisées et comparer les données du Littoral avec l'Intérieur. Ce dernier argument pourra être amené à être reconsidéré par le fait que l'OROV réassorti à l'origine de l'épidémie 2023-2024, et du risque épidémique qui en résulte, aurait *in vitro*, la capacité à échapper à l'immunité acquise par les infections par les souches virales d'OROV qui ont circulé dans le passé (Scachetti et al 2024).

Logigramme récapitulatif

Evaluation du risque d'émergence du virus Oropouche en Guyane



Analyse du risque en Guadeloupe et en Martinique

Contexte géographique et sanitaire en Guadeloupe et en Martinique

Situé dans l'archipel des petites Antilles de la mer des Caraïbes, à proximité du continent américain, les Antilles françaises sont constituées de quatre territoires dont trois îles, la Martinique, Saint-Martin et Saint-Barthélemy et un archipel, la Guadeloupe. Les îles de Saint-Martin et Saint-Barthélemy, anciennes communes de la Guadeloupe sont devenues, respectivement, Collectivité d'outre-mer en 2007 et Pays et Territoires d'outre-Mer en 2012. Pour ces deux îles, situées au nord de la Guadeloupe, le risque n'a pas été spécifiquement analysé mais est considéré du même ordre que pour la Guadeloupe. La Guadeloupe est située au nord de la Martinique et l'île de la Dominique les sépare.

Les Antilles sont caractérisées par une activité touristique importante et par l'entrée de voyageurs par voie maritime et aérienne, majoritairement en provenance des îles voisines et des grandes villes d'Amérique du Nord, mais aussi de Guyane.

Dans les Antilles françaises, contrairement à la Guyane, la taille plus réduite du territoire nous conduit à ne pas découper l'analyse du risque d'émergence en zones géographiques, mais à combiner les zones urbaines et rurales en une analyse de risque unique.

a. Guadeloupe

Située à 2 176 km à l'est-sud-est de Miami (États-Unis) et à 6 732 km de Paris, la Guadeloupe est un archipel de six îles habitées : la Grande-Terre, la Basse-Terre, Marie-Galante, l'archipel des Saintes composé de Terre-de-Haut et Terre-de-Bas et la Désirade. Le département a une superficie totale de 1 628,4 km², est divisé en 32 communes et administré par la préfecture de Basse-Terre et la sous-préfecture de Pointe-à-Pitre. Sa population était estimée en 2020 à 379 707 habitants dont 30 % avaient moins de 25 ans (Insee 2021). La situation économique plus favorable de la Guadeloupe contraste avec la très grande pauvreté de plusieurs îles de la région des Caraïbes, entraînant des flux de migration économique.

b. Martinique

Située à 32 km au nord de Sainte-Lucie et à 41 km au sud-sud-est de la Dominique, la Martinique, a une superficie totale de 1 128 km². L'île est divisée en 34 communes et administrée par la préfecture de Fort-de-France et la sous-préfecture de Trinité. Sa population était estimée en 2020 à 359 821 habitants dont 27 % avaient moins de 25 ans (Insee 2021). Des échanges de populations, composées de touristes et d'Antillais, se font principalement avec le territoire national.

A noter que la Guadeloupe et la Martinique se caractérisent par un contexte socio-économique et sanitaire moins favorable que la moyenne nationale.

Flux de voyageurs depuis l'extérieur des Antilles françaises

Compte tenu du contexte géographique, des liens privilégiés (liaisons maritimes/aériennes) avec les îles de la Caraïbe et surtout la Guyane, le risque d'importation est estimé à partir de trois zones géographiques (voir Annexe A) :

- en provenance de la région Caraïbe sauf Trinidad et Tobago (dont les conditions écologiques et la faune sont plus proches de l'Amérique du sud que de la Caraïbe) ;
- en provenance de la Guyane ;
- en provenance des autres régions de l'Amérique latine en incluant Trinidad et Tobago.

Le niveau de risque dans chacune des zones est estimé à partir du risque épidémique dans la région d'importation et des flux de voyageurs vers les Antilles, en appliquant les règles de combinaison de risques (voir la section Méthodologie).

Les liaisons maritimes et aériennes entre les Antilles françaises et le reste de la Caraïbe sont régulières, notamment avec la République dominicaine (vols directs) et avec Cuba (vols avec escale en République dominicaine) de même qu'avec la Guyane française (continuité territoriale), d'où un flux de voyageurs considéré élevé (incertitude faible) en provenance de ces deux zones géographiques. En revanche, le flux de voyageurs en provenance d'Amérique du Sud (hors Caraïbe et Guyane) vers les Antilles françaises est considéré comme étant faible (incertitude faible).

Analyse du risque d'émergence d'OROV en Guadeloupe et Martinique

Un logigramme récapitulatif de cette analyse de risque est présenté en fin de chapitre.

Présence d'espèces animales réservoirs d'OROV

A notre connaissance, il n'y a pas d'étude publiée qui ait recherché des anticorps dirigés contre l'OROV dans la faune de Guadeloupe et de Martinique. Parmi les animaux cités comme réservoirs possibles du virus chez lesquels ces anticorps ont été retrouvés dans d'autres régions du monde (Amérique latine), notamment paresseux, primates non humains ou encore certains rongeurs et oiseaux, (voir section I.A), seuls certains oiseaux sont présents de manière plus ou moins abondante dans les Antilles françaises : des espèces appartenant aux *Columbidae* (pigeons, tourterelles) et aux *Fringillidae* (Organistes louis-d'or). Cependant, le rôle réel des oiseaux dans la transmission d'OROV est encore mal compris.

Par conséquent, le risque de circulation d'OROV dans un réservoir animal aux Antilles est estimé faible avec une incertitude forte.

Présence de vecteurs compétents et exposition humaine à ces vecteurs

En Guadeloupe, la présence de *C. paraensis* n'est pas documentée. Il manque donc des données pour statuer sur la présence de cette espèce dans l'île. Une étude menée à Marie-Galante, une île dépendant de la Guadeloupe, en 2006-2007 n'avait pas mis en évidence la présence de cette espèce (Delécolle 2007). D'autres espèces de *Culicoides* anthropophiles ont bien été identifiées en Guadeloupe, comme *C. furens*, plus connu sous le nom local de « yenyen », nuisant très agressif au crépuscule sur les plages et dans les mangroves (ARS Guadeloupe 2009). In fine, une incertitude forte demeure, à savoir si les espèces de *Culicoides* présentes en Guadeloupe pourraient transmettre l'OROV.

En Martinique, la présence sur le territoire du vecteur principal d'OROV, *C. paraensis*, est avérée. Certaines espèces de *Culicoides* (probablement *C. furens* et *C. paraensis*) seraient aussi à l'origine de la forte nuisance éprouvée par un grand nombre de foyers martiniquais. En plus de *C. furens* (espèce probablement majoritaire) et *C. hoffmani*, *C. paraensis* a été formellement identifié en Martinique par analyses moléculaires dans le cadre d'une collaboration avec le Cirad de Montpellier (Philibert et al. 2019) (Manuel Etienne, communication personnelle). Par ailleurs, l'espèce *Psorophora cingulata* est abondante sur l'île.

Par ailleurs, le moustique *Culex quinquefasciatus* est présent tant en Guadeloupe qu'en Martinique, même s'il semble mauvais transmetteur d'OROV (Mendocça et al. 2021).

L'émergence épidémique d'Oropouche à Cuba (PAHO 2024, Benitez AJ 2024, Toledo ME. 2024) indique la possibilité de transmission à l'Homme et interhumaine d'OROV dans les écosystèmes des îles des Caraïbes (un premier cas a été documenté à Haïti en 2014). Cependant, les enseignements

de l'épidémie à Cuba pour les territoires français des Caraïbes sont, en l'absence de données plus précises difficiles à tirer.

Ainsi, le risque que des vecteurs compétents soient présents, tant dans le cycle enzootique que dans le cycle urbain inter-humain, est considéré comme modéré (incertitude forte) en Guadeloupe et élevé (incertitude faible) en Martinique, de même que le niveau d'exposition des humains à ces vecteurs dans les deux îles. À noter que ni la présence du vecteur, ni l'exposition des humains au vecteur ne renseignent sur le statut infecté de ce dernier.

Risque de cas sporadiques d'infection par OROV dans les Antilles

Cas sporadiques d'origine zoonotique

Du fait du faible risque de circulation d'OROV dans un réservoir animal estimé dans la section III.C.3.a, nous estimons un risque faible (incertitude forte) qu'il existe dans les Antilles françaises (Guadeloupe ou Martinique) des populations de vecteurs qui ont été infectés par OROV à partir d'animaux réservoirs. **Le risque de transmission d'OROV depuis l'animal (spill-over) en Guadeloupe et en Martinique est par conséquent jugé faible (incertitude forte).**

Cas sporadiques importés

Dans la Caraïbe, après avoir été identifié la première fois à Trinidad et Tobago (Sakkas et al. 2018), l'ARN du virus a ensuite été détecté chez un cas enfant fébrile à Haïti dans le cadre d'un projet de recherche clinique dans une école (Elbadry, 2021). En 2024, l'infection par OROV a émergé à Cuba avec un fort développement épidémique mais dont l'importance réelle reste à préciser (PAHO, 2024 ; 2024). Par ailleurs, la capacité de surveillance d'Oropouche est incertaine dans les différents pays de la Caraïbe. Ainsi des importations à partir des pays épidémiques en 2023 et 2024, ont pu être manquées par les systèmes de surveillance, notamment lors des cycles épidémiques concomitants de dengue dans cette région, incluant la Martinique et la Guadeloupe où la surveillance d'Oropouche est en cours de déploiement.

Sur la base de ces éléments, nous considérons qu'en 2024, le niveau de circulation d'OROV dans la région Caraïbe comme modéré voire élevé (incertitude faible). Ce risque avait été jugé faible dans la première version d'analyse de risque de Santé publique France (Santé publique France, document de travail, 2020).

En Guyane, l'OROV a été détecté uniquement et pour la première fois à Saül en 2020 (voir section II.B), bien qu'il ne soit pas exclu que des cas n'aient pas été détectés du fait de l'absence de symptômes spécifiques et de tests jusque récemment. Par conséquent, le niveau de circulation d'OROV en Guyane est considéré actuellement faible (incertitude forte).

Enfin, en Amérique du Sud (inclus Trinidad et Tobago mais excluant Caraïbe et Guyane), la circulation du virus s'est accélérée et élargie à des zones non touchées jusque-là avec une intensité (incidence) nettement supérieure aux décennies précédentes (du moins au Brésil, Scachetti et al. 2024 ; Naveca et al. 2024 ; PAHO, 2024). La population touchée et exposée est donc bien importante et diffuse en particulier en zone urbaine et péri-urbaine (Romero-Alvarez et al. 2023).

Les niveaux de flux de voyageurs cumulés depuis ces trois zones géographiques (Amérique latine, Caraïbe et Guyane) vers les Antilles françaises sont importants (cf. détails dans la section III.C.2).

Ainsi, par la règle des croisements de risque, le risque d'importation de cas humains d'infection à OROV vers la Guadeloupe et la Martinique peut être actuellement estimé comme :

- modéré (voire élevé selon l'intensité de l'épidémie et des échanges avec Cuba via la République dominicaine) (incertitude faible) en provenance de la Caraïbe (exceptée Trinidad et Tobago)
- faible (incertitude forte) en provenance de la Guyane, sauf si cas ou épidémie en Guyane où le risque deviendrait élevé (avec une incertitude moyenne)
- élevé (incertitude faible) en provenance des autres régions d'Amérique Latine.

Risque global de cas sporadiques aux Antilles

Ainsi, dans les Antilles françaises (Guadeloupe et Martinique), **le risque de cas sporadiques d'infection par OROV résultant d'un spill-over à partir du cycle selvatique est considéré comme faible (incertitude forte). Par contre, le risque de survenue de cas sporadiques** suite à l'importation de cas infectieux à partir des foyers d'Amérique Latine, des Caraïbes, notamment Cuba, est élevé (incertitude faible) pour la Martinique et pour la Guadeloupe.

Risque d'épidémie par OROV dans les Antilles

Le risque d'épidémie dépend de la combinaison entre le risque d'occurrence de cas sporadiques d'OROV dans les Antilles françaises (par spill-over mais surtout par importations de cas, voir section III.C.3.c) avec le risque que des vecteurs anthropophiles dans cette zone soient suffisamment compétents et abondant pour soutenir une épidémie (voir section III.C.3.b).

En 2024 avec la survenue d'épidémies importantes en Amérique du Sud et d'ampleur à Cuba, nous estimons que le risque de flambées épidémiques d'OROV comme élevé (incertitude faible) en Martinique et modéré mais plus incertain en Guadeloupe (risque modéré avec incertitude forte) du fait d'un manque de documentation sur les vecteurs³. En cas d'épidémie d'OROV en Guyane ce risque serait de même niveau pour ces deux territoires.

Il faut noter que de nouvelles données locales sur la compétence de certains vecteurs anthropophiles largement présents dans la région, dont *Culex quinquefasciatus* et *Aedes aegypti*, vecteur principal de la dengue, permettraient de préciser cette analyse, ce d'autant que l'épidémie dans la région amazonienne est due à un OROV réassorti qui a été responsable de l'épidémie de Guyane de 2020. Il devient donc important et urgent d'évaluer la compétence vectorielle pour différents génotypes viraux dans ces études.

³ À noter que pour la Guadeloupe, le facteur limitant l'appréciation du risque est le manque de connaissances sur les vecteurs présents. Avec ce fort niveau d'incertitude, la différence entre un risque modéré et élevé devient très relative.

Logigramme récapitulatif

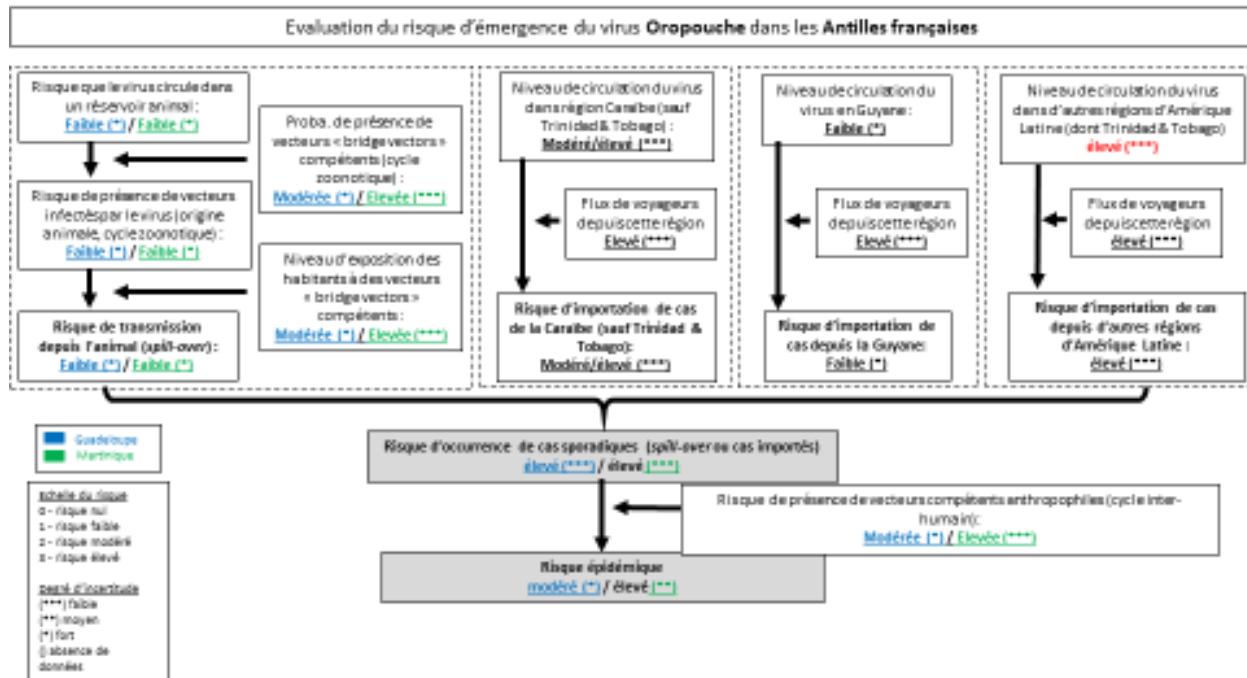


Tableau récapitulatif du risque d'émergence

Tableau 6. Récapitulatif du risque d'émergence des OROV en Guyane et dans les Antilles

	Guyane		Antilles françaises
	Intérieur	Littoral	
Risque de cas sporadiques	Risque élevé (incertitude moyenne)		Risque élevé (incertitude faible) en Martinique et en Guadeloupe
Risque d'épidémie	Risque élevé (incertitude forte)	Risque élevé (incertitude forte)	Risque élevé en Martinique (incertitude faible) et modéré en Guadeloupe (incertitude forte)

Discussion

L'évolution de la dynamique épidémique urbaine en Amérique du Sud et dans la Caraïbe en 2023 et 2024 confirme la forte capacité évolutive d'OROV et sa propension à étendre sa diffusion au-delà du bassin amazonien et dans la Caraïbe, incluant les territoires Français de Guyane et des Antilles sous forme de cas sporadiques, de petits foyers, voire d'épidémies en fonction de la présence de vecteurs compétents. L'évolution marquée de l'épidémiologie de l'infection à OROV en Amérique du Sud et dans la Caraïbe en 2023 et 2024 nous a amené à rehausser sensiblement, en août 2024, le risque pour la Guyane et les Antilles pour Oropouche par rapport à l'analyse de risque de 2020 (données Santé publique France non publiées, 2024). Les incertitudes demeurent cependant importantes.

En Guyane, le risque de cas sporadiques OROV est élevé (incertitude moyenne) tant dans les territoires de l'Intérieur que du Littoral. Le risque d'épidémie est élevé pour la zone Intérieur (incertitude moyenne) et élevé pour la zone Littoral (incertitude forte).

Pour les Antilles, le contexte épidémiologique 2023-2024 en Amérique du Sud et dans la Caraïbe, nous a amené à estimer un risque épidémique élevé pour la Martinique et modéré pour la Guadeloupe en août 2024 avec une incertitude faible pour la Martinique et forte pour la Guadeloupe. L'incertitude forte pour la Guadeloupe du fait de manque de données doit relativiser la comparaison du niveau de risque entre les deux îles. Le comblement des connaissances sur les vecteurs du genre Culicoides en Guadeloupe devient prioritaire dans le contexte épidémique actuel.

Cependant, les risques estimés en août et décembre 2024 sont amenés à évoluer. Ils sont fortement dépendants de la situation épidémiologique dans les territoires avec lesquels ont lieu des échanges, nécessitant une veille internationale régulièrement actualisée. Ainsi, les niveaux de risques pourront être requalifiés à la baisse ou à la hausse dans les années à venir.

Cette analyse de risque est dépendante de l'évolution des connaissances scientifiques. Les incertitudes sont importantes, témoignant des données scientifiques parcellaires à ce jour concernant virus, hôtes et vecteurs, mais aussi leurs interactions. Plus particulièrement, les connaissances sur les conditions écologiques, les vecteurs, les cycles de transmission potentiels pour les infections par OROV dans les territoires guyanais et antillais sont très limités. Cela justifie la poursuite et la mise en place d'études sur les cycles d'OROV (selvatiques et urbains), les vecteurs (inventaire, compétence vectorielle, surveillance entomologique) et les réservoirs animaux et d'un soutien aux équipes en place, et au développement de collaborations interdisciplinaires et internationales régionales.

Par ailleurs nous n'avons pas conduit une revue systématique, selon le référentiel PRISMA, de la littérature scientifique sur le risque et les conditions d'une émergence épidémique par OROV en Guyane et aux Antilles. Une telle revue systématique avec analyse critique des travaux publiés aurait nécessité un travail d'au moins 6 mois pour plusieurs personnes (2 ou 3) à temps plein. Notre revue documentaire, dans un temps imparti et avec des ressources réduites s'apparente avant tout à une revue de cadrage. Elle a permis d'identifier les premiers éléments de compréhension de l'émergence épidémique récente des infections à OROV en Amérique du Sud et dans la Caraïbe pour à la fois estimer le risque dans le CFAs en août et faire des premières recommandations à court et moyen terme.

Les évolutions que connaît la Guyane (croissance démographique, circulation et voyage des personnes en Amérique latine et dans la Caraïbe, empiètement sur la forêt, anthropisation, augmentation de la densité de la population urbaine) ajoutée aux effets du changement climatique contribuent certainement, par analogie à l'expansion constatée en Amérique du Sud, à l'accentuation du risque épidémique.

Les évolutions des virus pourraient contribuer à faciliter la transmission par les vecteurs et candidats vecteurs identifiés. Concernant l'OROV, il existe un fort risque évolutif du fait des événements de recombinaison par réassortiment, comme dans le cas du virus Iquitos (Aguilar et al. 2011 ; Hontz et al. s. d.). C'est l'émergence d'un OROV réassorti (apparu aux environs de 2015) qui est responsable des flambées épidémiques de 2023-2024 (après une période de diffusion non détectée) au Brésil et dans les autres pays touchés d'Amérique du Sud et de la Caraïbe. Ce nouveau sous-lignage a par ailleurs été identifié rétrospectivement responsable d'une épidémie au Brésil en 2015 et de l'épidémie de Saül en Guyane de 2020 (Naveca et al. 2024) décrite en détail dans ce rapport. Les premières recherches sur ce nouveau virus indiquent une possible augmentation de sa réPLICATION et échappement immunitaire à la protection acquise par l'infection par les OROV ayant circulé auparavant (Schachetti et al. 2024, Naveca et al. 2024).

Nous n'avons pas considéré le risque lié à l'introduction de *Culicoides* compétents importés qui dans les CFAs pourrait ainsi augmenter le risque de transmission d'OROV si l'implantation en été réussie et/ou si ces *Culicoides* ainsi importés seraient infectés par OROV. Le rôle de la dispersion par les vents des populations de *Culicoides* au-dessus des masses d'eaux ou sur terre est bien décrit et connu dans le cas des épizooties de FCO ou de MHE. Il a été en effet montré que des populations de *Culicoides* pouvaient être transportés sur de très grandes distances sur terre et au-delà des mers en des temps courts (36 heures) par les vents. Cette dispersion est favorisée par des conditions météorologiques et par des fortes abondances de *Culicoides* favorables et a permis l'implantation des populations de *Culicoides* dans des régions non colonisées, voire l'introduire des individus infectés par le virus de la FCO. Des travaux de modélisation mathématique de la dispersion par les vents décrivent les événements d'introduction à l'origine des épizooties (Burguin L et al. 2013 ; Kelso JK et al. 2014), avec des compléments apportés par les enquêtes entomologiques ou des études de génétique des populations. En France, la colonisation de *C. imicola* dans l'est des Pyrénées aurait résulté d'un évènement de dispersion à partir de la Corse (Jacquet et al. 2015). Des phénomènes similaires ont été documentés entre d'autres régions du monde, notamment entre Cuba et la Floride État (Sellers RF et al. 1982), entre l'Australie et l'Indonésie, en particulier l'île Timor avec un facteur saisonnier, février étant le principal mois de dispersion vers l'Australie (Eagles D et al. 2023), dans les pays Nordiques (Hendrick G et al. 2006), entre la Grèce et la Bulgarie (Ducheyne E et al 2007), en Italie à partir de la Tunisie (Aguilar-Vega C et al. 2019), vers la Sardaigne (Bibard A et al. 2024), et vers le Royaume Uni (Burguin L et al. 2017). Aucune étude publiée n'a pour le moment testé cette hypothèse pour l'OROV et *C. paraensis* notamment pour les îles de la Caraïbe, en particulier les Antilles Françaises.

Enfin, le risque posé par OROV pour des territoires français hors Guyane et Antilles (La Réunion, Mayotte) n'a pas été évalué mais ne doit pas être négligé. L'état des connaissances sur la diversité faunistique du genre *Culicoides* a été étudié et mis à jour récemment dans les deux territoires français de l'océan indien (Grimaud Y et al. 2019, 2021 ; Garros C et al. 2019).

RECOMMANDATIONS

Études

Afin de dissiper certaines des incertitudes soulevées dans ce rapport et préciser le risque pour la santé humaine lié à OROV, des études sont nécessaires concernant le virus, les hôtes et les vecteurs.

Concernant les vecteurs, il apparaît nécessaire de mener :

- des collectes avec des méthodologies appropriées à l'écologie des vecteurs pouvant être impliqués (en particulier *Culicoides*) pour compléter l'inventaire des espèces présentes pouvant transmettre OROV dans les différents environnements des CFAs et de les compléter par des collectes lors d'épidémie avec recherche du virus (ANSES, 2024). Ces études pourraient être conduits dans les différents CFAs avec une approche méthodologique commune et, si possible s'intégrer dans des consortiums régionaux pour prendre en compte les variabilités des territoires, des habitats, de la biodiversité, du contexte social... ;
- davantage d'études concernant la compétence des vecteurs potentiels (notamment *Culex quinquefasciatus*..., explorant une variété de génotypes viraux et d'OROV réassortis) et de souches vectorielles. Ces études de compétence vectorielle pourraient aussi inclure les candidats-vecteurs suspectés dans les foyers épidémiques. Il faut rappeler l'importance d'utiliser des méthodologies standardisées pour faciliter les comparaisons et l'analyse des données générées par les différentes institutions impliquées dans ces évaluations, afin de produire des preuves de concept multi-sites ;
- des travaux sont aussi nécessaires sur : la biologie et l'écologie de *C. paraensis* et des autres vecteurs potentiels dans les CFAs, les modalités et les bonnes pratiques de la surveillance entomologique sur le terrain, l'importation par le vent de *Culicoides* contaminés de pays voisins et les méthodes de lutte antivectorielle. Des approches intégrées pour profiter de l'expérience acquise dans le secteur vétérinaire (FCO, MHE, Schmallenberg) devront être recherchées.

Concernant le réservoir animal, les études suivantes permettraient de mieux comprendre le cycle enzoonotique du virus :

- des études sérologiques pour caractériser les populations animales les plus exposées à l'infection et les conditions de leur infection. Des enquêtes sérologiques répétées ou longitudinales pourraient permettre de mieux comprendre quelles espèces animales ont un rôle de réservoir plutôt que des enquêtes transversales menées à un instant précis ;
- des études de compétence d'hôte (suivi de virémie, d'excrétion ou autres indicateurs) pour explorer le rôle des différentes espèces animales dans le cycle de transmission du virus : réservoirs, hôtes accidentels, hôtes cul-de-sac, etc.

Concernant les virus :

- l'intensité et la durée de la virémie et de la période infectieuse chez l'Homme d'OROV nécessiteraient d'être mieux documentées qu'elles ne le sont à ce jour, en particulier en fonction des génotypes et des nouveaux sous-lignages.
- une évaluation de la fréquence des formes infracliniques, notamment lors d'études sérologiques, d'investigation d'épidémie ou de suivi de cohortes de personnes exposées au risque de transmission seraient très utile, sachant que ces paramètres peuvent influencer sensiblement la transmission.

- par ailleurs, les études de séroprévalence chez l'Homme (combinées si possible avec des études chez l'animal), comme celle menée pour Mayaro en Guyane (Hozé et al. 2020), permettent de reconstruire en partie l'historique de la force d'infection par OROV, et d'évaluer le pourcentage de la population présentant une protection partielle conférée par des anticorps. De telles études pourraient être menées dans les Antilles françaises à la fois pour les OROV et Mayaro ainsi qu'en Guyane (pour l'OROV) au sein de consortiums régionaux. Pour cela, une technique sérologique validée et adaptée est nécessaire, la séroneutralisation seule pouvant s'avérer trop lourde. Ces études de séroprévalence pourraient contribuer à évaluer le pourcentage d'asymptomatiques (cf. ci-dessus) et ainsi à préciser le tableau clinique de l'infection.

Outils diagnostiques

Concernant les outils diagnostiques, il apparaît actuellement nécessaire de :

- développer et valider des tests sérologiques pour l'OROV pour soutenir l'identification des cas humains, à disposition des laboratoires experts (CNR) et hospitalier, notamment pour le diagnostic rétrospectif d'éventuelles formes materno-fœtales identifiées pendant la grossesse ou lors de l'accouchement. Il importe aussi de prendre en compte la performance des tests existants pour les virus réassortis ;
- il serait également intéressant de disposer d'outils diagnostiques adaptés aux conditions de terrain, par exemple de type LAMP (Loop-mediated isothermal amplification) qui peuvent être réalisés par les praticiens au chevet du patient, ainsi que de screening multiplex rapide (PCR microfluidique), PCR digitale ou encore d'essais multi-espèces.

Dispositif de surveillance

L'étude des épisodes passés d'émergence et de dispersion des maladies, en lien avec les activités humaines, a permis l'élaboration et l'évolution de dispositifs de surveillance et d'alerte précoce, consistant en des réseaux d'échange continu de données sanitaires. Dans le cas des maladies vectorielles avec réservoir animal, comme dans le cas de la surveillance West Nile, ces dispositifs de surveillance et d'alerte se doivent d'être intersectoriels et intégrés et ainsi mobiliser des acteurs d'horizons variés pour une surveillance concertée des compartiments humains, animaux, vectoriels et environnementaux. L'émergence du risque lié à OROV implique de renforcer les dispositifs intégrés de la surveillance des maladies vectorielles, focalisés principalement sur les arboviroses à transmission interhumaine par Aedes sur les territoires des Antilles et de la Guyane (Dengue, chikungunya, zika) et pour la fièvre Jaune en Guyane.

La formalisation d'un tel dispositif de surveillance intégrée devrait prioritairement permettre de mieux évaluer régulièrement le risque, notamment en fonction de la circulation d'OROV en Amérique du Sud et de la Caraïbe, de s'y préparer, d'anticiper les possibles épidémies et de les détecter le plus précocement possible.

Contrôle et prévention

- Des travaux, notamment de modélisation seraient utiles pour évaluer l'impact et le fardeau potentiel clinique et économique d'Oropouche dans les CFAs selon des scénarios d'émergence et explorer l'impact potentiel des outils de contrôle les mieux adaptés à ce virus et ses vecteurs : protection individuelle, approche communautaire, lutte anti-vectorielle...

- En l'absence de vaccin, la prévention doit reposer sur des mesures individuelles de protection et comportementales ainsi que des interventions collectives de promotion de la santé, basées sur la participation communautaire et adaptées aux vecteurs d'OROV et leur variété. Ces interventions doivent être développées dans l'optique une mise en œuvre à l'échelle de la population. (HCSP 2024). Pour cela, il convient de prendre en compte l'écologie, le comportement et l'interaction avec l'Homme et l'environnement du (des) vecteur(s), en particulier *C. paraensis* (Feitoza et al 2023, Gräf T et al 2024 ; Postigo-Idalgo I. 2024). La stratégie de prévention doit s'inscrire dans le contexte social et culturel des CFAs en lien étroit avec ce qui existe pour les autres vecteurs (*Aedes aegypti*) dont l'écologie diffère, impliquer les acteurs locaux avec la participation active des communautés concernées et devront faire l'objet d'évaluation en condition de terrain. Les recherches en sciences humaines et sociales ont ici un rôle important à jouer. Dans une perspective d'évaluation de ces stratégies, la participation à des essais d'intervention communautaires multicentriques est à envisager pour tester les stratégies de prévention et de contrôle dans le cadre de consortium internationaux dans la région (Amérique du Sud, Caraïbe).
- L'altération des écosystèmes et de la biodiversité associée à l'évolution climatique sont des facteurs clés dans les évolutions à la forte hausse des infections vectorielles constatées depuis plusieurs décennies, incluant l'OROV. Il apparaît donc essentiel de s'inscrire dans des politiques globales de respect, de préservation et de protection des écosystèmes et de la biodiversité, afin de limiter à l'avenir le risque d'émergences et de foyers épidémiques tel que promues par le projet Européen BCOMING⁴.

⁴ <https://bcoming.eu/>

CONCLUSION

Cette analyse de risque qualitative d'importation et d'instauration de chaînes de transmission et ainsi qu'une épidémie d'infection à virus OROV dans les départements français d'Amérique a été conduite dans un contexte épidémique sans précédent dans et au-delà du bassin amazonien, incluant la Caraïbe. Elle a estimé un risque élevé en août, confirmé en décembre 2024 en Guyane et aux Antilles. Le niveau d'incertitude de cette analyse du risque est lié aux manques de connaissances du cycle de transmission, des vecteurs et de leur écologie dans ces territoires. Si l'émergence d'un virus réassorti émergent est un facteur déterminant l'épidémie de 2024 en Amérique latine, les facteurs environnementaux, le changement climatique, la mobilité humaine et l'altération profonde de la biodiversité jouent un rôle tout aussi important. Il importe de souligner que le système vectoriel impliqué dans la transmission d'OROV est tout à fait différent de des principales arboviroses touchant les CFAs (DENV, CHIKV, ZIKV transmis par *A. aegypti*), un système sur lequel les acteurs locaux ont moins de connaissance et expérience. La revue de la littérature scientifique qui a soutenu cette analyse de risque a en particulier permis d'identifier des besoins de connaissances qu'il importe de combler, tout particulièrement sur les vecteurs compétents principaux (genre *Culicoides*) et secondaires l'OROV dans ces territoires (inventaire des vecteurs, compétence vectorielle pour OROV, écologie...). L'analyse de risque a permis de faire des recommandations d'options de gestion à court et moyen terme pour la préparation à la réponse à une émergence épidémique dans ces territoires. Ces mesures de préparation à la menace doivent naturellement s'articuler avec le PSAGE dengue pour adapter les dispositifs de veille et surveillance, la stratégie et capacité de diagnostic locales, la lutte anti vectorielle, la préparation du système de soin et des soignants, la communication, la mobilisation sociale etc). Le risque d'émergence dans les territoires français d'outre-mer étant très dépendant de la dynamique épidémique dans la région, il devra être révisé en fonction de l'évolution épidémique régionale dans les mois et années à venir.

Bibliographie

Agren, E. C., Burgin, L. E., Lewerin, S. S., Gloster, J. & Elvander, M. Possible means of introduction of bluetongue virus serotype 8 (BTV-8) to Sweden in August 2008: comparison of results from two models for atmospheric transport of the Culicoides vector. *Vet Rec* 167, 484–488 (2010)

Aguilar-Vega C, Fernández-Carrión E, Sánchez-Vizcaíno JM. The possible route of introduction of bluetongue virus serotype 3 into Sicily by windborne transportation of infected Culicoides spp. *Transbound Emerg Dis.* 2019;66:1665–1673. <https://doi.org/10.1111/tbed.13201>

Aguilar, Patricia V., Alan D. Barrett, Mohammad F. Saeed, Douglas M. Watts, Kevin Russell, Carolina Guevara, Julia S. Ampuero, et al. 2011. « Iquitos Virus: A Novel Reassortant Orthobunyavirus Associated with Human Illness in Peru ». *PLOS Neglected Tropical Diseases* 5 (9): e1315. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0001315>

Anses. 2020. « Avis et rapport de l'Anses relatif au rôle potentiel des arthropodes présents en France métropolitaine dans la transmission du virus de la peste porcine africaine (PPA) »

ANSES. 2024. Avis de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail relatif à « la lutte contre les culicoïdes aux Antilles françaises et en Guyane en cas de circulation du virus Oropouche »

ARS Guadeloupe. 2009. « Guide pour l'élaboration des plans communaux de lutte contre les moustiques et de prévention des maladies vectorielles ». Agence régionale de santé Guadeloupe. <https://www.guadeloupe.ars.sante.fr/media/27091/download>

Bandeira AC, Pereira FM, Leal A, et al. 2024. Fatal Oropouche Virus Infections in Nonendemic Region, Brazil, 2024. *Emerg Infect Dis.* 2024 Sep 13;30(11). doi: 10.3201/eid3011.241132. Online ahead of print. PMID: 39269651

Barbiero A, Formica G, Mantovani RP, Accordini S, Gobbi F, Spinicci M, Colao MG, Pollini S, Ciccone N, Rossolini GM, Bartoloni A, Zammarchi L, Castilletti C. Persistent Oropouche virus viremia in two travellers returned to Italy from Cuba, July 2024. *J Travel Med.* 2024 Dec 3:taae148. doi: 10.1093/jtm/taae148. Epub ahead of print. PMID: 39673514

Benitez AJ, Alvarez M, Perez L, Gravier R, Serrano S, Hernandez DM, et al. Oropouche fever, Cuba, May 2024. *Emerg Infect Dis.* 2024 Oct [date cited]. <https://doi.org/10.3201/eid3010.240900>

Bibard A, Martinetti D, Giraud A, Picado A, Chalvet-Monfray K, Porphyre T. Quantitative risk assessment for the introduction of bluetongue virus into mainland Europe by long-distance wind dispersal of Culicoides spp.: A case study from Sardinia. *Risk Anal.* 2024 Jul 2. doi: 10.1111/risa.14345

Blancodini, P. 2005. « La forêt guyanaise française : entre valorisation et protection ». Document. 2005. <http://geoconfluences.ens-lyon.fr/informations-scientifiques/dossiers-thematiques/developpement-durable-approches-geographiques/corpus-documentaire/la-foret-guyanaise-francaise-entre-valorisation-et-protection>

Bloomfield, L. S. P., McIntosh, T. L., & Lambin, E. Why deforestation and extinctions make pandemics more likely. *Nature*, 2020. https://www.nature.com/articles/d41586-020-02341-1_635_636_39

Burgin L et al. 2013. Investigating Incursions of Bluetongue Virus Using a Model of Long-Distance Culicoides Biting Midge Dispersal. *Transboundary and emerging diseases.* 60 (2013) 263–272

Burgin L, Ekström M, Dessai S. Combining dispersion modelling with synoptic patterns to understand the wind-borne transport into the UK of the bluetongue disease vector. *Int J Biometeorol.* 2017 Jul;61(7):1233-1245. doi: 10.1007/s00484-016-1301-1

Carvalho VL, Azevedo RSS, Carvalho VL, Azevedo RS, Henriques DF, Cruz ACR, Vasconcelos PFC, Martins LC. Arbovirus outbreak in a rural region of the Brazilian Amazon. *J Clin Virol.* 2022 Jun;150-151:105155. doi: 10.1016/j.jcv.2022.105155. Epub 2022 Apr 6. PMID: 35405330

Castilletti C, Huits R, Passarelli Mantovani R, Accordini S, Alladio F, et al. Replication-competent Oropouche virus in semen of a traveler returning to Italy from Cuba, 2024. *Emerg Infect Dis.* 2024 Nov . <https://doi.org/10.3201/eid3012.241470>

Catzeffis, François. 2020. « Liste des Mammifères de Guyane française (février 2020) ». http://www.sfepm.org/pdf/MAMM-GUYANE_Catzeffis_fev2020.pdf

Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Oropouche, Arbonet, bilan au 24 septembre 2024. <https://www.cdc.gov/oropouche/data-maps/current-year-data.html>)

Chen CD, Leeb HL, Lau KW. Biting behavior of Malaysian mosquitoes, *Aedes albopictus* Skuse, *Armigeres tessellatus* Ramalingam, *Culex quinquefasciatus* Say, and *Culex vishnui* Theobald obtained from urban residential areas in Kuala Lumpur. *Asian Biomedicine* Vol. 8 No. 3 June 2014; 315 - 321
Chiang, Jennifer O., Rafael S. Azevedo, Maria C. A. Justino, Haroldo J. Matos, Hideraldo L. S. Cabeça, Sandro P. Silva, Daniele F. Henriques, et al. 2021. « Neurological disease caused by Oropouche virus in northern Brazil: should it be included in the scope of clinical neurological diseases? » *Journal of Neurovirology* 27 (4): 626-30. <https://doi.org/10.1007/s13365-021-00987-9>

Colavita F, Carletti F, D'Abromo A, Nicastri E, Maggi F; INMI Arbovirosi Group. Prolonged detection of Oropouche virus RNA in whole blood samples. *Lancet Infect Dis.* 2025 Jan;25(1):e11-e12. doi: 10.1016/S1473-3099(24)00798-9. Epub 2024 Dec 6. PMID: 39653052

Gourjault C, Pezzi L, Doudier B, Minodier P, Klutting R, Cano P, Ayhan N, Touret F, Grard G, Durand GA, Driouch JS, Luciani L, Nougarde A, Lagier JC, de Lamballerie X, Cassir N. Persistence of Oropouche virus in body fluids among imported cases in France, 2024. *Lancet Infect Dis.* 2024 Dec 19:S1473-3099(24)00815-6. doi: 10.1016/S1473-3099(24)00815-6. Epub ahead of print. PMID: 39709970

das Neves Martins fE, Chiang JO, Nunes BTD et al. Newborns with microcephaly in Brazil and potential vertical transmission of Oropouche virus: a case series. *Lancet Inf Dis* 2024 [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(24\)00617-0](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(24)00617-0)

Delécolle, JP. 2007. « Étude des Ceratopogonidae (Diptera: Nematocera) de Marie-Galante (Guadeloupe) ». Strasbourg: Institut de Parasitologie et de Pathologie Tropicale

de Armas Fernández JR, Peña García CE, Acosta Herrera B et al. 2024. Report of an unusual association of Oropouche Fever with Guillain-Barré syndrome in Cuba, 2024. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis.* 2024 Sep 14. doi: 10.1007/s10096-024-04941-5. Online ahead of print

Deiana M et al. Full Genome Characterization of the First Oropouche Virus Isolate Imported in Europe from Cuba. *Viruses* 2024, 16, 1586. <https://doi.org/10.3390/v16101586>

De Melo Iani FC, Pereira FM, De Olievera EC et al. Rapid Viral Expansion Beyond the Amazon Basin: Increased Epidemic Activity of Oropouche Virus Across the Americas. <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2024.08.02.24311415v2>

Ducheyne, E. et al. Quantifying the wind dispersal of Culicoides species in Greece and Bulgaria. *Geospat Health* 1, 177–189 (2007)

DREES. 2014. « Recueil d'indicateurs régionaux - Offre de soins et état de santé édition 2014. » Hors collection (1999-2015). <https://drees.solidarites-sante.gouv.fr/publications-sources-outils-et-enquetes/hors-collection-1999-2015/recueil-dindicateurs-regionaux>

Duchemin JB. Communication personnelle. Décembre 2024

Durango-Chavez HV, Toro-Huamanchumo CJ, Silva-Caso W, et al. Oropouche virus infection in patients with acute febrile syndrome: is a predictive model based solely on signs and symptoms useful? PLoS One 2022; 17: e0270294

Eagles, D., Walker, P., Zalucki, M. & Durr, P. 2013. Modelling spatio-temporal patterns of long-distance Culicoides dispersal into northern Australia. Prev Vet Med 110, 312–322

Elbadry MA, Durães-Carvalho R, Blohm GM, Stephenson CJ, Loeb JC, White SK, et al. (2021) orthobunyaviruses in the Caribbean: Melao and Oropouche virus infections in school children in Haiti in 2014. PLoS Negl Trop Dis 15(6): e0009494. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009494>

Ellwanger JH, Kulmann-Leal B, Kaminski VL, Valverde-Villegas JM, Veiga ABGD, Spilki FR, Fearnside PM, Caesar L, Giatti LL, Wallau GL, Almeida SEM, Borba MR, Hora VPD, Chies JAB. Beyond diversity loss and climate change: Impacts of Amazon deforestation on infectious diseases and public health. An Acad Bras Cienc. 2020 Apr 17;92

European Centre for Disease Control and Prevention. Oropouche virus disease cases imported to the European Union. Threat assessment, August 9, 2024

Feitoza LHM, de Carvalho LPC, da Silva LR, Meireles ACA, Rios FGF, Silva GS, et al. Influence of meteorological and seasonal parameters on the activity of Culicoides paraensis (Diptera: Ceratopogonidae), an annoying anthropophilic biting midge and putative vector of Oropouche Virus in Rondônia, Brazilian Amazon. Acta Trop. juill 2023;243:106928

Feitoza LHM, Gasparelo NWF, Meireles ACA et al. Integrated surveillance for Oropouche Virus: Molecular evidence of potential urban vectors during an outbreak in the Brazilian Amazon. Acta Trop. 2024 Dec 1;261:107487. doi: 10.1016/j.actatropica.2024.107487. Epub ahead of print. PMID: 39622307

Freitas et al Epidemia de OROV no leste do estado do Para, 1979. Revista da Fundacao SESP, 1980, Vol. 25, No. 2, 59-72

Gaillet, Mélanie, Clara Pichard, Johana Restrepo, Anne Lavergne, Lucas Perez, Antoine Enfissi, Philippe Abboud, et al. 2021. « Outbreak of Oropouche Virus in French Guiana ». Emerging Infectious Diseases 27 (10). <https://doi.org/10.3201/eid2710.204760>

Gallicotte EN, Ebel GD, Carlson CJ. Vector competence for Oropouche virus: a systematic review of pre-2024 experiments. medRxiv preprint doi: <https://doi.org/10.1101/2024.10.17.24315699>

Garros C, Labuschagne K, Dommergues L, Ben M, Balenghien T, Muñoz F, Bakhoun MT, Cardinale E, Guis H. Culicoides Latreille in the sun: faunistic inventory of Culicoides species (Diptera: Ceratopogonidae) in Mayotte (Comoros Archipelago, Indian Ocean). Parasit Vectors. 2019 Mar 22;12(1):135. doi: 10.1186/s13071-019-3379-x. PMID: 30902107; PMCID: PMC6431056

Gibbs R et al. The anthropogenic fingerprint on emerging infectious diseases. MedRxiv 2024. <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2024.05.22.24307684v1>

Gibney, Katherine B., Srilatha Edupuganti, Amanda J. Panella, Olga I. Kosoy, Mark J. Delorey, Robert S. Lanciotti, Mark J. Mulligan, Marc Fischer, et J. Erin Staples. 2012. « Detection of Anti-Yellow Fever Virus Immunoglobulin M Antibodies at 3–4 Years Following Yellow Fever

Vaccination ». The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene 87 (6): 1112-15.
<https://doi.org/10.4269/ajtmh.2012.12-0182>

Gräf T, Delatorre E, do Nascimento Ferreira C, et al. Expansion of Oropouche virus in non-endemic Brazilian regions: analysis of genomic characterisation and ecological drivers. Lancet Infect Dis 2024; published online Nov 15. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(24\)00687-X](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(24)00687-X)

Grimaud Y, Guis H, Chiroleu F, Boucher F, Tran A, Rakotoarivony I, Duhayon M, Cêtre-Sossah C, Esnault O, Cardinale E, Garros C. Modelling temporal dynamics of Culicoides Latreille (Diptera: Ceratopogonidae) populations on Reunion Island (Indian Ocean), vectors of viruses of veterinary importance. Parasit Vectors. 2019 Nov 27;12(1):562. doi: 10.1186/s13071-019-3812-1. PMID: 31775850; PMCID: PMC6880491

Guagliardo et al. Reemergence of Oropouche Virus in the Americas and Risk for Spread in the United States and Its Territories, 2024 - Volume 30, Number 11—November 2024 - Emerging Infectious Diseases journal – CDC

Grimaud Y, Tran A, Benkimoun S, Boucher F, Esnault O, Cêtre-Sossah C, Cardinale E, Garros C, Guis H. Spatio-temporal modelling of Culicoides Latreille (Diptera: Ceratopogonidae) populations on Reunion Island (Indian Ocean). Parasit Vectors. 2021 May 27;14(1):288. doi: 10.1186/s13071-021-04780-9. PMID: 34044880; PMCID: PMC8161615

Hanley, Kathryn A., Thomas P. Monath, Scott C. Weaver, Shannan L. Rossi, Rebecca L. Richman, et Nikos Vasilakis. 2013. « Fever versus Fever: The Role of Host and Vector Susceptibility and Interspecific Competition in Shaping the Current and Future Distributions of the Sylvatic Cycles of Dengue Virus and yellow fever virus

HCSP. Avis relatif à la circulation du virus Oropouche en Amérique latine et dans les Caraïbes, aux recommandations sanitaires pour les voyageurs et à la prise en soins des personnes infectées. HCSP, 7 novembre 2024

Hendrickx, G. et al. A wind density model to quantify the airborne spread of Culicoides species during north-western Europe bluetongue epidemic, 2006. Prev Vet Med 87, 162–181 (2008)

Hanley KA, Monath TP, Weaver SC. Fever versus fever: the role of host and vector susceptibility and interspecific competition in shaping the current and future distributions of the sylvatic cycles of dengue virus and yellow fever virus. Infection, Genetics and Evolution 19 (octobre): 292-311.
<https://doi.org/10.1016/j.meegid.2013.03.008>

Hoch, A. L., F. P. Pinheiro, D. R. Roberts, et M. L. Gomes. 1987. « Laboratory Transmission of Oropouche Virus by Culex Quinquefasciatus Say ». Bulletin of the Pan American Health Organization 21 (1): 55-61

Hontz, Robert D., Carolina Guevara, Eric S. Halsey, Jesus Silvas, Felix W. Santiago, Steven G. Widen, Thomas G. Wood, et al. s. d. « Itaya Virus, a Novel Orthobunyavirus Associated with Human Febrile Illness, Peru - Volume 21, Number 5—May 2015 - Emerging Infectious Diseases Journal - CDC ». Consulté le 10 décembre 2021. <https://doi.org/10.3201/eid2105.141368>

Iglói Z, Soochit W, Munnink BBO, Anas AA, von Eije KJ, van der Linden A, Mandigers M, Wijnans K, Voermans J, Chandler FD, van der Eijk AA, GeurtsvanKessel C, Molenkamp R, Sikkema RS, Verstrepen B, Koopmans M. Oropouche Virus Genome in Semen and Other Body Fluids from Traveler. Emerg Infect Dis. 2025 Jan;31(1):205-206. doi: 10.3201/eid3101.241452. Epub 2024 Dec 11. PMID: 39661020; PMCID: PMC11682789

Insee. 2006. « Atlas des populations immigrées en Guyane ». <https://www.insee.fr/fr/statistiques/1290097>.——. 2021. « Estimation de la population au 1er janvier 2021 ». Insee. 2021. <https://www.insee.fr/fr/statistiques/1893198>

Jacquet et al. Range expansion of the Bluetongue vector, Culicoides imicola, in continental France likely due to rare wind-transport events. Sci. Rep 2016. 6, 27247; doi: 10.1038/srep27247 (2016)

Jones, K. E., Patel, N. G., Levy, M. A., Storeygard, A., Balk, D., Gittleman, J. L., & Daszak, P. Global trends in emerging infectious diseases. Nature, 2008; 451(7181), 990-993. doi:10.1038/nature06536

Kelso JK, Milne GJ (2014) A Spatial Simulation Model for the Dispersal of the Bluetongue Vector Culicoides brevitarsis in Australia. PLoS ONE 9(8): e104646. doi:10.1371/journal.pone.0104646

Lorenz C, de Oliveira Lage M, Chiaravalloti-Neto F. Deforestation hotspots, climate crisis, and the perfect scenario for the next epidemic: The Amazon time bomb. Sci Total Environ. 2021 Aug 20;783:147090. doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.147090. Epub 2021 Apr 14

Lowe, R. et al. Tackling climate change and deforestation to protect against vector-borne diseases. 631 Nature Microbiology, 2023; 8, 2220–2222. doi:10.1038/s41564-023-01533-5. 632 633 38

Matheus, Séverine, Cheikh Talla, Bhety Labeau, Franck de Laval, Sébastien Briolant, Lena Berthelot, Muriel Vray, et Dominique Rousset. 2019. « Performance of 2 Commercial Serologic Tests for Diagnosing Zika Virus Infection ». Emerging Infectious Diseases 25 (6): 1153-60. <https://doi.org/10.3201/eid2506.180361>

Martins-Luna J, Del Valle-Mendoza J, Silva-Caso W, Sandoval I, Del Valle LJ, Palomares-Reyes C, Carrillo-Ng H, Peña-Tuesta I, Aguilar-Luis MA. Oropouche infection a neglected arbovirus in patients with acute febrile illness from the Peruvian coast. BMC Res Notes. 2020 Feb 10;13(1):67. doi: 10.1186/s13104-020-4937-1. PMID: 32041646; PMCID: PMC7011230

McGregor, Bethany L., C. Roxanne Connelly, Joan L. Kenney. 2021. « Infection, Dissemination, and Transmission Potential of North American Culex quinquefasciatus, Culex tarsalis, and Culicoides sonorensis for Oropouche Virus ». Viruses 13 (2): 226. <https://doi.org/10.3390/v13020226>

Mendonça, Silvana F. de, Marcele N. Rocha, Flávia V. Ferreira, Thiago H. J. F. Leite, Siad C. G. Amadou, Pedro H. F. Sucupira, João T. Marques, Alvaro G. A. Ferreira, et Luciano A. Moreira. 2021. « Evaluation of Aedes Aegypti, Aedes Albopictus, and Culex Quinquefasciatus Mosquitoes Competence to Oropouche Virus Infection ». Viruses 13 (5): 755. <https://doi.org/10.3390/v13050755>

Morrison A, White JL, Hughes HR, et al. Oropouche Virus Disease Among U.S. Travelers — United States, 2024. MMWR Morb Mortal Wkly Rep. ePub: 27 August 2024. DOI: <http://dx.doi.org/10.15585/mmwr.mm7335e1>

Moutinho S. Little-known virus surging in Latin America may harm fetuses. Science 2024; 385:355. Naveca, Felipe Gomes, Valdinete Alves do Nascimento, Victor Costa de Souza, Bruno Tardelli Diniz. 2018. Human Orthobunyavirus Infections, Tefé, Amazonas, Brazil. Plos Currents Outbreak. <https://doi.org/10.1371%2Fcurrents.outbreaks.7d65e5eb6ef75664da68905c5582f7f7>

Naveca, F.G., de Almeida, T.A.P., Souza, V. et al. Human outbreaks of a novel reassortant Oropouche virus in the Brazilian Amazon region. Nat Med (2024). <https://doi.org/10.1038/s41591-024-03300-3>

Nunes, Daniela Sueli Guerreiro Rodrigues, et Pedro Fernando da Costa Vasconcelos. 2017. « Multiplexed Reverse Transcription Real-Time Polymerase Chain Reaction for Simultaneous Detection of Mayaro, Oropouche, and Oropouche-like Viruses ». Memórias Do Instituto Oswaldo Cruz 112 (juillet): 510-13. <https://doi.org/10.1590/0074-02760160062>

ONF. 2021. «En Guyane, une filière forêt-bois en plein essor ». Office national des forêts. 1 février 2021. <https://www.onf.fr/onf/+/73::onf-en-guyane.html>

Pan American Health Organization / World Health Organization. Epidemiological Alert: Oropouche in the Region of the Americas, 1 August 2024. Washington, D.C.: PAHO/WHO; 2024

Pan American Health Organization / World Health Organization. Epidemiological Update: Oropouche in the Americas Region, 6 September 2024. Washington, D.C.: PAHO/WHO; 2024

Pan American Health Organization / World Health Organization. Epidemiological Alert Oropouche in the Americas Region 13 December 2024. Washington, D.C.: PAHO/WHO; 2024

Pan American Health Organization. Guidelines for the Detection and Surveillance of Emerging Arboviruses in the Context of the Circulation of Other Arboviruses - PAHO/WHO | [Internet]. 2024. Disponible sur: <https://www.paho.org/en/documents/guidelines-detection-and-surveillance-emerging-arboviruses-context-circulation-other>

Pareek A, Singhal R, Pareek A, Sah R, Rodriguez-Morales AJ, Apostolopoulos V. Emerging risk of sexual transmission of Oropouche virus. Sex Transm Infect. 2024 Dec 12:sextrans-2024-056418. doi: 10.1136/sextrans-2024-056418. Epub ahead of print. PMID: 39643437

Pereira-Silva, Jordam William, Claudia María Ríos-Velásquez, Gervilane Ribeiro de Lima, Eric Fabrício Marialva dos Santos, Heliana Christy Matos Belchior, Sergio Luiz Bessa Luz, Felipe Gomes Naveca, et Felipe Arley Costa Pessoa. 2021. « Distribution and Diversity of Mosquitoes and Oropouche-like Virus Infection Rates in an Amazonian Rural Settlement ». PLOS ONE 16 (2): e0246932. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0246932>

Philibert, F., E. Baubion, E. Amazan, et G. Ferrati-Fidelin. 2019. « Recrudescence de prurigo strophulus en Martinique liée aux piqûres de culicoïdes ». Annales de Dermatologie et de Vénéréologie, Journées Dermatologiques de Paris 2019, 146 (12, Supplément): A244-45. <https://doi.org/10.1016/j.annder.2019.09.383>

Pinheiro FP, Francisco P., Alfred L. Hoch, Maria de Lourdes C. Gomes, et Donald R. Roberts. 1981. « Oropouche Virus: IV. Laboratory Transmission by Culicoides Paraensis ». The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene 30 (1): 172-76. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1981.30.1.172>

Pinheiro, Francisco P., Amelia P. A. Travassos da Rosa, Maria L. C. Gomes, James W. LeDuc, et alfred L. Hoch. 1982. «Transmission of Oropouche Virus from Man to Hamster by the Midge Culicoides paraensis ». Science 215 (4537): 1251-53. <https://doi.org/10.1126/science.6800036>

Plee, Ludovic (ed), Anne-Marie (ed) Hattenberger, D. Boisseleau, Christophe Chartier, Benoit Durand, Jean-Pierre Ganiere, Jean Guillotin, et al. 2009. Une méthode qualitative d'estimation du risque en santé animale. AFSSA. <https://agritrop.cirad.fr/563511/>

Postigo-Idalgo I, Drexler JF. Probing Oropouche fever ecology beyond the Amazon. Lancet 2024 [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(24\)00728-X](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(24)00728-X)

Promed. OROPOUCHE VIRUS - USA (03): ex CUBA. 24/09/2024. <https://www.martinoticias.com/a/al-menos-70-casos-detectados-de-oropouche-en-florida-todos-relacionados-con-viajes-a-cuba/399787.html>

Quaglia S. Clues emerge about an obscure virus' sudden spread Increased virulence may have allowed Oropouche to explode in Latin America. Science 2024;386,(6719):256-257

République Dominicaine. Ministerio de Salud emite alerta epidemiológica por oropouche. <https://presidencia.gob.do/noticias/ministerio-de-salud-emite-alerta-epidemiologica-por-oropouche>

Riccò M, Corrado S, Bottazzoli M et al. (Re-)Emergence of Oropouche Virus (OROV) Infections: Systematic Review and Meta-Analysis of Observational Studies. Viruses 2024, 16, 1498. <https://doi.org/10.3390/v1609149>

Roberts DR, Hoch AL, Dixon KE, Llewellyn CH. Oropouche virus. III. Entomological observations from three epidemics in Pará, Brazil, 1975. Am J Trop Med Hyg. 1981 Jan;30(1):165-71. PMID: 7212163

Romero-Alvarez, Daniel, et Luis E. Escobar. 2018. « Oropouche Fever, an Emergent Disease from the Americas ». Microbes and Infection 20 (3): 135-46. <https://doi.org/10.1016/j.micinf.2017.11.013>. Romero-Alvarez D, Escobar LE, Auguste AJ, Del Valle SY, Manore CA. Transmission risk of Oropouche fever across the Americas. Infect Dis Poverty 2023; 12: 47

Sakkas, Hercules, Petros Bozidis, Ashley Franks, et Chrissanthy Papadopoulou. 2018. « Oropouche Fever: A Review ». Viruses 10 (4). <https://doi.org/10.3390/v10040175>

Santé publique France. L'expertise de Santé publique France : Processus mis en œuvre en application de la Charte de l'expertise sanitaire Définitions, principes de mise en œuvre et d'organisation Version 1 – Mai 2024. http://tamtam.ansp.local/intranet/ii_276962/processus-d-expertise-en-application-de-la-charte-de-l-expertise-sanitaire-mars2024

Santé publique France. Analyse du risque d'émergence de l'infection par l'OROV (OROV) dans les territoires français d'Amérique. Version du 29 août 2024. Santé publique France, document non publié, 29 août 2024

Scachetti, Forato F, Claret IM al. 2024. Reemergence of Oropouche virus between 2023 and 2024 in Brazil. Lancet Inf Dis, 2024 [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(24\)00619-4](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(24)00619-4)

Schuffenecker, Isabelle, Isabelle Iteeman, Alain Michault, Séverine Murri, Lionel Frangeul, Marie-Christine Vaney, Rachel Lavenir, et al. 2006. « Genome Microevolution of Chikungunya Viruses Causing the Indian Ocean Outbreak ». PLOS Medicine 3 (7): e263. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.0030263>

Sellers RF et al. 1982. Trajectory Analysis and Bluetongue Virus Serotype 2 in Florida. Can J Vet Res 1989; 53: 100-102

Souza Costa, M. C. de, L. M. Siqueira Maia, V. Costa de Souza, A. M. Gonzaga, V. Correa de Azevedo, L. Ramos Martins, J. H. Chavez Pavoni, F. Gomes Naveca, et R. Dezengrini Slhessarenko. 2019. « Arbovirus Investigation in Patients from Mato Grosso during Zika and Chikungunya Virus Introduction in Brazil, 2015–2016 ». Acta Tropica 190 (février): 395-402. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2018.12.019>

Talaga, Stanislas, Alain Dejean, Romuald Carinci, Pascal Gaborit, Isabelle Dusfour, et Romain Girod. 2015. « Updated Checklist of the Mosquitoes (Diptera: Culicidae) of French Guiana ». Journal of Medical Entomology 52 (5): 770-82. <https://doi.org/10.1093/jme/tjv109>

Talarmin, Antoine, Bhety Labeau, Josiane Lelarge, et Jean-Louis Sarthou. 1998. « Immunoglobulin A-Specific Capture Enzyme-Linked Immunosorbent Assay for Diagnosis of Dengue Fever ». Journal of Clinical Microbiology 36 (5): 1189-92

Tegally H, Dellicour S, Poonvaganan J et al. Dynamics and ecology of a multi-stage expansion of Oropouche virus in Brazil. medRxiv 2024.10.29.24316328; doi: <https://doi.org/10.1101/2024.10.29.24316328>

Tesh, R.B. The emerging epidemiology of Venezuelan hemorrhagic fever and Oropouche fever in tropical South America. Ann. N. Y. Acad. Sci. 1994, 740, 129–137

Thurmes, Marion. 2006. « Les Métropolitains en Guyane : une intégration entre individu et groupe culturel ». These de doctorat, Montpellier 3. <http://www.theses.fr/2006MON30002>

Tilston-Lunel, Natasha L., Joseph Hughes, Gustavo Olszanski Acrani, Daisy E. A. da Silva, Raimunda S. S. Azevedo, Sueli G. Rodrigues, Pedro F. C. Vasconcelos, Marcio R. T. Nunes, et Richard M. Elliott. 2015. « Genetic analysis of members of the species Oropouche virus and identification of a novel M segment sequence ». The Journal of General Virology 96 (Pt 7): 1636-50. <https://doi.org/10.1099/vir.0.000108>

Tilston-Lunel NL, Shi X, Elliott RM, Acrani GO. The potential for reassortment between Oropouche and Schmallenberg orthobunyaviruses. Viruses 2017; 9: E220

Toledo ME, Monteagudo Diaz S, Montenegro Calderón T et al. Preparedness for emerging epidemic threats: detection of Oropouche circulation in Cuba. Lancet Infect Dis. 2024 Aug;24(8):e484. doi: 10.1016/S1473-3099(24)00418-3. Epub 2024 Jul 4

Travassos da Rosa, Jorge Fernando, William Marciel de Souza, Francisco de Paula Pinheiro, Mário Luiz Figueiredo, Jedson Ferreira Cardoso, Gustavo Olszanski Acrani, et Márcio Roberto Teixeira Nunes. 2017. « Oropouche Virus: Clinical, Epidemiological, and Molecular Aspects of a Neglected Orthobunyavirus ». The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene 96 (5): 1019-30. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.16-0672>

Tsayem Demaze, Moïse. 2008. « Quand le développement prime sur l'environnement : la déforestation en Amazonie brésilienne ». Mondes en développement n° 143 (3): 97-116

Tsetsarkin, Konstantin A., Dana L. Vanlandingham, Charles E. McGee, et Stephen Higgs. 2007. « A Single Mutation in Chikungunya Virus Affects Vector Specificity and Epidemic Potential ». PLOS Pathogens 3 (12): e201. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.0030201>

Valentine, Matthew John, Courtney Cuin Murdock, et Patrick John Kelly. 2019. « Sylvatic cycles of arboviruses in non-human primates ». Parasites & Vectors 12 (1): 463. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3732-0>

Usuga J et al. 2024. Co-circulation of two lineages of Oropouche virus in the Amazon basin, Colombia. Ville, M, et P Brousse. 2014. « Centres délocalisés de prévention et de soins : une approche pour les territoires isolés de Guyane ». La Santé en action, no 428: 36-38

Vittor, A. Y. et al. Deforestation can facilitate the emergence and spread of some infectious diseases."Climate Feedback, 2009. <https://climatefeedback.org/deforestation-can-facilitate-the-emergence-and-spread-of-some-infectious-diseases.639.640.40>

Wesselman KM, Postigo-Hidalgo I, Pezzi L, et al. Emergence of Oropouche fever in Latin America: a narrative review. Lancet Infect Dis 2024; 24: e439–52

ANNEXES

Annexe A. Détails sur la méthodologie employée pour l'analyse de risque

Cette annexe est un complément des éléments de la section « Méthodologie employée » de la troisième partie de ce rapport.

Définition des zones Littoral et Intérieur en Guyane

La Guyane est définie dans ce rapport en deux grands secteurs : le Littoral, plus urbanisé, et l'Intérieur, plus forestier (voir carte en Figure 5). Le risque d'émergence a été évalué de manière indépendante dans chacun de ces deux secteurs.

Le Littoral, ainsi que défini pour l'analyse de risque du présent document, inclut :

- les communes qui jouxtent la côte Atlantique, à savoir :
 - Cayenne (chef-lieu), Rémire-Montjoly, Matoury qui ensemble forment l'île de Cayenne, plus grosse agglomération de Guyane,
 - Kourou et Macouria, troisième pôle d'urbanisation de Guyane après l'île de Cayenne et Saint-Laurent du Maroni,
 - Awala-Yalimapo, Mana (qui inclut le village de Javouhey), Iracoubo, Sinnamary, Montsinéry-Tonnégrande, Roura (qui inclut le village de Cacao), Régina (qui inclut le village de Kaw), communes plus réduites en taille de population donc moins urbanisées,
 - Ouanary, village inaccessible par la route,
- les communes de Saint-Laurent-du-Maroni (sous-préfecture) et de Saint-Georges, proches de la côte, urbanisées et desservies par la route.

L'Intérieur, ainsi que défini pour l'analyse de risque du présent document, n'inclut que des communes non desservies par la route, accessibles en avion, en hélicoptère ou en pirogue et localisées soit le long des fleuves frontières soit dans l'intérieur stricto sensu du territoire :

- Apatou, Grand-Santi, Papaïchton, Maripasoula (dont les villages amérindiens de Talhuen-Twenke et Antecume-Pata) qui bordent le fleuve Maroni, constituées d'un bourg principal et de plusieurs kampoes (villages) dispersés le long du fleuve,
- Camopi (dont le village de Trois-Sauts situé très en amont du fleuve), commune amérindienne sur le fleuve Oyapock,
- Saint-Elie (peuplée essentiellement d'orpailleurs) et Saül, villages enclavés dans la forêt.

Définition des niveaux d'incertitude

Chaque niveau de risque estimé dans l'analyse de risque se voit attribuer un indice d'incertitude défini ainsi (Anses 2020) :

- Incertitude faible (***) : Il existe des études scientifiques dont les résultats sont convergents, ou des données de fiabilité reconnue
- Incertitude moyenne (**) : Il existe un nombre limité d'études scientifiques ou des données de fiabilité limitée, et il y a une convergence entre auteurs/scientifiques consultés
- Incertitude forte (*) : Il existe un nombre limité d'études scientifiques ou des données de fiabilité limitée et il y a une absence de consensus entre auteurs/ scientifiques consultés, ou on ne dispose que d'un avis individuel de scientifique en l'absence d'études scientifiques ou de données
- Absence de données : Il n'existe pas de données ou d'avis de scientifique. On ne peut alors pas proposer de valeur risque dans ce cas.

Règles de combinaison des valeurs qualitatives de risque

Pour chaque virus et chaque zone géographique, nous déterminons deux types de risque d'émergence (voir Figure 7) :

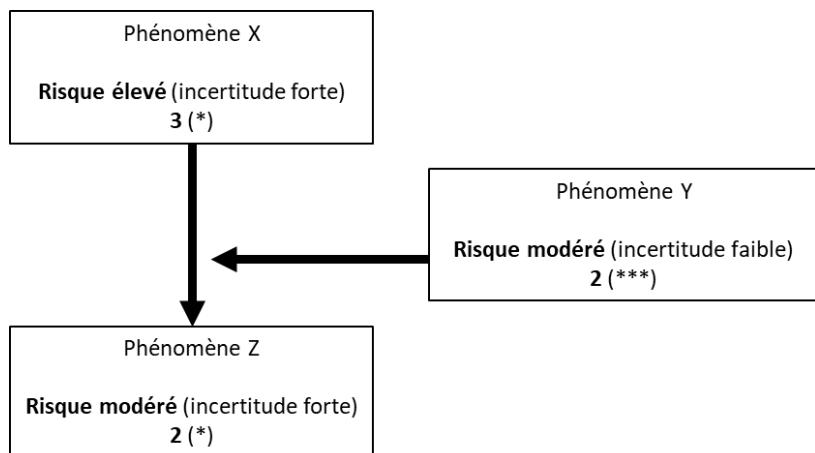
- le risque d'occurrence de cas sporadiques d'infection au virus dans ce territoire résulte de l'addition :
 - du risque d'une transmission depuis l'animal (ou spill-over), qui dépend de la présence d'un réservoir animal où le virus circule, de la présence de vecteurs compétents pouvant se nourrir à la fois sur ces animaux et les humains (« bridge vectors »), et de l'exposition des humains à ces « bridges vectors », vecteurs compétents ;
 - du risque d'importer des cas humains, à partir d'autres zones de la région (par exemple entre les zones Intérieur et Littoral en Guyane) ou d'autres régions d'Amérique latine. Pour les Antilles, on distingue (i) les échanges avec la Guyane française, (ii) les échanges avec l'Amérique latine élargie à Trinidad et Tobago (hors Guyane française), et (iii) les échanges avec la région Caraïbe (hors Trinidad et Tobago qui présente des caractéristiques écologiques la rapprochant de l'Amérique latine, en particulier la présence de primates non humains).
- le risque d'occurrence d'une flambée épidémique avec transmission inter-humaine soutenue est la combinaison :
 - du risque d'occurrence de cas sporadiques (précédemment calculé)s, qui seraient les « patients zéros » d'une éventuelle épidémie ;
 - de la probabilité que des vecteurs compétents anthropophiles soient présents, et que les humains y soient exposés.

Cette méthode consiste donc à combiner entre elles des valeurs qualitatives de risque (voir Figure 7), ce qui nécessite de définir des règles de combinaison.

Un exemple est donné en Figure 7. Supposons que les données de la littérature et les avis des scientifiques consultés nous conduisent à classer le « phénomène X » en risque élevé, avec une incertitude forte. D'autre part, supposons que le « phénomène Y » soit classé en risque modéré, avec une incertitude faible. Alors le « phénomène Z » qui résulte du croisement des phénomènes X et Y doit combiner ces deux valeurs de risque, en fonction de règles bien définies.

Figure 7. Exemple de combinaison de risques avec notre méthode

Une valeur de risque (associée à une valeur d'incertitude) est attribuée aux phénomènes X et Y. Le phénomène Z découle de la combinaison entre les phénomènes X et Y, ce qui nécessite de définir une règle de calcul pour la valeur de risque du phénomène Z



Par conséquent, nous définissons les règles de combinaison entre deux valeurs qualitatives de risque ainsi que présentées dans le Tableau 7, conformément à des règles de bonnes pratiques décrites dans (Plee et al. 2009). Par exemple, la combinaison entre un risque élevé et un risque modéré aboutit à un risque modéré (Tableau 7 & Figure 7).

Nous faisons l'hypothèse que l'indice d'incertitude est toujours maximisé. Par exemple, si l'on croise un « phénomène X » pour lequel l'incertitude est forte avec un « phénomène Y » pour lequel l'incertitude est faible, alors le « phénomène Z » qui résulte de leur croisement se verra rattacher une incertitude forte (Figure 7).

Tableau 7. Règles de combinaison des valeurs de risque

Croisement de deux valeurs de risque		Valeur de risque n° 1			
		Nul (0)	Faible (1)	Modéré (2)	Elevé (3)
Valeur de risque n° 2	Nul (0)	Nul (0)	Nul (0)	Nul (0)	Nul (0)
	Faible (1)	Nul (0)	Faible (1)	Faible (1)	Faible (1)
	Modéré (2)	Nul (0)	Faible (1)	Modéré (2)	Modéré (2)
	Elevé (3)	Nul (0)	Faible (1)	Modéré (2)	Elevé (3)

D'autre part, dans la situation où l'on calcule le risque d'occurrence de cas sporadiques (voir Figure 7), on additionne le risque d'importation de cas et le risque de spill-over. Il ne s'agit pas d'une combinaison de risques comme dans toutes les autres situations. Ici, nous sélectionnons alors les valeurs de risque et d'incertitude les plus grandes parmi les risques additionnés.

Annexe B. Détails sur les activités humaines en forêt en Guyane

Avec un territoire recouvert à 90 % par la forêt, la vie des Guyanais implique de nombreuses activités forestières, qui peuvent être regroupées en trois grandes catégories :

- les activités de subsistance,
- les activités professionnelles,
- les activités récréatives.

Les activités de subsistance correspondent à des activités pratiquées traditionnellement par les communautés les plus anciennes de Guyane, dont l'objectif premier est l'autosubsistance : l'agriculture sur abattis, la chasse, la pêche et la cueillette :

- l'abattis agricole est une forme d'agriculture itinérante sur brûlis, qui consiste à défricher et incendier une petite parcelle dans la forêt (de l'ordre d'un hectare) pour ensuite la cultiver. Après deux ou trois ans environ, quand la terre devient moins fertile, la parcelle est abandonnée en jachère et une nouvelle parcelle est transformée en abattis (Tsayem Demaze 2008 ; Blancodini 2005). L'abattis, qui est à l'origine une tradition amérindienne, est principalement pratiqué par les peuples amérindiens et Bushi-Nenge résidant dans les communes du Maroni et de l'Oyapock mais aussi par les Créoles du littoral (Tsayem Demaze 2008 ; Blancodini 2005). La culture sur abattis est donc très pratiquée le long des fleuves, mais s'étend aussi aux forêts péri-urbaines de la bordure littorale, sur un mode de fonctionnement plus « sédentarisé ». La croissance démographique a entraîné une augmentation du nombre d'abattis ces dernières années (Blancodini 2005), qui représentent plus d'un tiers de la surface agricole utilisée en Guyane (Tsayem Demaze 2008). Les abattis sont essentiellement et ancestralement une agriculture de subsistance mais aujourd'hui une partie des cultures sur abattis, notamment sur le littoral, est dédiée à la vente sur les marchés ;
- la chasse, la pêche (sur les nombreux cours d'eau qui traversent la forêt) et la cueillette, sont pratiquées traditionnellement par les mêmes communautés dans un but d'autoconsommation (Tsayem Demaze 2008 ; Thurmes 2006). La chasse et la pêche font également partie des activités professionnelles et des activités récréatives (voir ci-après).

Les activités professionnelles en forêt incluent l'exploitation forestière, l'orpailage (légal et illégal), l'agriculture, la chasse, les activités militaires et des missions scientifiques ou d'entretien :

- l'Office National des Forêts (ONF) accorde des permis à des entreprises privées pour l'exploitation forestière (pour la production de bois) des forêts aménagées de la bordure littorale, qui représentent 6 % de toute la surface boisée de la Guyane (Blancodini 2005) ;
- la forêt guyanaise a vu un essor de l'activité d'orpailage depuis les années 1980-1990 et attire de nombreux orpailleurs légaux et clandestins. L'attrait économique de l'orpailage entraîne une forte immigration, là encore légale ou clandestine, principalement en provenance des pays frontaliers : le Suriname et le Brésil (Tsayem Demaze 2008 ; Blancodini 2005) ;
- si une petite partie des cultures issues des abattis sont dédiées à la vente, une agriculture plus intensive en forêt a été développée par les Hmong (réfugiés de la guerre du Laos de 1970 qui se sont installés à leur arrivée en Guyane dans les villages de Cacao et Javouhey). Les champs situés dans l'espace forestier et cultivés sans système de jachère produisent des fruits et légumes destinés à la vente dans les villes du littoral (Blancodini 2005) ;
- la chasse, si elle est principalement dédiée à l'autoconsommation, est pratiquée aussi pour approvisionner certains restaurants des villes du littoral, apprécié notamment par les

métropolitains et les touristes, qui y voient l'occasion de goûter du gibier local. Il est à noter que la présence de gibier autour des villages diminue, ce qui pousse les chasseurs à s'enfoncer plus profondément dans la forêt (Tsayem Demaze 2008) ;

- les forces armées du 3e REI (Régiment Etranger d'Infanterie : la Légion) basé eà Kourou et du 9e RIMA (Régiment d'Infanterie et de Marine) basé à Saint Jean (commune de Saint Laurent du Maroni) assurent fréquemment des missions en forêt profonde (Blancodini 2005), où ils sont notamment impliqués dans la lutte contre l'orpaillage illégal ;
- les agents de l'ONF et du Parc amazonien de Guyane (PAG) ainsi que des chercheurs du Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS), de l'Institut de Recherche pour le Développement (IRD) ou du Cirad peuvent avoir des activités en forêt à visées scientifiques, de gestion ou d'entretien des sentiers.

Les activités récréatives en forêt, pratiquées par les urbains du littoral, incluent randonnées, baignade dans les criques, nuits en carbet, chasse et pêche :

- les balades et randonnées sont essentiellement prisées par les Métropolitains, dans une approche plutôt touristique de découverte de la forêt guyanaise (Thurmes 2006). Une enquête sociologique menée en 2003 indique que 44 % des Métropolitains interrogés déclarent aller en forêt au moins une fois par mois alors que seulement 16 % disent ne jamais y aller (à l'exclusion des balades en forêt péri-urbaine) (Thurmes 2006). Les marches en forêt peuvent se faire sur les sentiers de randonnée relativement bien entretenus ainsi que sur des layons, petits chemins moins anthropisés qui restent soit bien tracés par des passages fréquents ou un entretien « privé », soit nécessitent un guide, soit peuvent être suivis à l'aide de cartes et d'empreintes GPS ;
- la forêt guyanaise est traversée de très nombreux cours d'eau et les criques, nom local donné aux petits cours d'eau forestiers, sont très appréciées pour la baignade en tant que loisir, notamment par les Métropolitains, les Créoles et les Brésiliens, ces derniers privilégiant toutefois les criques accessibles directement par la route (Thurmes 2006) ;
- les week-ends en carbet sont un incontournable des « escapades nature » pour certains urbains. Les carbets, habitations traditionnelles amérindiennes à l'origine, adaptées à la vie en forêt amazonienne, sont des cabanes constituées d'un plancher et d'un toit mais qui n'ont pas de murs, pour laisser circuler l'air. On y dort dans un hamac, accroché aux poutres du carbet. Les sorties en carbet, qui permettent de s'échapper de la ville, sont particulièrement appréciées des Métropolitains, qui pour la plupart possèdent tout l'équipement requis (hamac, moustiquaire à hamac, lampe frontale) (Thurmes 2006) et des Créoles. Le « carbet-bâche » est une forme de carbet plus sauvage, un bivouac qui consiste à créer son propre carbet en accrochant son hamac entre deux arbres ou deux poteaux (dans le cas d'un site de carbet-bâche aménagé) ainsi qu'une bâche pour se protéger de la pluie. Le carbet-bâche est utilisé pour les randonnées plus longues, plus enfoncées dans la forêt ;
- la chasse et la pêche sont pratiquées dans une approche récréative par les Métropolitains, souvent à l'aide de guides locaux (Thurmes 2006).

Concernant les activités récréatives pratiquées par les populations urbaines du littoral, que bien que les sentiers de randonnées et les carbets se situent en grande partie dans les forêts de la zone littorale, Saül attire de nombreux randonneurs pour ses sentiers au cœur de la forêt amazonienne, les visiteurs dormant dans les carbets touristiques du village.

Enfin, les communes des fleuves frontaliers et de l'intérieur du territoire sont constituées principalement de bourgs et de villages enclavés dans la forêt ou entre la forêt et le fleuve. Les communes du littoral sont plus urbanisées, particulièrement les communes plus peuplées bien entendu. Cependant même dans les communes du littoral, de nombreuses personnes résident dans des maisons ou des groupements de maisons en périphérie de la ville, voire totalement isolés des agglomérations, en zone de forêt péri-urbaine.

Citation suggérée : Analyse du risque d'émergence du virus OROPOUCHE (OROV) en août 2024 en Guyane et dans les Antilles françaises. Saint-Maurice : Santé publique France, 2025. 60 p. www.santepubliquefrance.fr

ISSN : 2609-3286 / ISBN-NET : 9979-10-289-0998-7 / RÉALISÉ PAR LA DIRECTION DE LA COMMUNICATION,
SANTÉ PUBLIQUE FRANCE / DÉPÔT LÉGAL : JUIN 2025